

FERNANDA GOMES DA SILVEIRA

CLASSIFICAÇÃO MULTIVARIADA DE MODELOS DE CRESCIMENTO  
PARA GRUPOS GENÉTICOS DE OVINOS DE CORTE

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  
2010

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

T

S587c  
2010

Silveira, Fernanda Gomes da, 1985-  
Classificação multivariada de modelos de crescimento  
para grupos genéticos de ovinos de corte / Fernanda Gomes  
da Silveira. – Viçosa, MG, 2010.  
xi, 61f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 50-57.

1. Análise de regressão - Qualidade. 2. Análise por  
agrupamento. 3. Ovino. I. Universidade Federal de Viçosa.  
II. Título.

CDD 22.ed. 519.536

FERNANDA GOMES DA SILVEIRA

CLASSIFICAÇÃO MULTIVARIADA DE MODELOS DE CRESCIMENTO  
PARA GRUPOS GENÉTICOS DE OVINOS DE CORTE

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*.

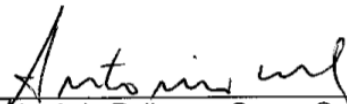
APROVADA: 11 de fevereiro de 2010.



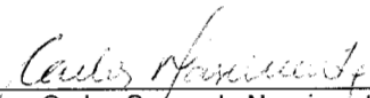
Carlos Henrique Osório Silva  
(Co-Orientador)



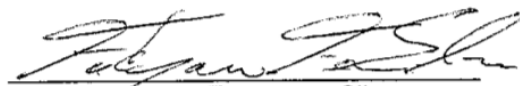
Paulo Roberto Cecon



Antônio Policarpo Souza Carneiro



Carlos Souza do Nascimento



Fabyano Fonseca e Silva  
(Orientador)

Aos meus pais, Maria de Lurdes e Geraldo

Aos meus irmãos, Fábio e Renata

que sempre acreditaram em mim,

**dedico.**

## AGRADECIMENTOS

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

Aos meus pais Maria de Lurdes e Geraldo que me deram essa oportunidade de estudo e por serem sempre exemplo de luta e determinação pra mim. Aos meus irmãos Fábio e Renata por acreditarem em mim e pelo incentivo. Agradeço também a compreensão pelos momentos em que estive ausente das reuniões familiares e pelo orgulho das minhas conquistas.

A toda minha família, que sempre esteve presente em todos os momentos da minha caminhada me incentivando para que alcançasse meus objetivos.

Ao Prof. Fabyano, pela orientação, confiança, paciência, dedicação e alegre convivência. Você foi essencial para a concretização deste trabalho.

Aos professores do Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria pelos valiosos conselhos e conhecimentos transmitidos durante o curso.

Ao Altino pelo carisma e pela prontidão em me ajudar com os trâmites do mestrado.

Ao Paulo Luiz Souza Carneiro pela concessão dos dados utilizados na pesquisa.

Ao Fabrício pela dedicação, confiança e por me fazer crer que algumas coisas são mesmo para sempre.

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

A todas as amigas de república, em especial à Élide, Alice e Fátima, pelo agradável convívio, pela amizade e pela força nas horas difíceis.

Ao REUNI, pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade em realizar este curso.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

## **BIOGRAFIA**

FERNANDA GOMES DA SILVEIRA, filha de Maria de Lurdes Gomes Silveira e Geraldo Francisco da Silveira, nasceu em João Monlevade, Minas Gerais, em 15 de Agosto de 1985.

Em março de 2003, ingressou no curso de Matemática na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em agosto de 2007.

Em março de 2008, iniciou no Programa de Pós-graduação, a nível de Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de dissertação em 11 de fevereiro de 2010.

## SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	vii
LISTA DE FIGURAS.....	ix
RESUMO.....	x
ABSTRACT.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Ovinos no Nordeste Brasileiro.....	3
2.2. Curvas de crescimento.....	4
2.3. Modelos de Regressão Não-Linear.....	6
2.4. Avaliadores da Qualidade de Ajuste.....	9
2.5. Análise de Agrupamento .....	11
2.6. Determinação do número ótimo de grupos .....	12
2.7. Identidade de Modelos .....	13
3. MATERIAL E MÉTODOS. ....	15
3.1. Dados.....	15
3.2. Estimacão dos parâmetros dos modelos não-lineares.....	16
3.2.1. Método dos quadrados mínimos ordinários.....	16
3.2.2. Processos iterativos e método dos quadrados mínimos.....	17
3.3. Avaliadores da qualidade de ajuste.....	18
3.3.1. Coeficiente de determinacão ajustado ( $R^2_{aj}$ ) .....	19
3.3.2. Critério de informacão de Akaike (AIC) .....	19
3.3.3. Critério de informacão bayesiano (BIC) .....	19
3.3.4. Erro quadrático médio de predição (MEP).....	20
3.3.5. Coeficiente de Determinacão de Predição ( $R^2_p$ ).....	20
3.3.6. Percentual de Convergência (C%).....	20
3.4. Análise de Agrupamento.....	21
3.5. Determinacão do número ótimo de grupos .....	22
3.6. Escolha do melhor modelo.....	23
3.7. Identidade de modelos.....	24
3.8. Aspectos computacionais .....	26
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	27
4.1. Estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento.....	27
4.1.1. Conjuntos de dados médios.....	27
4.1.2. Conjuntos de dados individuais.....	28
4.2. Avaliadores da qualidade de ajuste.....	31
4.2.1. Conjuntos de dados médios.....	31
4.2.2. Conjuntos de dados individuais.....	34
4.3. Análise de Agrupamento.....	36
4.3.1. Conjuntos de dados médios .....	36

4.3.2. Conjuntos de dados individuais.....	40
4.4. Identidade de modelos.....	45
4.4.1. Conjuntos de dados médios .....	45
4.4.2. Conjuntos de dados individuais.....	46
5. CONCLUSÕES.....	49
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	50
APÊNDICE.....	58



## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Modelos de regressão não-linear para descrever curvas de crescimento....	07
<b>Tabela 2.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DMN considerando ajuste médio.....	27
<b>Tabela 3.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DRL considerando ajuste médio.....	27
<b>Tabela 4.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DSI considerando ajuste médio.....	28
<b>Tabela 5.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DMN considerando ajuste individual.....	29
<b>Tabela 6.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DRL considerando ajuste individual.....	29
<b>Tabela 7.</b> Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DSI considerando ajuste individual.....	30
<b>Tabela 8.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DMN considerando ajuste médio.....	31
<b>Tabela 9.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DRL considerando ajuste médio.....	32
<b>Tabela 10.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DSI considerando ajuste médio.....	32
<b>Tabela 11.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DMN considerando ajuste individual.....	34
<b>Tabela 12.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DRL considerando ajuste individual.....	35
<b>Tabela 13.</b> Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DSI considerando ajuste individual.....	35
<b>Tabela 14.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DMN considerando ajuste médio.....	39
<b>Tabela 15.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DRL considerando ajuste médio.....	39
<b>Tabela 16.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DSI considerando ajuste médio.....	40
<b>Tabela 17.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DMN considerando ajuste individual.....	43

<b>Tabela 18.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DRL considerando ajuste individual.....	43
<b>Tabela 19.</b> <i>Clusters</i> com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DSI considerando ajuste individual.....	44
<b>Tabela 20.</b> Testes de identidade de modelos tendo em vista os parâmetros do modelo Richards que apresentam interpretação biológica ( $\beta_{1k}$ e $\beta_{3k}$ ).....	45
<b>Tabela 21.</b> Testes de identidade de modelos tendo em vista os parâmetros do modelo von Bertalanffy que apresentam interpretação biológica ( $\beta_{1k}$ e $\beta_{3k}$ ).....	47

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Ilustração da determinação geométrica do ponto de máxima curvatura da curva representativa do comportamento do RMSSTD em função do número de grupos.....	23
<b>Figura 2.</b> Curvas de crescimento observadas, considerando os dados médios dos três grupos genéticos.....	33
<b>Figura 3.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados médios do grupo genético DMN.....	37
<b>Figura 4.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados médios do grupo genético DRL.....	37
<b>Figura 5.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados médios do grupo genético DSI.....	37
<b>Figura 6.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DMN considerando ajuste médio.....	38
<b>Figura 7.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DRL considerando ajuste médio.....	38
<b>Figura 8.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DSI considerando ajuste médio.....	39
<b>Figura 9.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados individuais do grupo genético DMN.....	41
<b>Figura 10.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados individuais do grupo genético DRL.....	41
<b>Figura 11.</b> Determinação gráfica do número ótimo de cluster considerando os dados individuais do grupo genético DSI.....	41
<b>Figura 12.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DMN considerando ajuste individual.....	42
<b>Figura 13.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DRL considerando ajuste individual.....	42
<b>Figura 14.</b> Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DSI considerando ajuste individual.....	43

## RESUMO

SILVEIRA, Fernanda Gomes da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2010. **Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva. Co-orientadores: Carlos Henrique Osório Silva, Luiz Alexandre Peternelli e Paulo Luiz Souza Carneiro.

O objetivo principal desse trabalho foi utilizar a análise de agrupamento para classificar modelos de crescimento não-lineares tendo em vista os resultados de diferentes avaliadores de qualidade de ajuste ao considerar dados dos seguintes grupos genéticos de ovinos de corte: Dorper x Morada Nova (DMN), Dorper x Rabo Largo (DRL) e Dorper x Santa Inês (DSI). Após a indicação do modelo comum adequado aos três grupos, objetivou-se também aplicar a identidade de modelos com o intuito de identificar o grupo genético com maior eficiência de crescimento. Toda a metodologia foi aplicada a duas situações experimentais distintas: com repetição, considerando todos os animais de cada grupo genético, e sem repetição, considerando dados médios de cada um destes grupos. Ajustaram-se doze modelos não-lineares, cuja qualidade de ajuste foi medida pelo coeficiente de determinação ajustado ( $R^2_{aj}$ ), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC), erro quadrático médio de predição (MEP) e coeficiente de determinação de predição ( $R^2_p$ ). Os modelos Richards e von Bertalanffy foram, respectivamente, os que apresentaram os melhores ajustes para os conjuntos de dados médios e individuais. De acordo com testes de identidade de modelos, o grupo genético DSI foi o que apresentou maior peso adulto, sendo este, portanto, o mais recomendado para exploração de carne.

## ABSTRACT

SILVEIRA, Fernanda Gomes da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2010. **Multivariate classification of growth models for beef lambs genetic groups.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva. Co-advisers: Carlos Henrique Osório Silva, Luiz Alexandre Peternelli and Paulo Luiz Souza Carneiro.

The main objective of this work was used the cluster analysis in order to classify nonlinear growth models in relation to different quality fit evaluators when utilized data from the following beef lambs genetic groups: Dorper x Morada Nova (DMN), Dorper x Rabo Largo (DRL) e Dorper x Santa Inês (DSI). After the choice of the best model, we aimed also apply the model identity in order to identify the most efficient group. The proposed methodology was considered in two experimental conditions: with repetitions, using data of all animals from each group; and without repetitions, using average data from each group. Twelve nonlinear models were used, whose fit quality was measured by determination coefficient ( $R^2_{aj}$ ), Akaike information criterion (AIC), Bayesian information criterion (BIC), mean quadratic error of prediction (MEP) and predicted determination coefficient ( $R^2_p$ ). The Richards and von Bertalanffy models, respectively, presented the best fit for the mean and individual data sets. The model identity tests revealed that the DSI group presented higher adult weight, therefore this group is recommend for meat production.

## 1. INTRODUÇÃO

Em um sistema de produção de ovinos de corte, o peso dos animais é avaliado repetidamente em intervalos pré-definidos de tempo, caracterizando as chamadas curvas de crescimento.

Modelos de regressão não-linear têm se mostrado adequados para descrever estas curvas, pois apresentam parâmetros que podem ser interpretados biologicamente. Estes são caracterizados principalmente pelo peso à maturidade, que representa o peso na idade adulta, e pela velocidade de crescimento, ou taxa de maturidade, que representa uma medida de precocidade. Diferentes modelos não-lineares são apresentados na literatura para descrever curvas de crescimento animal, e cada um destes modelos apresenta suas vantagens e desvantagens sob pontos de vista estatísticos.

Dessa forma, pode se questionar qual desses modelos é o mais apropriado para descrever o crescimento corporal de uma população de ovinos. A resposta para tal questionamento pode ser dada mediante informações provenientes de avaliadores de qualidade de ajuste, os quais nos permitem indicar estatisticamente o melhor modelo. Porém, na presença de diferentes populações, as quais podem ser denominadas de tratamentos sob o ponto de vista experimental, muitas vezes o modelo que melhor representou o crescimento dos animais de uma população pode não ser o melhor para as demais, ou seja, os resultados dos avaliadores podem variar de acordo com a população considerada. Na área de genética e melhoramento animal estas populações, geralmente são designadas por diferentes raças, ou ainda diferentes combinações de raças, sendo estas denominadas de grupos genéticos.

Além disso, geralmente em estudos de curvas de crescimento, o pesquisador tem interesse em comparar os parâmetros das curvas entre as diferentes populações, a fim de indicar para qual delas o processo de crescimento foi mais eficiente. Tais comparações geralmente são designadas como identidade de modelos, e as metodologias consideradas podem variar de acordo com as características dos dados, como por exemplo, presença ou não de repetição.

Para aplicar a identidade de modelos, um mesmo modelo de regressão deve ser ajustado para todas as populações, o que implica na necessidade de utilização de métodos que permitam indicar quais modelos são passíveis de serem adotados para todas elas tendo em vista os resultados dos avaliadores considerados.

Uma proposta interessante seria a utilização de métodos de classificação multivariados, como a análise de agrupamento, ou análise de *cluster*, a qual permite a formação de grupos homogêneos de acordo com a avaliação simultânea de várias características de interesse. Para o problema em questão, a utilidade desta metodologia reside na possibilidade de classificar, ou agrupar, modelos cujos resultados dos avaliadores são concordantes dentro de cada população. Assim, por meio de medidas de interseção, ficaria fácil a visualização de modelos comuns aos *clusters* representativos dos melhores ajustes em cada população.

De acordo com os aspectos apresentados anteriormente, o objetivo principal do presente trabalho foi utilizar a análise de agrupamento para classificar modelos de crescimento não-lineares tendo em vista os resultados de diferentes avaliadores de qualidade de ajuste considerando dados de três diferentes grupos genéticos de ovinos de corte. Após a indicação do modelo comum adequado aos três grupos, objetivou-se também aplicar a identidade de modelos com o intuito de identificar o grupo genético com maior eficiência de crescimento. Toda a metodologia mencionada foi aplicada a duas situações experimentais distintas: com repetição, considerando todos os animais de cada grupo genético, e sem repetição, considerando dados médios de cada um destes grupos.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Ovinos no Nordeste Brasileiro**

Os ovinos, assim como a grande maioria dos animais domésticos, foram introduzidos no Brasil principalmente pelos portugueses. De forma geral, devido a razões sócio-culturais, a criação desses animais foi considerada no Brasil uma atividade de categoria inferior, de modo que foram criados somente para subsistência, principalmente, na região Nordeste. Segundo Moraes (2000), tal fato fez com que os produtos brasileiros derivados de ovinos, principalmente a carne, perdessem competitividade frente aos produtores de outros países, que por sua vez, realizaram grandes investimentos na área de melhoramento genético e de conservação de raças nativas.

Dentre os estados da região Nordeste, a Bahia possui 2,6 milhões de ovinos, correspondendo a aproximadamente 20% do efetivo de rebanhos do Brasil (IBGE, 2006), e vem se destacando na exploração desta atividade, uma vez que dispõe de grande extensão territorial e mão-de-obra de baixo custo. Entretanto, segundo Malhado et al. (2009), um dos grandes problemas para o desenvolvimento desta atividade é que a maioria dos produtores não está consciente da necessidade de produzir carne de boa qualidade, e abastecem o mercado com carcaças de baixa qualidade, proveniente do abate de animais com idade avançada.

Em geral, raças naturalizadas ou locais do Nordeste brasileiro são adaptadas às condições edafoclimáticas dessa região, e conseguem se desenvolver em condições extremas, quase sempre limitantes a criação de outras raças. Porém, de acordo com Barros et al. (2005), tais raças carecem de precocidade de acabamento e qualidade de carcaça.

Atualmente, poucas instituições públicas de pesquisa do Brasil mantêm rebanhos de ovinos de raças naturalizadas do Nordeste brasileiro, cujo objetivo principal quase sempre se reside na utilização destes animais em cruzamentos com raças exóticas especializadas para a produção de carne (MALHADO et al., 2009). Entretanto, poucas informações estão disponíveis sobre o desempenho dos produtos desses cruzamentos, fazendo-se necessário o desenvolvimento de pesquisas com o intuito de identificar os cruzamentos mais eficientes.



Dentre as raças naturalizadas do Nordeste, destaca-se a Morada Nova, a qual constitui uma das principais raças locais de ovinos deslanados, sendo geralmente explorada para carne e pele. Por serem animais de pequeno porte e bem adaptados às condições climáticas do semi-árido, são importantes nas pequenas propriedades, onde constituem fonte de proteína na alimentação da população rural. Outra raça que merece destaque é a Rabo Largo, que apesar de possuir um efetivo bastante reduzido, é reconhecida pela espessa camada de gordura na cauda, sendo considerada uma das raças ovinas mais rústica do Nordeste Brasileiro (MALHADO et al., 2009).

A mais utilizada das raças naturalizadas nordestina é a Santa Inês. Esta constitui o maior rebanho do território brasileiro, sendo encontrada em toda a região Nordeste, bem como em vários estados do Sudeste, Centro-Oeste e Norte do país. Devido à sua maior rusticidade e prolificidade quando comparada com raças exóticas especializadas, a raça Santa Inês tem sido normalmente utilizada como linhagem materna para produção de cordeiros de corte (COSTA, 2003).

Conforme relatado anteriormente, uma das principais metas na criação de raças naturalizadas nordestina é o seu cruzamento com raças exóticas especializadas principalmente em produção de carne, dentre as quais uma das mais importantes é a Dorper. Esta raça, originária da África do Sul, é um composto das raças Dorset com a Black Head Persian, e se caracteriza por apresentar alta taxa de crescimento e boa conformação de carcaça (SOUZA e LEITE, 2000).

Segundo Carneiro et al. (2007), machos da raça Dorper vem sendo cruzados com ovelhas deslanadas naturalizadas do Nordeste com o objetivo de melhorar a produção de carne tendo em vista a complementariedade entre raças, prática que favorece a conjugação das características desejáveis como rusticidade e qualidade de carcaça. Uma das maneiras de se avaliar estas duas características simultaneamente é por meio do estudo das curvas de crescimento destes animais, pois animais que apresentam crescimento rápido geralmente são rústicos e tendem a apresentar melhor qualidade de carcaça. Dessa forma, Carneiro et al. (2007) e Malhado et al. (2009) conduziram estudos com o objetivo de descrever as curvas de crescimento dos cruzamentos em questão.

## **2.2. Curvas de crescimento**

O crescimento dos animais tem uma forte relação com a quantidade e a qualidade da carne. Assim, torna-se de fundamental importância o conhecimento do

processo de ganho de massa corporal do animal, pois esse conhecimento possibilita que se faça um controle da produção de carne, otimizando os lucros dessa atividade. Este ganho pode ser influenciado pela alimentação, por condições climáticas, pelo estado sanitário e pelas características genéticas associadas aos animais (GOTTSCHALL, 1999).

Uma forma prática e eficiente de se analisar o crescimento do animal é por meio do estudo de suas curvas de crescimento, as quais descrevem uma relação funcional entre peso e idade (SILVA et al., 2001). Geralmente, tal relação é representada por modelos de regressão não-lineares, os quais, em sua maioria, apresentam os seguintes parâmetros (SILVA et al., 2004): peso assintótico superior, que representa o peso médio à maturidade, ou peso adulto; taxa de maturidade, que representa a velocidade de crescimento, de forma que quanto mais alto for o seu valor, mais precoce é o animal e vice-versa (BROWN et al, 1976); ponto de inflexão, que se refere ao momento em que o animal muda de uma fase de crescimento acelerada para uma fase de crescimento inibitória; e por último a constante integração, o qual não apresenta uma interpretação biológica direta.

Segundo Fitzhugh Jr. (1976), os seguintes requisitos devem ser atendidos para que um modelo de regressão não-linear descreva adequadamente a relação peso-idade: interpretação biológica dos parâmetros, “alta qualidade” de ajuste, e facilidade de convergência. De forma geral, para que um modelo não-linear possa ser usado para descrever curvas de crescimento ele deve conter parâmetros cuja interpretação seja relevante sob o ponto de vista biológico, deve apresentar ajustes com pequenos desvios e também proporcionar “altas taxas” de convergência, uma vez que modelos não-lineares requerem métodos iterativos de estimação.

Em se tratando do estudo de curvas de crescimento de ovinos, Guedes et al. (2004), ajustaram os modelos von Bertalanffy, Gompertz, Brody, Logístico, e Richard, a dados de peso-idade de cordeiros da raça Bergamácia e Santa Inês, e recomendaram os dois primeiros como sendo aqueles que melhor descreveram as curvas de ambas as raças. No entanto, Lobo et al. (2006) ajustaram estes mesmos modelos a dados de peso-idade de ovinos Santa Inês, e concluíram que o Richards proporcionou o melhor ajuste.

Ainda em relação a utilização de modelos não-lineares na descrição de curvas de crescimento de cordeiros, Topal et al. (2004) estudaram curvas de crescimento de cordeiros das raças Morkaraman e Awassi, e concluíram que de forma geral os modelos Gompertz e von Bertalanffy foram os que melhor se ajustaram aos dados dos animais de

ambas as raças. Segundo Malhado et al. (2008), estes dois modelos foram considerados os melhores para descrever a fase inicial do crescimento de ovinos mestiços Santa Inês x Texel, porém indicaram o Logístico como o mais adequado para modelar o crescimento dos animais a partir dos 120 dias de idade.

Com respeito ao estudo de curvas de crescimento de ovinos cruzados Dorper x Morada Novada, Dorper x Rabo Largo e Dorper x Santa Inês, Malhado et al. (2009) concluíram que os modelos que melhor se ajustaram foram Gompertz e Logístico, com ligeira superioridade do último.

De acordo com o exposto, para se estudar curvas de crescimento de ovinos de corte, é necessário que se tenha um bom entendimento a respeito da teoria de modelos de regressão não-linear, os quais representam um importante campo de pesquisa nas áreas de Estatística Aplicada e Biometria.

### 2.3. Modelos de Regressão Não-Linear

Um modelo é dito não-linear quando ele não é linear em relação aos parâmetros e nem pode ser linearizado por meio de transformações, uma vez que admite uma estrutura de erros aditiva.

Seja o modelo de regressão não-linear escrito como:

$$y_i = f(x_i, \theta^0) + \varepsilon_i, \quad i = 1, \dots, n \quad (1)$$

em que:  $y_i$  representa a observação da variável dependente,  $f(x_i, \theta^0)$  é a função esperança ou função resposta conhecida,  $x_i$  representa a observação da variável independente,  $\theta^0 = [\theta_1^0, \theta_2^0, \dots, \theta_p^0]'$  é um vetor de parâmetros  $p$  dimensional desconhecido e  $\varepsilon_i$  representa o efeito do erro aleatório não observável suposto NIID com média zero e variância desconhecida  $\sigma^2$ .

Na Tabela 1 são apresentadas as funções  $f(x_i, \theta^0) = f(x_i, \beta_1, \beta_2, \dots, \beta_p)$  dos principais modelos de regressão não-linear utilizados para descrever curvas de crescimento animal. De forma geral, estes modelos têm por objetivo descrever uma trajetória assintótica da variável dependente peso, em função da variável independente tempo. Geralmente, a diferença entre tais modelos é dada pela definição do ponto de inflexão da curva, que confere uma forma sigmóide a mesma, porém para alguns modelos este ponto pode não existir.

Tabela 1. Modelos de regressão não-linear para descrever curvas de crescimento.

Modelo	Modelo de Curva de Crescimento	Referência
A	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + \beta_4 e^{(\beta_3 \beta_2 - x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	Schnute (1981)
B	$y_i = \beta_1 \left(1 - e^{(\beta_3 \beta_2 - \beta_3 x_i)}\right) + e_i$	Mitscherlich (1919)
C	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	Richards (1959)
D	$y_i = \beta_1 e^{(-e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)})} + e_i$	Gompertz (GOMPertz e PHILOS, 1825)
E	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)} + e_i$	Logístico (RATKOWSKI, 1983)
F	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)} + e_i$	Meloun I (MELOUN e MILITKY, 1996)
H	$y_i = \beta_1 - e^{(-\beta_2 - \beta_3 x_i)} + e_i$	Meloun II (MELOUN e MILITKY, 1996)
N	$y_i = \beta_1 \left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right) + e_i$	Brody (1945)
O	$y_i = \beta_1 \left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right)^3 + e_i$	von Bertalanffy (1957)
P	$y_i = \frac{\beta_1 x_i}{x_i + \beta_2} + e_i$	Michaelis-Menten (MICHAELIS e MENTEN, 1913)
Q	$y_i = \frac{\beta_2 \beta_3^{\beta_4} + \beta_1 x_i^{\beta_4}}{\beta_3^{\beta_4} + x_i^{\beta_4}} + e_i$	Michaelis-Menten Modificado (LOPEZ et al., 2000)
R	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{-e^{\beta_3 x_i \beta_4}} + e_i$	Weibull (RATKOWSKI, 1983)

Para todos os modelos apresentados na Tabela 1, o parâmetro  $\beta_1$  representa o peso adulto, ou peso assintótico, do animal; e o parâmetro  $\beta_3$  a taxa de maturidade, ou

velocidade de crescimento. Os modelos que apresentam o parâmetro  $\beta_4$  possuem ponto de inflexão variável, cuja localização é determinada pelo parâmetro em questão. Os demais modelos ou apresentam o ponto de inflexão fixo, ou não o possuem, como é o caso dos modelos Brody e Michaelis-Menten. De forma geral, não há uma interpretação prática para o parâmetro  $\beta_2$ , sendo este uma constante de integração, com exceção do modelo Michaelis-Menten no qual este parâmetro representa a idade na qual se atinge a metade do peso adulto.

Perotto et al. (1992), relata que Brody, Logístico, Gompertz e von Bertalanffy são casos especiais do modelo Richards. Este último por ter o parâmetro  $\beta_4$  flexível, o qual determina o ponto de inflexão, pode assumir a forma dos outros quatro modelos em questão. Devido ao fato de apresentar um parâmetro a mais, o modelo Richards geralmente apresenta excelentes ajustes, porém é de difícil convergência.

O modelo Weibull também apresenta quatro parâmetros como o Richards, porém, segundo Rodrigues et al. (2007), ao ajustar estes dois modelos a dados de cordeiro da raça Bergamácia, concluiu por meio do cálculo de medidas de curvatura que o modelo Richards é estatisticamente muito mais complexo que o modelo Weibull, o que implica em uma baixa praticidade devido à dificuldade de convergência.

Quanto a utilização do modelo Michaelis-Menten na descrição de curvas de crescimento, Machado et al. (2005) ajustou o mesmo a dados de novilhos Nelore por meio de três diferentes metodologias de ajuste, considerando a forma original não-linear e duas formas linearizadas, e observaram uma superioridade do método de ajuste não-linear, pois este além de apresentar baixos valores para o Quadrado Médio do Erro combinado e facilidade de convergência, proporcionou também estimativas dos parâmetros mais condizentes com a realidade. Lopez et al. (2000) apresentaram uma generalização do modelo original de Michaelis-Menten com o objetivo de descrever curvas de crescimento sigmóides, uma vez que o modelo original não apresenta ponto de inflexão, e concluíram que o modelo proposto ajustou-se muito bem a dados de pesoidade de várias espécies animais, apresentando resultados similares aos modelos Gompertz e Richards.

Os modelos Schnute, Meloun I e II e Mitscherlich mostrados na Tabela 1 foram utilizados por Meloun e Militky (1996) para descrever o crescimento de uma estrutura auricular de fetos, e devido a grande flexibilidade apresentada, os mesmos podem se caracterizar como modelos alternativos para descrição de curvas de crescimento de animais.

## 2.4. Avaliadores da Qualidade de Ajuste

Devido às diferenças entre os modelos de regressão não-linear apresentados no item anterior, quando estes são ajustados a um mesmo conjunto de dados, torna-se necessário utilizar ferramentas estatísticas com o intuito de compará-los e indicar o melhor modelo (SILVEIRA et al., 2009). Tais ferramentas são denominadas de avaliadores da qualidade de ajuste, e na literatura são apresentadas várias propostas para os mesmos.

Na literatura especializada, a maioria dos trabalhos envolvendo comparação de modelos de crescimento utiliza apenas o coeficiente de determinação ajustado ( $R^2_{aj}$ ) e o desvio padrão residual como avaliadores da qualidade de ajuste. Tal procedimento pode ser explicado pelo fato destes avaliadores serem apresentados diretamente nos arquivos de saídas de softwares estatísticos como SAS<sup>®</sup> e R (SILVEIRA et al., 2009).

De acordo com Silveira et al. (2009) se outros importantes avaliadores como o teste de Durbin-Watson, critério de informação de Akaike, AIC, (AKAIKE, 1974), critério de informação bayesiano, BIC, (SCHWARZ, 1978), erro de predição médio (EPM), coeficiente de determinação predito ( $R^2_p$ ), e percentual de convergência também forem considerados, a indicação do melhor modelo pode ser mais precisa, uma vez que estes avaliadores levam em consideração outros fatores como a análise da independência residual e o grau de parametrização dos modelos comparados.

A idéia de se explorar vários avaliadores com o intuito de selecionar os melhores modelos de regressão não-linear vem perpetuando no decorrer da última década. Dentre os trabalhos de interesse pode se destacar o de Vargas et al. (2000), que embora seja com curvas de lactação de vacas leiteiras, apresenta uma revisão sobre alguns avaliadores da qualidade de ajuste. No trabalho em questão foram utilizados o coeficiente de determinação ajustado ( $R^2_{aj}$ ), o teste de Durbin-Watson e o desvio padrão residual.

Chorobok et al. (2004), estudando modelos que descrevem o crescimento da altura do osso estribo em fetos, utilizaram como critérios para seleção do melhor modelo, o erro quadrático médio de predição (MEP), o coeficiente de determinação predito e o AIC.

Mendes et al. (2008) ao compararem os modelos logísticos difásicos com diferentes estruturas de erros auto-regressivos quando ajustados a dados de peso-idade de fêmeas Hereford, utilizaram como avaliadores da qualidade de ajuste, o coeficiente de determinação ajustado, o desvio padrão residual, o teste de Durbin-Watson, o número de iterações necessária à convergência, o AIC e o teste F para razão de verossimilhanças.

Mais recentemente, em um estudo de curvas de crescimento de ovinos cruzados na Bahia, Malhado et al. (2009) adotaram os seguintes critérios de ajuste: quadrado médio do resíduo, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), percentual de convergência, análise gráfica dos modelos com o peso médio observado e estimado, desvio médio absoluto dos resíduos.

Segundo Silveira et al. (2009), quanto maior o número de avaliadores considerados, mais adequada é a indicação dos melhores modelos. Porém, quando um grande número de avaliadores é considerado, a escolha dos modelos se transforma em um processo complexo, uma vez que um mesmo modelo pode apresentar alta performance para um avaliador, por exemplo, coeficiente de determinação; e baixa para outros (por exemplo, AIC e BIC) os quais penalizam modelos muito parametrizados. Estes mesmos autores, ao estudarem curvas de crescimento de ovinos de corte, relataram ainda que este problema atinge maiores proporções quando se tem animais de diferentes cruzamentos, pois cada um deles apresenta o seu conjunto particular de resultados para os avaliadores utilizados.

Uma proposta para minimizar o problema apresentado no parágrafo acima, seria utilizar métodos multivariados de classificação, como análise de agrupamento (*cluster*), com o intuito de agrupar modelos, separadamente para cada tipo de cruzamento, cujos resultados fossem semelhantes simultaneamente em relação a todos os avaliadores considerados. Assim seria possível, por exemplo, escolher um modelo que se encontra dentro dos grupos de alta performance, ou seja, aqueles que apresentaram melhores ajustes, para todos os cruzamentos ou para a maioria deles.

## 2.5. Análise de Agrupamento

Dado um conjunto de  $n$  unidades amostrais, que são medidas de acordo com  $p$  variáveis, a análise de agrupamento tem como objetivo principal, reunir essas unidades em grupos, de modo que as unidades dentro do grupo sejam mais similares do que entre os grupos. Segundo Cruz et al. (2004), esta metodologia objetiva dividir um grupo original de observações em vários grupos, de acordo com algum critério de similaridade ou de dissimilaridade. Tais critérios constituem a base desta metodologia, visto que a análise de agrupamento se inicia com a obtenção de uma matriz  $n \times n$  de medidas de similaridade ou dissimilaridade obtidas da matriz  $n \times p$  de dados.

Quanto maior o valor das medidas de similaridade, mais semelhantes são as observações, enquanto que para medidas de dissimilaridade, quanto maior seu valor, menos semelhantes, ou mais divergentes, são as observações (JOHNSON e WICHERN, 1998).

Em se tratando de medidas de similaridade, a mais utilizada é o coeficiente de correlação de Pearson, e se tratando de medidas de dissimilaridade, ou medidas de distâncias, as principais são as distâncias Euclidiana, Euclidiana média e Mahalanobis (CRUZ et al., 2004).

Os métodos de agrupamento são classificados principalmente em métodos de otimização e métodos hierárquicos. Nos métodos de otimização o objetivo é obter uma partição do conjunto de dados em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de certas estatísticas discriminantes. Dentre os métodos de otimização destaca-se o de Tocher, apresentado por Rao (1952), o qual é muito utilizado na área de melhoramento genético.

Nos métodos hierárquicos, as unidades amostrais são agrupadas por um processo que se repete em vários níveis até formar um diagrama em árvore, também chamado de dendrograma. No dendrograma, as unidades amostrais são representadas no eixo horizontal, e as distâncias entre as unidades no eixo vertical. As linhas verticais partindo das unidades tem altura correspondente ao nível em que os indivíduos são considerados semelhantes.

Ainda em relação aos métodos hierárquicos, sabe-se que os mesmos são divididos em métodos aglomerativos e divisivos. Nos aglomerativos, por meio de



sucessivas fusões das  $n$  unidades, vão se formando  $n-1$ ,  $n-2$ ,...,  $n-k$  grupos, até reunir todas as unidades em um único grupo. Dentre os métodos aglomerativos, estão o método do vizinho mais próximo, método do vizinho mais distante, método da ligação média, método do centróide e o método de Ward, proposto por Ward (1963). Nos divisivos, a idéia é partir de um único grupo, e por meio de divisões sucessivas, obter vários outros sub-grupos. O método divisivo mais conhecido é o proposto por Edwards e Cavalli-Sforza (1965).

## 2.6. Determinação do número ótimo de grupos

A análise de agrupamento constitui uma das mais importantes técnicas de classificação multivariada, uma vez que permite classificar várias unidades amostrais em um número reduzido de grupos contendo unidades semelhantes. Porém, uma das grandes lacunas desta metodologia é a determinação do número ótimo de grupos, pois segundo Faria (2009) não há um critério objetivo que determine o ponto de corte do dendrograma.

Mojena (1977) propôs um critério baseado na maior amplitude das distâncias de junção dos grupos formados com o objetivo de determinar um número de grupos  $k$  que otimiza a qualidade do agrupamento dos dados. Sharma (1996) apresenta estatísticas que permitem acessar o número ótimo de grupos, e dentre estas destacam-se os índices  $RS$  (*R-square*) e  $RMSSTD$  (*Root Mean Square Standard Deviation*), sendo este último de maior utilização na área de Biometria (CECON et al., 2008; ARAÚJO, 2008; FARIA, 2009; FIORINI, 2008).

Em resumo, segundo Faria (2009), o índice  $RMSSTD$  é usado para calcular a homogeneidade dos agrupamentos, de forma que quanto mais compactos forem os grupos formados, situação esta verificada na presença de um grande número de grupos, menores os seus valores. Assim, é possível confeccionar um gráfico que mostra o decréscimo do  $RMSSTD$  em função do aumento do número de *clusters*, todavia, esta trajetória é não-linear, e o seu ponto de máxima curvatura indica um limiar entre uma fase de decréscimo e uma fase de estabilização. Após este ponto, denominado de ótimo, mesmo aumentando o número de *clusters* não se verifica grandes declínios nos valores do  $RMSSTD$ .

Em relação à utilização do índice RMSSTD em recentes trabalhos na área de Biometria, Cecon et al. (2008) agruparam curvas de produção estimadas de café Conilon (*Coffea canephora*) para diferentes clones e determinaram o número ótimo de grupos por meio do RMSSTD via técnica da máxima curvatura. Fiorini (2008) em um estudo sobre curvas de progresso de requeima de genótipos de tomateiro, também agrupou as curvas de progresso estimadas por essa mesma metodologia. Faria (2009) avaliando métodos para determinação do número ótimo de *clusters* em estudo de divergência genética entre 49 acessos de pimenta (*Capsicum chinense*), recomendou o método da máxima curvatura por meio do índice RMSSTD em relação ao RS, devido a sua maior aplicação prática.

## 2.7. Identidade de Modelos

Segundo Battisti (2001) quando se tem várias equações de regressão predizendo valores de uma mesma variável em condições distintas, algumas questões podem ser levantadas: as equações de regressão podem ser consideradas idênticas? Existirá uma equação comum para representar todo o conjunto de condições? De que forma diferem as equações? Na literatura científica são propostos vários métodos para responder tais questões, os quais são denominados de métodos para a avaliação de identidade de modelos. Dentre estes, destacam-se o teste de razão de verossimilhança, as variáveis indicadoras (*dummy variables*), análise de variância precedida por testes de comparações múltiplas e análise de agrupamento.

De acordo com Andrade e Scolforo (2003), a verificação da identidade de modelos de regressão permite diferenciar situações onde se é possível usar equações separadas por grupos daquelas onde um conjunto de curvas de vários grupos pode ser representado pela mesma equação. Constitui-se, então, em uma técnica de análise de regressão adotada para determinar se existe igualdade entre duas ou mais curvas estimadas.

Em se tratando exclusivamente do estudo de identidade de modelos de regressão não-linear, Regazzi (2003) apresenta um teste de razão de verossimilhança com aproximação dada pela estatística de qui-quadrado e conclui que se trata de uma metodologia geral a qual pode ser usada em qualquer modelo de regressão não-linear.

Porém cabe ressaltar que o autor admitiu apenas um valor observado da variável dependente para cada valor da variável independente, ou seja, não havia repetições.

Como complemento do referido trabalho, Regazzi e Silva (2004) avaliaram o teste proposto na presença de repetição, mais especificadamente, na presença de dados provenientes de um delineamento inteiramente casualizado, e, além disso, realizaram comparações com uma aproximação dada pela estatística F (BATES e WATTS, 1988). Os autores concluíram que a hipótese de identidade de modelos envolvendo repetições pode ser testada por ambas as metodologias, porém julgaram necessário testar antes a falta de ajustamento e a heterogeneidade de variâncias.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Dados

Os dados utilizados neste estudo são oriundos de um experimento que foi conduzido na Estação Experimental de Jaguaquara, pertencente à Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A., localizada no Município de Jaguaquara, BA, microrregião administrativa de Jequié, BA, de 2003 a 2005.

Foram avaliados os produtos F1, compreendendo 156 borregos, dos cruzamentos Dorper x Morada Nova (DMN); Dorper x Rabo Largo (DRL) e Dorper x Santa Inês (DSI). Destes, 36 DMN (26 machos e 10 fêmeas), 61 DRL (36 machos e 25 fêmeas) e 59 DSI (31 machos e 28 fêmeas).

O rebanho experimental foi composto por 69 matrizes pluríparas: 23 Santa Inês, 23 Morada Nova e 23 Rabo Largo, em condições de reprodução e devidamente selecionadas. Os reprodutores foram em número de dois, da raça Dorper, em condições de reprodução, utilizados de forma que cada reprodutor cobrisse 50% das matrizes de cada grupo racial. As crias acompanharam as matrizes nas pastagens até os 84 dias, quando foram desmamadas. Foram realizadas pesagens do nascimento até os 210 dias de idade em intervalos de aproximadamente 15 dias.

A precipitação média foi de 589, 792 e 854 mm nos anos 2003, 2004 e 2005, respectivamente. Os produtos F1, após o desmame, foram mantidos em sistema de produção semiintensivo, com pastejo durante o dia, em áreas cultivadas com capim *Panicum maximum* e *Brachiaria decumbens*, com cobertura de 30 e 70%, respectivamente, com sal mineral comercial à disposição, e recolhidos no final da tarde para o aprisco. Durante o inverno, período mais seco do ano, de junho a outubro, quando há decréscimo na qualidade da pastagem, foi oferecida suplementação com mistura múltipla comercial.

Foram consideradas duas estruturas de dados diferentes para cada grupo genético, uma considerando os dados médios de pesagem, ou seja, calculou-se a média dos pesos de todos os animais em cada idade, e outra considerando os dados individuais, ou seja, cada animal contendo o seu conjunto particular de observações. Dessa forma, é válido ressaltar que todas as metodologias estatísticas empregadas no presente estudo foram aplicadas separadamente para cada uma destas estruturas de

dados, e quando necessário, são apresentadas particularidades destas metodologias para tais estruturas.

### 3.2. Estimação dos parâmetros dos modelos não-lineares

Para ajustar os modelos de regressão não-linear apresentados na Tabela 1 do item 2.3 aos dados de crescimento de ovinos apresentados no item anterior, utilizou-se o método dos quadrados mínimos ordinários cujas soluções foram obtidas por meio do processo iterativo de Gauss-Newton.

#### 3.2.1. Método dos quadrados mínimos ordinários

Considerando o modelo (1) do item 2.3 na forma matricial, tem-se:

$$\mathbf{y} = f(\mathbf{x}, \boldsymbol{\theta}^0) + \boldsymbol{\varepsilon},$$

em que:

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

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

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

a qual pode ser representada matricialmente por:

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

Segundo Souza (1998), 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. Para uma melhor compreensão do processo de obtenção destes estimadores, utilizou-se a seguinte notação de diferenciação matricial:

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

em que:

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

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

$$\frac{\partial \text{SQE}(\boldsymbol{\theta})}{\partial \boldsymbol{\theta}'} = \frac{\partial}{\partial \boldsymbol{\theta}'} [y - f(\boldsymbol{\theta})]' [y - f(\boldsymbol{\theta})] = -2 [y - f(\boldsymbol{\theta})]' F(\boldsymbol{\theta}), \text{ tem-se: } F'(\hat{\boldsymbol{\theta}}) [y - f(\hat{\boldsymbol{\theta}})] = \emptyset.$$

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

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

### 3.2.2. Processos iterativos e método dos quadrados mínimos

Para o SEN não-linear acima não existe uma solução explícita, ou seja, não é possível encontrar as estimativas para os parâmetros através do sistema de equações, 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:

$$f(\hat{\theta}) \approx f(\hat{\theta}_0) + F(\hat{\theta}_0)(\hat{\theta} - \hat{\theta}_0) \quad (2)$$

$$F'(\hat{\theta})[Y - f(\hat{\theta})] \approx \emptyset \quad (3)$$

Aplicando (2) em (3):  $F'(\hat{\theta})[Y - f(\hat{\theta}_0) - F(\hat{\theta}_0)(\hat{\theta} - \hat{\theta}_0)] \approx \emptyset$ , e multiplicando à esquerda, ambos os lados da igualdade, por  $[F'(\hat{\theta})]^{-1}$ , obtém-se:

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

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 (4), a qual representa o processo iterativo conhecido como Gauss-Newton:

$$\hat{\theta}_{k+1} = \hat{\theta}_k + [F(\hat{\theta}_k)]^{-1}[Y - f(\hat{\theta}_k)] \quad (4)$$

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  $\delta$  foi especificado de acordo com a facilidade de convergência de cada modelo estudado.

### 3.3. Avaliadores da qualidade de ajuste

Os seis avaliadores da qualidade de ajuste de modelos de regressão não-lineares utilizados no presente trabalho são apresentados resumidamente a seguir.

### 3.3.1 Coeficiente de determinação ajustado ( $R^2_{aj}$ )

É usado para comparar a qualidade do ajuste de modelos com diferentes números de parâmetros ( $p$ ) e/ou diferentes números de observações ( $n$ ). Sua fórmula é dada por:

$$R^2_{aj} = R^2 - \left(\frac{p-1}{n-p}\right)(1-R^2),$$

em que:

$$R^2 = 1 - \frac{SQR}{SQT},$$

$SQR = \sum_{i=1}^n (Y_i - \hat{Y}_i)^2$  é a soma de quadrados do resíduo,

$$\hat{Y}_i = f(x_i, \hat{\theta}),$$

$SQT = \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2$  é a soma de quadrados total,

$n$  é o número de observações utilizadas para ajustar a curva e  $p$  é o número de parâmetros na função, incluindo o intercepto.

### 3.3.2. Critério de informação de Akaike (AIC)

Permite utilizar o princípio da parcimônia na escolha do melhor modelo, ou seja, de acordo com este critério nem sempre o modelo mais parametrizado é melhor (BURNHAM e ANDERSON, 2004). Menores valores de AIC refletem um melhor ajuste (AKAIKE, 1974). Sua expressão é dada por:

$$AIC = -2\loglike + 2p,$$

em que:  $p$  é o número de parâmetros e  $\loglike$  o valor do logaritmo da função de verossimilhança considerando as estimativas dos parâmetros.

### 3.3.3. Critério de informação bayesiano (BIC)

Assim como o AIC, também leva em conta o grau de parametrização do modelo, e da mesma forma, quanto menor for o valor de BIC (SCHWARZ, 1978), melhor será o ajuste do modelo. Sua expressão é dada por:

$$BIC = -2\loglike + p\ln(n)$$



em que: n é o número de observações utilizadas para ajustar a curva.

### 3.3.5. Erro quadrático médio de predição (MEP)

Um dos critérios mais eficientes para testar a qualidade de um modelo de regressão é o erro quadrático médio de predição (CHROBOK et al., 2004), dado por:

$$\text{MEP} = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i^*)^2}{n},$$

em que: n é o número de observações e,  $\hat{y}_i^*$  representa os dados estimados considerando valores dos parâmetros proveniente de um ajuste sem a presença da observação i.

### 3.3.6. Coeficiente de Determinação de Predição ( $R_p^2$ )

Este avaliador é equivalente ao  $R^2$  comum, apresentando a mesma interpretação, porém a diferença é que as somas de quadrado do erro e total são substituídas, respectivamente, pelos termos  $n\text{MEP}$  e  $\sum_{i=1}^n \hat{y}_i^{*2} - n\bar{y}^2$ , os quais contemplam a influência da ausência de cada observação no ajuste do modelo. Sua fórmula é a seguinte:

$$\hat{R}_p^2 = 1 - \frac{n\text{MEP}}{\sum_{i=1}^n \hat{y}_i^{*2} - n\bar{y}^2},$$

em que:  $\bar{y}$  é a média dos n valores  $y_i$ .

### 3.3.7. Percentual de Convergência (C%)

É usado quando se tem ajustes individuais, ou seja, o interesse reside em ajustar uma curva para dados de cada animal. Sendo assim, é possível observar qual modelo apresenta maior facilidade de convergência, que é dado pela porcentagem de ajustes que convergiram.

Após a obtenção dos avaliadores apresentados para cada um dos modelos estudados, confeccionou-se um conjunto de dados multivariados, no qual os modelos correspondem às unidades, ou aos indivíduos, e os avaliadores às variáveis. Dessa

forma, tornou-se possível empregar a análise de agrupamento na tentativa de identificar modelos semelhantes com base nestes avaliadores.

Vale ressaltar que ao considerar o conjunto de dados individuais de cada animal, para cada modelo, os valores dos avaliadores que constituem o conjunto de dados multivariados são dados pelas médias dos valores dos avaliadores obtidos para cada animal. Para calcular estas médias foram confeccionados gráficos box-plot com o intuito de identificar possíveis *outliers* (valores discrepantes), os quais poderiam vir a comprometer a classificação dos modelos, sendo assim, uma vez identificados tais valores, os mesmos foram removidos.

### 3.4. Análise de Agrupamento

O método de agrupamento utilizado como default pelo SAS<sup>®</sup> (SAS, 2003) é o método do centróide. Neste método, a distância entre dois grupos R e S é dada pela distância euclidiana quadrática entre os vetores de médias, centróides, dos dois grupos (FERREIRA, 2008).

Se o grupo R possui  $n_r$  indivíduos, ou unidades, e o grupo S,  $n_s$ , então os centróides dos grupos são:

$$\bar{y}_r = \frac{\sum_{r=1}^{n_r} y_r}{n_r} = \begin{bmatrix} \bar{y}_{r1} \\ \bar{y}_{r2} \\ \vdots \\ \bar{y}_{rp} \end{bmatrix} \quad \text{e} \quad \bar{y}_s = \frac{\sum_{s=1}^{n_s} y_s}{n_s} = \begin{bmatrix} \bar{y}_{s1} \\ \bar{y}_{s2} \\ \vdots \\ \bar{y}_{sp} \end{bmatrix},$$

em que  $y_r$  e  $y_s$  são os vetores de observações dos objetos pertencentes aos grupos R e S, respectivamente.

A partir dos centróides, devemos obter a distância euclidiana quadrática entre os dois grupos por

$$d_{rs}^2 = \sum_{u=1}^p (\bar{y}_{ru} - \bar{y}_{su})^2. \quad (5)$$

O processo começa com cada indivíduo sendo um grupo, onde o seu centróide é um vetor de observações p-variado. Calcula-se a distância euclidiana quadrática entre todos os pares e obtemos a matriz de dissimilaridades  $D = [d_{ij}^2](n \times n)$ . Quando um novo grupo (RS) é formado a partir da junção dos grupos R e S, de distância quadrática mínima entre todos os pares de grupos, o seu centróide é dado pela média ponderada

$$\bar{y}_{rs} = \frac{n_r \bar{y}_r + n_s \bar{y}_s}{n_r + n_s}.$$

Após a união dos grupos R e S, deve-se determinar a distância entre o grupo RS e os demais grupos. Assim, para um grupo T qualquer, a distância quadrática  $d_{(rs)t}^2$  pode ser dada pela fórmula (5), a partir dos centróides dos grupos RS e T. No entanto, se temos apenas a matriz de dissimilaridades, pode-se utilizar uma fórmula de atualização de distâncias quadráticas, dada por

$$d_{(rs)t}^2 = \frac{n_r}{n_r + n_s} d_{rt}^2 + \frac{n_s}{n_r + n_s} d_{st}^2 - \frac{n_r n_s}{(n_r + n_s)^2} d_{rs}^2 \quad (6)$$

em que as distâncias quadráticas  $d_{rt}^2$ ,  $d_{st}^2$  e  $d_{rs}^2$  são provenientes da matriz de dissimilaridades antes da atualização efetuada em função do agrupamento dos grupos R e S.

Através da fórmula (6) pode-se atualizar a matriz de distâncias após o agrupamento dos grupos R e S, e então, aplicar o algoritmo geral dos métodos hierárquicos para esse método a partir da matriz de dissimilaridades, sem a necessidade de utilizar os dados originais (FERREIRA, 2008). A utilização deste algoritmo nos permite obter um número máximo de grupos correspondente ao número de indivíduos, ou unidades, e a visualização de todos estes possíveis grupos torna-se possível mediante a construção do dendrograma. Dessa forma, cabe ao pesquisador identificar nesta figura o número adequado, ou ótimo, de grupos, e como muitas vezes tal identificação é realizada de forma subjetiva, no presente trabalho será apresentada uma técnica estatística baseada no cálculo do RMSSTD com o intuito de eliminar tal subjetividade.

### 3.5. Determinação do número ótimo de grupos

O índice RMSSTD mede a homogeneidade dos agrupamentos, ou seja, quanto menor o RMSSTD mais homogêneos serão os grupos, condição esta verificada na presença de um grande número de grupos. Este índice é dado por:

$$\text{RMSSTD}_k = \sqrt{\frac{SQ_1 + SQ_2 + \dots + SQ_p}{gl_1 + gl_2 + \dots + gl_p}},$$

em que:  $SQ_j = \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2$  é a soma de quadrado da j-ésima variável calculada considerando as n observações presentes em cada novo *cluster* k, ou seja, a cada novo *cluster* obtém-se um novo valor para o índice em questão.

Após calcular os valores do RMSSTD, é possível construir um gráfico que representa o comportamento deste índice em função do número de grupos (Nc), como ilustrado na Figura 1(a). Este comportamento pode ser descrito por um modelo exponencial simples, como  $RMSSTD = a(Nc)^{-b}$ , em que a e b são os parâmetros deste modelo, e Nc é o número de *clusters* formados. Assim, o ponto de máxima curvatura desta curva, o qual corresponde ao número ótimo de grupos (Xo), pode ser determinado geometricamente (LARSON et al., 1998) por meio da interseção desta curva com uma reta, de forma que a maior distância entre elas corresponda ao ponto em questão, como mostrado na Figura 1 (b).

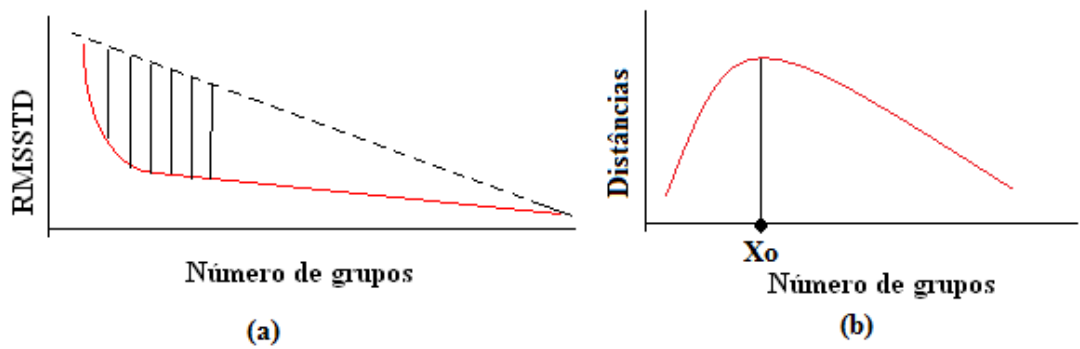


Figura 1. Ilustração da determinação geométrica do ponto de máxima curvatura da curva representativa do comportamento do RMSSTD em função do número de grupos.

### 3.6. Escolha do melhor modelo

Após a obtenção dos grupos (*clusters*) de modelos, realizou-se uma ordenação destes de acordo com as médias calculadas para os avaliadores dos modelos presentes dentro de cada um deles. Como critérios de ordenação, foram considerados os maiores valores de  $R^2_{aj}$ ,  $R^2_p$  e percentual de convergência, este último para o conjunto de dados individuais, e menores valores de AIC, BIC e MEP.

Posteriormente à determinação do *cluster* com os melhores modelos, efetuada separadamente para cada grupo genético, buscou-se identificar interseções entre eles, ou

seja, objetivou-se encontrar modelos que estivessem presentes nos *clusters* com os melhores resultados dos avaliadores para os três grupos genéticos.

### 3.7. Identidade de modelos

Como relatado no item anterior, a análise de *cluster* permite identificar um modelo ótimo para os três grupos genéticos considerados, tendo em vista a classificação deste modelo em cada um dos grupos. Dessa forma, o próximo passo consiste em testar as hipóteses referentes a igualdade dos parâmetros deste modelo em relação aos três grupos genéticos, e para tanto utilizou-se o método de identidade de modelos de regressão não-linear apresentado por Regazzi (2003) e Regazzi e Silva (2004). Para apresentar tal método, considere o modelo de Richards indicado na Tabela 1 acrescido de uma variável indicadora (*dummy*) cujo objetivo é representar cada um dos 3 grupos em estudo. Tal modelo, denominado a partir de agora de completo, é o seguinte:

$$y_{ik} = \sum_{k=1}^3 D_k \left[ \frac{\beta_{1k}}{\left(1 + e^{(\beta_{2k} - \beta_{3k} x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{4k}}}} \right] + e_i, \quad (7)$$

em que:

$D_k$  é uma variável indicadora, tal que:  $D_k = \begin{cases} 1, & \text{se a observação } y_{ik} \text{ pertence ao grupo } k; \\ 0, & \text{em caso contrário} \end{cases}$ ;

$\beta_{1k}$ ,  $\beta_{2k}$ ,  $\beta_{3k}$  e  $\beta_{4k}$  são os parâmetros do modelo para cada um dos 3 grupos genéticos, sendo  $k=1,2$  e  $3$ ;

$e_i$  é o termo de erro aleatório,  $e_i \sim N(0, \sigma^2)$ .

O ajuste do modelo completo apresentado em (7), se faz necessário para a utilização do método da razão de verossimilhança (REGAZZI, 2003; REGAZZI e SILVA, 2004), o qual permite testar separadamente as seguintes hipóteses:

$H_0^{(1)} : \beta_{11} = \beta_{12} = \beta_{13}$  vs  $H_a^{(1)} : \text{nem todos } \beta_{1k} \text{ são iguais,}$

$H_0^{(2)} : \beta_{21} = \beta_{22} = \beta_{23}$  vs  $H_a^{(2)} : \text{nem todos } \beta_{2k} \text{ são iguais,}$

$H_0^{(3)} : \beta_{31} = \beta_{32} = \beta_{33}$  vs  $H_a^{(3)} : \text{nem todos } \beta_{3k} \text{ são iguais,}$

$H_0^{(4)} : \beta_{41} = \beta_{42} = \beta_{43}$  vs  $H_a^{(4)} : \text{nem todos } \beta_{4k} \text{ são iguais.}$

Para todos os parâmetros, foi utilizado o seguinte esquema de comparação, o qual é ilustrado para o teste da hipótese  $H_0^{(1)}$ . Considere o seguinte modelo completo:

$$y_i = D_1 \frac{\beta_{11}}{\left(1 + e^{(\beta_{21} - \beta_{31}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{41}}}} + D_2 \frac{\beta_{12}}{\left(1 + e^{(\beta_{22} - \beta_{32}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{42}}}} + D_3 \frac{\beta_{13}}{\left(1 + e^{(\beta_{23} - \beta_{33}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{43}}}} + e_i, \quad (8)$$

e considere também o seguinte modelo reduzido:

$$y_i = D_1 \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_{21} - \beta_{31}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{41}}}} + D_2 \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_{22} - \beta_{32}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{42}}}} + D_3 \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_{23} - \beta_{33}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{43}}}} + e_i, \quad (9)$$

no qual é assumido um único parâmetro  $\beta_1$  para representar os três grupos genéticos.

As somas de quadrados dos resíduos provenientes dos ajustes dos modelos (8) e (9), representadas respectivamente por  $SQR_\Omega$  e  $SQR_\omega$ , são utilizadas para obter a seguinte estatística qui-quadrado:  $\chi^2_{\text{calculado}} = N \ln(SQR_\Omega / SQR_\omega)$ . A regra de decisão consiste em rejeitar  $H_0^{(1)}$  a um nível de significância  $\alpha$  se  $\chi^2_{\text{calculado}} \geq \chi^2_{\alpha}(v)$ , em que  $v = p_\Omega - p_\omega$  é o número de graus de liberdade da estatística do teste, sendo  $p_\Omega$  e  $p_\omega$ , respectivamente, o número de parâmetros estimados nos modelos completo e reduzido.

Tendo em vista os três grupos genéticos considerados no presente trabalho, a rejeição da hipótese  $H_0^{(1)}$  em questão, apenas nos permite inferir que existe pelo menos uma diferença entre as estimativas do parâmetro  $\beta_1$ , e sendo assim, uma vez constatada tal rejeição, uma nova seqüência de comparações duas a duas foi efetuada com o intuito de identificar quais grupos genéticos são iguais ou diferentes em relação ao parâmetro  $\beta_1$ . Para tanto, considere como exemplo a comparação entre os grupos genéticos 1 e 2, a qual exige a utilização dos seguintes modelos completo e reduzido, dados respectivamente pelas expressões (10) e (11).

$$y_i = D_1 \frac{\beta_{11}}{\left(1 + e^{(\beta_{21} - \beta_{31}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{41}}}} + D_2 \frac{\beta_{12}}{\left(1 + e^{(\beta_{22} - \beta_{32}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{42}}}} + e_i, \quad (10)$$

$$y_i = D_1 \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_{21} - \beta_{31}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{41}}}} + D_2 \frac{\beta_1}{\left(1 + e^{(\beta_{22} - \beta_{32}x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_{42}}}} + e_i. \quad (11)$$

Vale ressaltar que para aplicar a identidade de modelos para o conjunto de dados individuais o procedimento é o mesmo, porém conforme relatado por Regazzi e Silva

(2004), é necessário testar a falta de ajustamento e a heterogeneidade de variâncias entre os grupos.

### 3.8. Aspectos computacionais

Os modelos de regressão não-linear apresentados na Tabela 1 do item 2.3 foram ajustados aos dados médios e individuais de peso-idade de ovinos por meio do PROC MODEL do SAS<sup>®</sup> (SAS, 2003). Como relatado no item 3.2, utilizou-se o método dos quadrados mínimos ordinários via método iterativo de Gauss-Newton, porém em alguns poucos casos, devido a problemas de convergência, utilizou-se o método iterativo de Marquardt.

Em relação aos avaliadores da qualidade de ajuste apresentados no item 3.3, cabe ressaltar que os valores do  $R^2_{aj}$  e a *loglike*, a qual foi usada para obter os valores do AIC e BIC, foram obtidos diretamente do PROC MODEL. Para a obtenção do MEP e do  $R^2_p$ , elaborou-se uma adaptação na rotina deste procedimento para remover uma observação a cada ajuste. A porcentagem de convergência, conforme comentado no item 3.3.6 apenas foi avaliada para o conjunto de dados individuais, e esta porcentagem diz respeito aos animais cuja convergência foi observada até um número máximo de 1000 iterações.

Após a obtenção dos avaliadores de qualidade para cada modelo, confeccionaram-se então conjuntos de dados multivariados como descrito no final do item 3.3, os quais foram submetidos à análise de agrupamento no PROC CLUSTER considerando o método centróide. Nesta análise obtiveram-se os valores dos RMSSTD em relação ao número de *clusters*, a qual gerou o gráfico que disponibilizou a identificação do número ótimo de *cluster* tendo em vista o método da máxima curvatura apresentado no item 3.5. Como complemento dessa última análise, utilizou-se o PROC TREE para visualizar o dendograma e para verificar quais modelos pertencem aos diferentes grupos obtidos pela discriminação estatística em relação aos avaliadores de qualidade.

Posteriormente a escolha do melhor modelo, conforme relatado no item 3.6, aplicou-se o teste de identidade de modelos com o intuito de verificar diferenças nas estimativas dos parâmetros entre os três grupos genéticos avaliados. Para tanto também se utilizou o PROC MODEL para ajustar os modelos completo e reduzido como os indicados nas expressões (8) e (9).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

### 4.1. Estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento

#### 4.1.1. Conjuntos de dados médios

As Tabelas 2, 3 e 4 mostram, respectivamente, as estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento ajustados aos dados dos grupos genéticos DMN, DRL e DSI.

Tabela 2. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DMN considerando ajuste médio.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	26,39995	200,6572*	-	165,8606
B - Mitscherlich	45,90153	-22,6703	0,003206	-
C - Richards	33,47913	-9,02589	0,008535	0,000062
D - Gompertz	33,47715	0,655605	0,008536	-
E - Logístico	30,19512	1,451773	0,013796	-
F - Meloun I	45,90102	42,68326	0,003206	-
H - Meloun II	45,90141	-3,75382	0,003206	-
N - Brody (1945)	45,90328	0,929894	0,003206	-
O - von Bertalanffy	35,63692	0,499552	0,006769	-
P - Michaelis-Menten	50,46068	229,8218	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	230471,1	-0,48272	5,8078E8	0,616786

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 200,6572 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DRL considerando ajuste médio.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	26,75048	180,4264*	-	140,6515
B - Mitscherlich	33,86535	-13,6411	0,005751	-
C - Richards	27,47436	4,223903	0,027582	2,819798
D - Gompertz	29,89057	0,651176	0,011182	-
E - Logístico	28,4615	1,480136	0,016821	-
F - Meloun I	33,86874	31,31212	0,00575	-
H - Meloun II	33,87551	-3,44414	0,005747	-
N - Brody (1945)	33,87081	0,924497	0,005749	-
O - von Bertalanffy	30,74064	0,495235	0,00935	-
P - Michaelis-Menten	43,70704	164,9718	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	31,13575	6,989156	129,2612	2,212376

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 180,4264 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .



Tabela 4. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DSI considerando ajuste médio.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	28,83533	157,1318*	-	135,3925
B - Mitscherlich	37,09447	-13,0226	0,006708	-
C - Richards	33,18649	-9,67235	0,012299	0,000035
D - Gompertz	33,18648	0,592419	0,012299	-
E - Logístico	31,68978	1,339017	0,017878	-
F - Meloun I	37,09409	33,99102	0,006708	-
H - Meloun II	37,09439	-3,5261	0,006708	-
N - Brody (1945)	37,09288	0,916355	0,006709	-
O - von Bertalanffy	34,04897	0,476653	0,010439	-
P - Michaelis-Menten	46,8392	133,8053	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	40,12363	5,772901	129,5621	1,466835

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 157,1318 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .

De acordo com as estimativas apresentadas nas Tabelas 2, 3 e 4, verifica-se que, exceto para o modelo Q no conjunto de dados do grupo DMN, as estimativas do parâmetro  $\beta_1$  mostraram-se condizente com a realidade, pois realmente o peso adulto de cordeiros varia entre 25 e 50 kg (McMANUS et al., 2003; CARNEIRO et al., 2007). O fato do modelo Q no conjunto de dados do grupo DMN ter apresentado um valor absurdamente grande para este parâmetro pode ser explicado pela grande correlação existente entre os parâmetro  $\beta_1$  e  $\beta_3$  neste modelo, pois também se nota que a estimativa do parâmetro  $\beta_3$  foi extremamente pequena se comparada com aquelas provenientes dos demais modelos. De forma geral, optou-se por discutir o valor do peso adulto ( $\beta_1$ ) devido a sua maior interpretação biológica e também por este parâmetro ser mais relatado na literatura que os demais.

#### 4.1.2. Conjuntos de dados individuais

As Tabelas 5, 6 e 7 mostram, respectivamente, as estimativas dos parâmetros dos modelos de crescimento ajustados individualmente aos dados dos grupos genéticos DMN, DRL e DSI.

Tabela 5. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DMN considerando ajuste individual.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	24,50282	168,4196*	-	118,514
B - Mitscherlich	27,60926	-1,06352	0,010688	-
C - Richards	17,85238	7,884181	0,082438	5,69033
D - Gompertz	36,15471	0,842566	0,0137	-
E - Logístico	28,67499	1,727597	0,02194	-
F - Meloun I	27,60709	29,91757	0,010689	-
H - Meloun II	27,60896	-3,3509	0,010688	-
N - Brody (1945)	27,61169	1,146198	0,010687	-
O - von Bertalanffy	34,47027	0,61794	0,012092	-
P - Michaelis-Menten	43,46236	190,5655	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	30,82157	5,074442	136,8916	2,721928
R - Weibull	29,32486	25,53704	-9,18257	1,940808

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 168,4196 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .

Tabela 6. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DRL considerando ajuste individual.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	25,31977	157,2027*	-	118,9136
B - Mitscherlich	32,34413	-14,2345	0,008657	-
C - Richards	25,60283	127,1834	1,068553	130,2413
D - Gompertz	33,54134	0,683811	0,013312	-
E - Logístico	31,28423	1,625463	0,020167	-
F - Meloun I	32,34228	30,78394	0,008659	-
H - Meloun II	32,3428	-3,36221	0,008658	-
N - Brody (1945)	32,34464	0,950836	0,008658	-
O - von Bertalanffy	34,20282	0,507248	0,01161	-
P - Michaelis-Menten	37,88568	135,9839	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	32,91662	6,341506	122,6852	3,197254
R - Weibull	26,49363	21,40656	-6,91718	1,462918

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 157,2027 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .

Tabela 7. Estimativas dos parâmetros para os modelos de crescimento do grupo DSI considerando ajuste individual.

Modelos	Estimativas			
	$\hat{\beta}_1$	$\hat{\beta}_2$	$\hat{\beta}_3$	$\hat{\beta}_4$
A - Schnute	34,83354	184,1816*	-	140,2682
B - Mitscherlich	36,25497	-2,20863	0,011725	-
C - Richards	27,46794	123,7967	0,988311	94,21291
D - Gompertz	38,17032	0,780287	0,015543	-
E - Logístico	31,48463	1,608085	0,024416	-
F - Meloun I	37,28929	40,33108	0,011333	-
H - Meloun II	36,25508	-3,58635	0,011725	-
N - Brody (1945)	36,25512	1,087319	0,011726	-
O - von Bertalanffy	38,70632	0,568274	0,01379	-
P - Michaelis-Menten	45,70172	130,2	-	-
Q - Michaelis-Menten Modificado	40,68651	5,455724	159,4843	2,357076
R - Weibull	33,32796	31,55347	-7,6876	1,639647

\* Devido a não-convergência adotou-se uma reparametrização na qual o valor 184,1816 representa o produto  $\beta_2\beta_3$ .

De forma geral, nota-se que as estimativas dos parâmetros também são condizentes com a realidade, pois os valores obtidos para o peso adulto e, principalmente, para a taxa de crescimento concordam com aquelas obtidos por Carneiro et al. (2007) que utilizaram dados de crescimento destes mesmos grupos genéticos. Na referência em questão, os autores adotaram apenas o modelo Logístico e obtiveram, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI, os seguintes valores:  $\hat{\beta}_1 = 27,1493$  e  $\hat{\beta}_3 = 0,0223$ ,  $\hat{\beta}_1 = 26,0857$  e  $\hat{\beta}_3 = 0,0213$ ,  $\hat{\beta}_1 = 28,6809$  e  $\hat{\beta}_3 = 0,0267$ .

Ao comparar superficialmente as estimativas do peso adulto provenientes do ajuste médio (Tabelas 2, 3 e 4) com aquelas provenientes do ajuste individual (Tabelas 5, 6 e 7), nota-se que nesta última os valores do peso adulto foram um pouco menores, representando melhor o comportamento do peso adulto destes animais criados nas condições de clima nordestino, pois segundo Zapata et al. (2001) os ovinos adultos do Nordeste brasileiro apresentam peso vivo em torno de 30 kg, com média geralmente inferior à de animais de raças de clima temperado criados na região sul, com aptidão para produção de lã e carne.

Ressaltamos que nas tabelas 5, 6 e 7, os valores dos parâmetros são dados pelas médias dos valores dos parâmetros obtidos do ajuste feito para cada animal.

## 4.2. Avaliadores da qualidade de ajuste

### 4.2.1. Conjuntos de dados médios

Nas Tabelas 8, 9 e 10 são apresentados, respectivamente para os grupos genéticos DMN, DRL e DSI, os resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para cada modelo considerando os dados médios de crescimento.

Tabela 8. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DMN considerando ajuste médio.

<b>Avaliadores da Qualidade de Ajuste</b>					
<b>Modelo</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>aj</sub></b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>MEP</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>p</sub></b>
A - Schnute	0,9503	56,6926	58,81675	4,963388	0,992236
B - Mitscherlich	0,9938	25,4254	27,54955	0,366452	0,999427
C - Richards	0,9904	34,073	36,90520	0,618679	0,999032
D - Gompertz	0,9904	32,073	34,19715	0,618684	0,999032
E - Logístico	0,9859	37,799	39,92315	0,916582	0,998566
F - Meloun I	0,9938	25,4254	27,54955	0,366462	0,999427
H - Meloun II	0,9938	25,4254	27,54955	0,366458	0,999427
N - Brody	0,9938	25,4254	27,54955	0,366506	0,999427
O - von Bertalanffy	0,9917	29,8682	31,99235	0,526287	0,999177
P - Michaelis-Menten	0,9873	35,3572	36,77330	0,688725	0,998923
Q - Michaelis-Menten Mod.	0,9956	24,5512	27,38340	0,298250	0,999533
<b>Média</b>	0,9879	32,0105	34,1990	0,9179	0,9986
<b>Desvio-padrão</b>	0,0128	9,4438	9,3858	1,3547	0,0021
<b>CV%</b>	1,2977	29,5022	27,4446	147,5894	0,2122

Tabela 9. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DRL considerando ajuste médio.

<b>Avaliadores da Qualidade de Ajuste</b>					
<b>Modelo</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>aj</sub></b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>MEP</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>p</sub></b>
A - Schnute	0,9843	47,7172	50,21684	1,144712	0,998525
B - Mitscherlich	0,9776	53,7266	56,22624	1,324907	0,998293
C - Richards	0,9881	43,7096	47,04245	0,963684	0,998758
D - Gompertz	0,9838	48,2012	50,70084	0,960867	0,998762
E - Logístico	0,9872	44,2686	46,76824	0,781406	0,998993
F - Meloun I	0,9776	53,7266	56,22624	1,324777	0,998293
H - Meloun II	0,9776	53,7266	56,22624	1,324881	0,998293
N - Brody	0,9776	53,7266	56,22624	1,325123	0,998292
O - von Bertalanffy	0,9821	49,8986	52,39824	1,056141	0,998639
P - Michaelis-Menten	0,9724	56,4468	58,11323	1,588057	0,997954
Q - Michaelis-Menten Mod.	0,9824	50,337	53,66985	1,390097	0,998209
<b>Média</b>	0,9810	50,4987	53,0741	1,1986	0,9985
<b>Desvio-padrão</b>	0,0048	4,1877	3,9483	0,2369	0,0003
<b>CV%</b>	0,4899	8,2926	7,4392	19,7631	0,0306

Tabela 10. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DSI considerando ajuste médio.

<b>Avaliadores da Qualidade de Ajuste</b>					
<b>Modelo</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>aj</sub></b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>MEP</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>p</sub></b>
A - Schnute	0,9520	56,0056	57,92277	3,993877	0,995481
B - Mitscherlich	0,9958	21,7798	23,69697	0,332091	0,999624
C - Richards	0,9959	22,1736	24,72983	0,262861	0,999703
D - Gompertz	0,9963	20,1736	22,09077	0,260318	0,999705
E - Logístico	0,994	26,8036	28,72077	0,414481	0,999531
F - Meloun I	0,9958	21,7798	23,69697	0,332244	0,999624
H - Meloun II	0,9958	21,7798	23,69697	0,332169	0,999624
N - Brody	0,9958	21,7798	23,69697	0,332219	0,999624
O - von Bertalanffy	0,9965	19,2116	21,12877	0,247934	0,999719
P - Michaelis-Menten	0,9916	30,7974	32,07551	0,522771	0,999408
Q - Michaelis-Menten Mod.	0,9957	22,9998	25,55603	0,347670	0,999607
<b>Média</b>	0,9914	25,9349	27,9102	0,6708	0,9992
<b>Desvio-padrão</b>	0,0131	10,4827	10,4177	1,1049	0,0013
<b>CV%</b>	1,3249	40,4191	37,3256	164,7121	0,1251

Tendo em vista os valores apresentados nas Tabelas 8, 9 e 10, optou-se por discutir, de forma geral, as estatísticas descritivas calculadas para cada avaliador, visando assim identificar para quais grupos genéticos os modelos considerados

ajustaram-se melhor, e também quais avaliadores apresentaram maior variabilidade relativa.

Nota-se que, em média, todos os valores obtidos para o grupo DSI (Tabela 10), foram melhores que os dos dois demais grupos, uma vez que foram observados os maiores valores para o  $R^2_{aj}$  e  $R^2_p$  e os menores para AIC, BIC e MEP. Da mesma forma, os valores do grupo DMN (Tabela 8) foram melhores que o do grupo DRL (Tabela 9), porém as diferenças entre estes dois últimos grupos são de baixa magnitude. Estas informações indicam que os dados médios do grupo DSI apresentam um comportamento mais característico de curva de crescimento, uma vez que os modelos específicos para descrever este fenômeno se ajustaram melhor. Este melhor comportamento pode ser visualizado na Figura 2, na qual observa-se que os dados do grupo DMN apresentam um comportamento próximo do linear e os dados do grupo DRL um comportamento próximo de platô linear, não sendo visível assim a curvatura típica de curvas de crescimento.

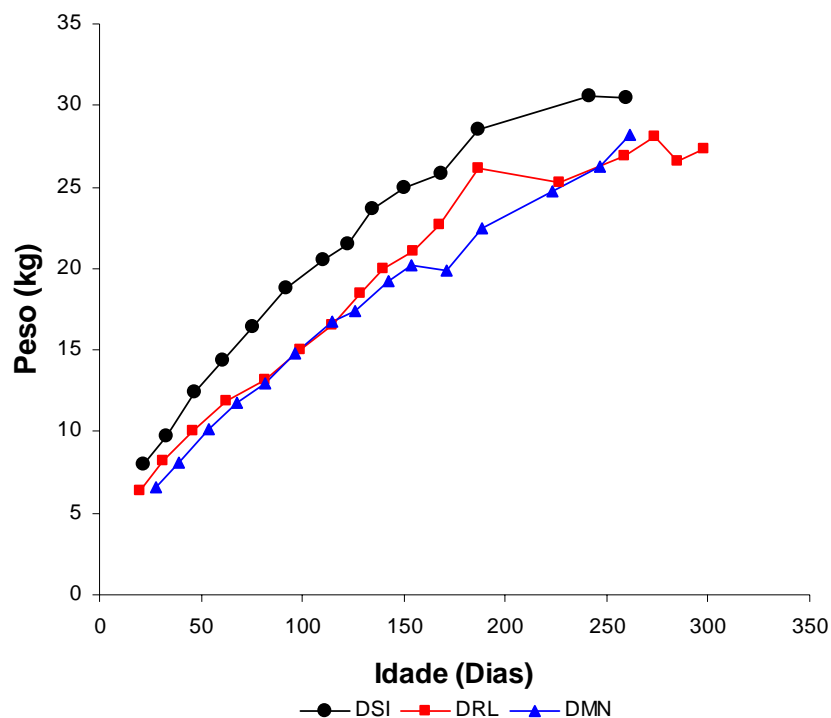


Figura 2. Curvas de crescimento observadas, considerando os dados médios dos três grupos genéticos.

Em relação à variabilidade relativa dos avaliadores, nota-se que o MEP é o que apresenta maior CV, talvez porque este avaliador, calculado com base na remoção

sucessiva de observações dos conjuntos de dados originais, represente a capacidade dos modelos em se ajustarem bem na presença de dados faltantes, e como já demonstrado por Nobre et al. (1987) a qualidade destes modelos varia significativamente com a perda de observações.

Também é importante realçar que as medidas baseadas no conceito de coeficiente de determinação,  $R^2_{aj}$  e  $R^2_p$ , foram aquelas que apresentaram menores CV, indicando que este avaliador realmente apresenta baixa variabilidade. Quanto a essa informação, Oliveira et al. (2000), comentam que as diferenças entre os coeficientes de determinação de diferentes modelos usados no estudo de curvas de crescimento geralmente são irrisórias, sendo necessário a utilização de outros avaliadores para a indicação dos melhores modelos.

#### 4.2.2. Conjuntos de dados individuais

Nas Tabelas 11, 12 e 13 são apresentados, respectivamente para os grupos genéticos DMN, DRL e DSI, os resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para cada modelo considerando os dados individuais de crescimento.

Tabela 11. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DMN considerando ajuste individual.

Modelo	Avaliadores da Qualidade de Ajuste					
	$R^2_{aj}$	AIC	BIC	MEP	$R^2_p$	%Conv.
A - Schnute	0,9536	36,4340	37,51278	2,394103	0,993462	0,8077
B - Mitscherlich	0,9692	26,9184	27,84758	0,790985	0,998538	0,5000
C - Richards	0,9686	17,0443	17,44387	0,392070	0,998744	0,2692
D - Gompertz	0,9743	26,1007	27,04101	0,994654	0,997518	0,9231
E - Logístico	0,9732	27,3350	28,29586	1,068450	0,997554	0,9615
F - Meloun I	0,9692	26,9184	27,84756	0,783901	0,998595	0,5000
H - Meloun II	0,9692	26,9184	27,84758	0,791039	0,998538	0,5000
N - Brody	0,9692	26,9184	27,84756	0,791029	0,998538	0,5000
O - von Bertalanffy	0,9742	25,1104	26,06240	0,805360	0,998532	0,8077
P - Michaelis-Menten	0,9399	29,2113	29,75984	1,757599	0,996179	0,8077
Q - Michaelis-Menten M.	0,9712	23,4173	24,42173	0,686830	0,998372	0,5000
<b>Média</b>	0,9730	25,2585	26,4119	0,7234	0,9981	0,5385
<b>Desvio-padrão</b>	0,9671	26,4654	27,3616	0,9983	0,9977	0,6346
<b>CV%</b>	0,0102	4,3689	4,4753	0,5462	0,0015	0,2160

Tabela 12. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DRL considerando ajuste individual.

<b>Avaliadores da Qualidade de Ajuste</b>						
<b>Modelo</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>aj</sub></b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>MEP</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>p</sub></b>	<b>%Conv.</b>
A - Schnute	0,9407	35,0426	37,01784	3,173518	0,991753	0,9375
B - Mitscherlich	0,9540	35,2852	36,45601	1,258653	0,997605	0,5833
C - Richards	0,9725	25,5717	26,63524	1,283962	0,995138	0,2708
D - Gompertz	0,9634	30,6113	31,64892	1,280066	0,996823	0,8125
E - Logístico	0,9662	27,6127	28,51031	1,306261	0,996355	0,9583
F - Meloun I	0,9540	35,2852	36,45601	1,258430	0,997606	0,5833
H - Meloun II	0,9540	35,2852	36,45601	1,258369	0,997606	0,5833
N - Brody	0,9540	35,2852	36,45601	1,258447	0,997606	0,5833
O - von Bertalanffy	0,9615	33,1841	34,27488	1,215016	0,997089	0,7292
P - Michaelis-Menten	0,9227	36,6163	37,28893	1,991485	0,994133	0,8542
Q - Michaelis-Menten M.	0,9509	36,6708	38,13961	1,401599	0,996746	0,2917
<b>Média</b>	0,9659	34,3665	35,7230	2,0042	0,9967	0,3125
<b>Desvio-padrão</b>	0,9550	33,4014	34,5886	1,5575	0,9963	0,6250
<b>CV%</b>	0,0132	3,5864	3,6925	0,5810	0,0018	0,2428

Tabela 13. Resultados dos avaliadores da qualidade de ajuste para os modelos do grupo DSI considerando ajuste individual.

<b>Avaliadores da Qualidade de Ajuste</b>						
<b>Modelo</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>aj</sub></b>	<b>AIC</b>	<b>BIC</b>	<b>MEP</b>	<b>R<sup>2</sup><sub>p</sub></b>	<b>%Conv.</b>
A - Schnute	0,9317	42,6032	43,61784	5,689999	0,991521	0,9512
B - Mitscherlich	0,9661	31,0505	32,12904	1,470024	0,997775	0,6098
C - Richards	0,9263	43,8125	45,81500	3,191846	0,996777	0,3415
D - Gompertz	0,9796	27,8202	28,81723	1,061648	0,997784	0,9756
E - Logístico	0,9776	29,2923	30,29432	1,525167	0,997177	1,0000
F - Meloun I	0,9709	31,2192	32,31890	2,797085	0,998027	0,5854
H - Meloun II	0,9661	31,0505	32,12904	1,478020	0,997753	0,6098
N - Brody	0,9661	31,0505	32,12904	1,478199	0,997753	0,6098
O - von Bertalanffy	0,9782	24,8735	25,80715	1,060680	0,997778	0,8537
P - Michaelis-Menten	0,9053	39,4480	40,13553	3,290704	0,994763	0,8780
Q - Michaelis-Menten M.	0,9615	28,7544	32,19638	0,667479	0,997997	0,5122
<b>Média</b>	0,9634	30,2933	31,7281	1,8887	0,9980	0,4878
<b>Desvio-padrão</b>	0,9577	32,6057	33,9265	2,1333	0,9969	0,7012
<b>CV%</b>	0,0236	5,9953	6,0237	1,4054	0,0019	0,2197

De acordo com os resultados das estatísticas descritivas mostradas nas Tabelas 11, 12 e 13, verifica-se que em média, todos os valores obtidos para o grupo DMN (Tabela 11), foram melhores do que os dos outros dois grupos. Os ajustes dos modelos



para este grupo providenciaram maiores valores para a porcentagem de convergência,  $R^2_{aj}$  e  $R^2_p$  e os menores valores para AIC, BIC e MEP. Também observa-se que os valores do grupo DSI (Tabela 13) foram melhores que o do grupo DRL (Tabela 12).

Dessa forma, nota-se que os resultados obtidos para os dados médios (Tabelas 8, 9 e 10) não concordam com aqueles verificados para os dados individuais (Tabelas 11, 12 e 13), e esta diferença talvez possa ser explicada por uma possível suavização das observações de peso ao se trabalhar com suas médias, levando a uma melhor conformação do conjunto de dados DSI como relatado no item 4.2.1. Porém, ao considerar dados individuais, algumas pesagens discrepantes podem ter comprometido os ajustes das curvas para este grupo genético.

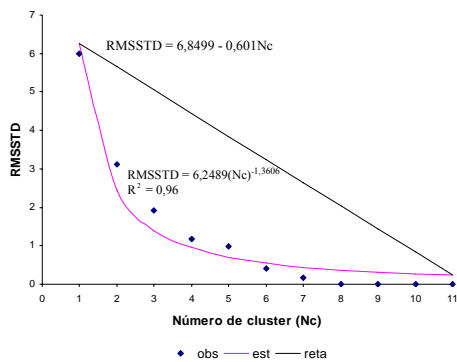
Com respeito aos valores dos coeficientes de variação, verifica-se que estes foram consideravelmente menores nos conjuntos de dados individuais em relação aos dados médios, e possivelmente isto ocorreu porque os valores dos avaliadores de cada modelo já correspondiam a valores médios calculados com a remoção de *outliers*, conforme relatado ao final do item 3.3.

Todas as tabelas de avaliadores da qualidade de ajuste mostradas neste item foram utilizadas como conjuntos de dados multivariados, conforme relatado ao final do item 3.3, para a realização da análise de agrupamento, cujos resultados são apresentados a seguir.

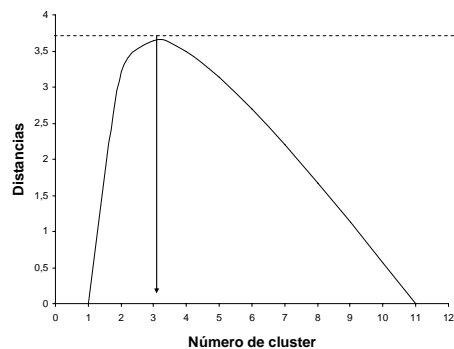
### **4.3. Análise de Agrupamento**

#### **4.3.1. Conjuntos de dados médios**

O número ótimo de *cluster*, estabelecido por meio da análise gráfica do RMSSTD, foi determinado geometricamente por meio do ponto de máxima curvatura de acordo com o item 3.5. As análises gráficas provenientes deste método são apresentadas, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI, pelas Figuras 3, 4 e 5.

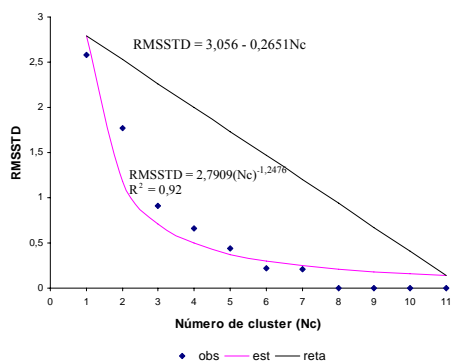


(a)

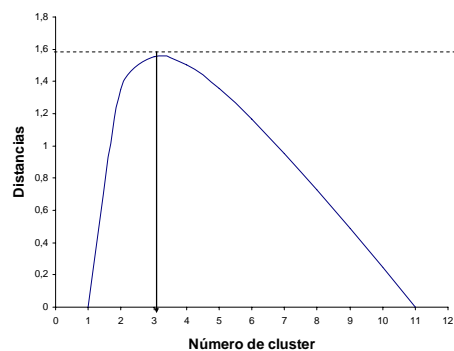


(b)

Figura 3. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados médios do grupo genético DMN.

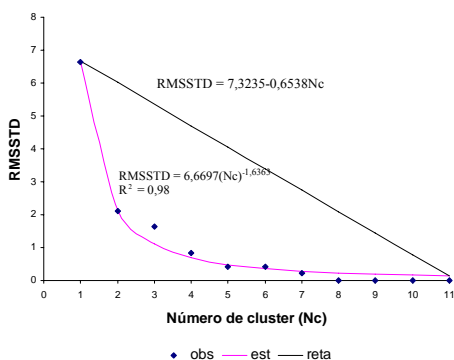


(a)

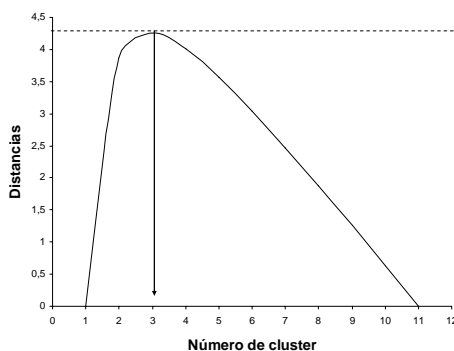


(b)

Figura 4. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados médios do grupo genético DRL.



(a)



(b)

Figura 5. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados médios do grupo genético DSI.

Observa-se nas Figuras 3, 4 e 5, que para todos grupos genéticos avaliados, o número ótimo de cluster encontrado foi três, ou seja, os onze modelos considerados foram condensados em apenas três grupos distintos. Cabe ressaltar que a metodologia usada permitiu indicar este número de forma objetiva, eliminando assim a subjetividade

geralmente observada em estudos com este tipo de análise. Recentemente, vários trabalhos na área de Biometria e Estatística aplicada, vêm utilizando metodologias específicas para identificar este número ótimo, e dentre estes podem-se citar Cecon et al. (2008), Faria (2009) e Maia et al. (2009).

Os grupos formados podem ser visualizados pelos dendrogramas apresentados nas Figuras 6, 7 e 8.

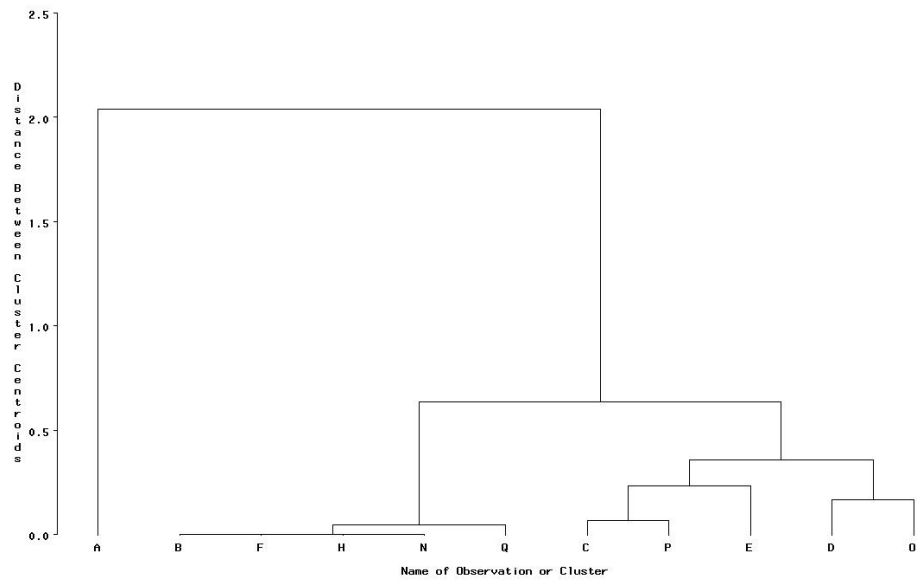


Figura 6. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DMN considerando ajuste médio.

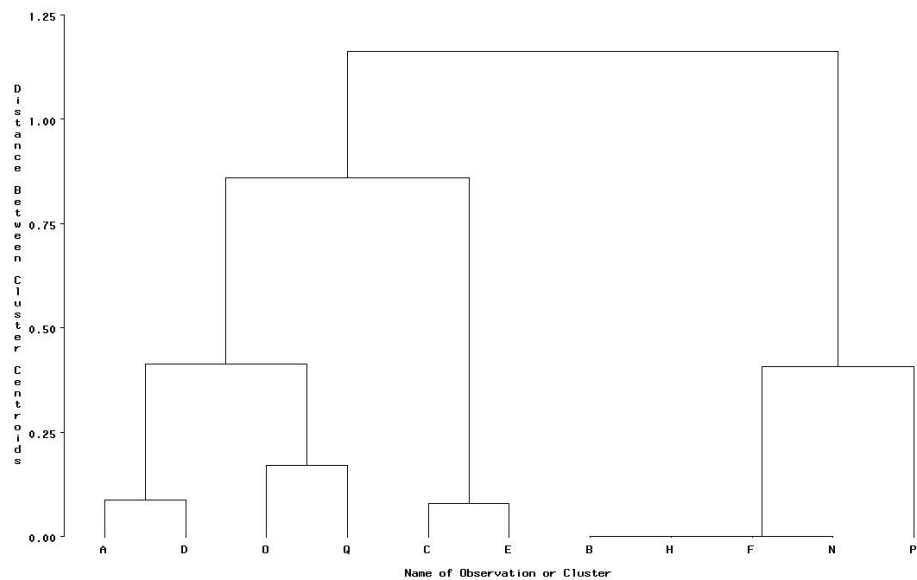


Figura 7. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DRL considerando ajuste médio.

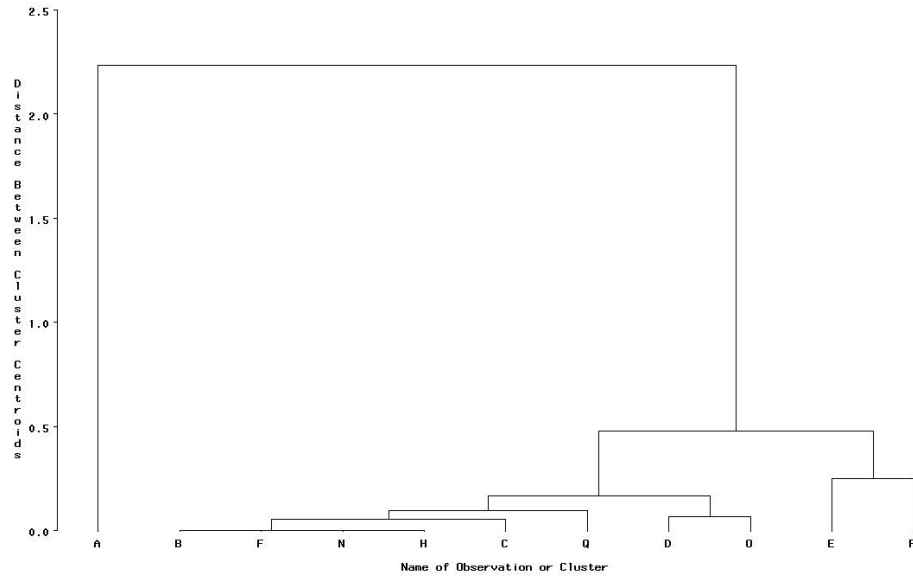


Figura 8. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DSI considerando ajuste médio.

Nas Tabelas 14, 15 e 16 são apresentados os *clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos valores dos avaliadores de qualidade do ajuste. É importante comentar que nestas tabelas as colunas dos *clusters* são apresentadas ordenadamente de acordo com as especificações do item 3.6.

Tabela 14. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DMN considerando ajuste médio.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos {B,H,F,N,Q}</b>	<b>Modelos {C,P,D,O,E}</b>	<b>Modelos {A}</b>
$R^2_{aj}$	0,9941600	0,9891400	0,9503000
AIC	25,2505600	33,8340800	56,6926000
BIC	27,5163206	35,9582306	58,8167506
MEP	0,3528257	0,6737912	4,9633881
$R^2_p$	0,9994481	0,9989460	0,9922361

Tabela 15. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DRL considerando ajuste médio.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos {C,E}</b>	<b>Modelos {A,D,O,Q}</b>	<b>Modelos {B,H,F,N,P}</b>
$R^2_{aj}$	0,9876500	0,9831500	0,9765600
AIC	43,9891000	49,0385000	54,2706400
BIC	46,9053467	51,7464434	56,6036374
MEP	0,8725446	1,1379544	1,3775490
$R^2_p$	0,9988757	0,9985337	0,9982249

Tabela 16. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DSI considerando ajuste médio.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos { F,N,H,B,C,D,O,Q }</b>	<b>Modelos {E,P}</b>	<b>Modelos {A}</b>
$R^2_{aj}$	0,9959500	0,9928000	0,9520000
AIC	21,4597250	28,8005000	56,0056000
BIC	23,5366613	30,3981433	57,9227720
MEP	0,3059382	0,4686260	3,9938765
$R^2_p$	0,9996538	0,9994697	0,9954807

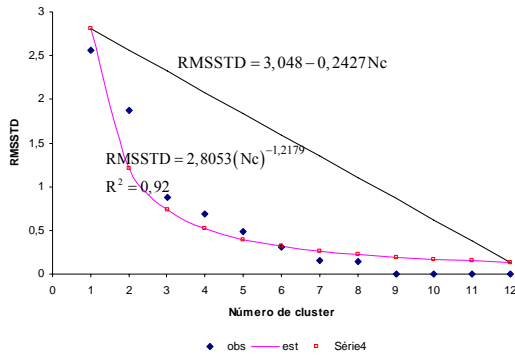
Ao verificar quais modelos são pertencentes aos *clusters* 1 de cada grupo genético, que contêm os melhores modelos nas Tabelas 14, 15 e 16, nota-se que o modelo C (Richards) encontra-se entre os melhores para descrever o crescimento dos grupos DRL e DSI, enquanto que o modelo Q (Michaelis-Menten Modificado) encontra-se entre os melhores para descrever o crescimento dos grupos DMN e DSI. Entretanto, optou-se pelo modelo C devido à maior facilidade de interpretação de seus parâmetros, e também pelo fato de tal modelo ser mais utilizado para descrição de curvas de crescimento de ovinos (LOBO et al., 2006) em relação ao modelo Q. Além disso, a estimativa do parâmetro  $\beta_1$  para o modelo Q não mostrou-se condizente com a realidade, conforme discussão da Tabela 2 no item 4.1.1.

De acordo com a metodologia proposta neste trabalho, ao se considerar dados médios, os melhores modelos para o grupo DMN foram Mitscherlich, Meloun I e II, Brody e Michaelis-Menten Modificado. Enquanto que para o grupo DRL, os classificados como os melhores, foram Richards e Logístico. E para o grupo DSI, foram os mesmos do grupo DMN, incluindo Richards, Gompertz e von Bertalanffy.

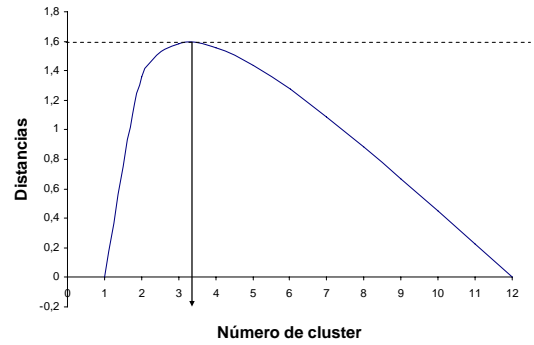
Vale destacar que a opção por um modelo comum, no caso, o de Richards, ocorre apenas para a aplicação do teste de identidade de modelos.

#### 4.3.2. Conjuntos de dados individuais

Assim como realizado para os dados médios, o número ótimo de *cluster* foi determinado geometricamente por meio do ponto de máxima curvatura de acordo com o item 3.5. As análises gráficas provenientes deste método são apresentadas, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI, pelas Figuras 9, 10 e 11.

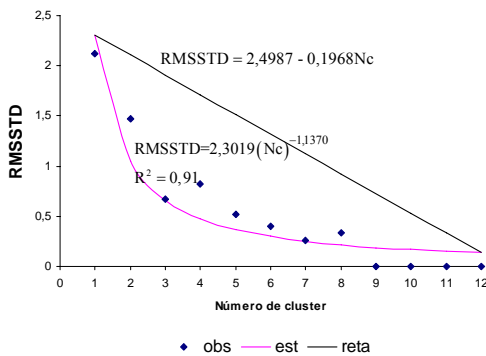


(a)

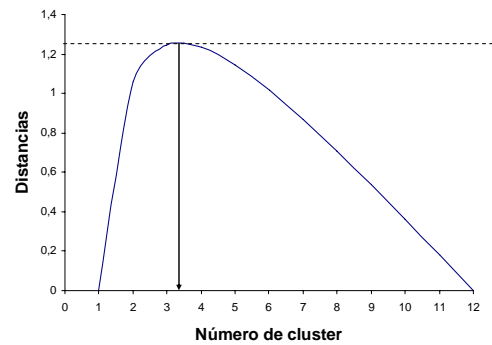


(b)

Figura 9. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados individuais do grupo genético DMN.

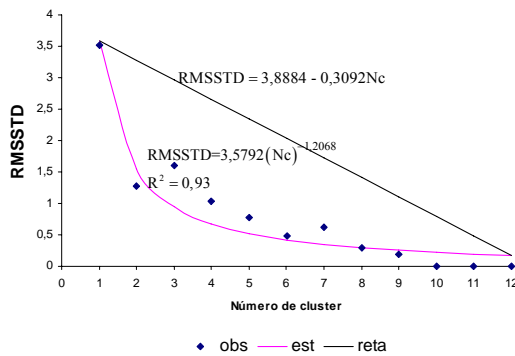


(a)

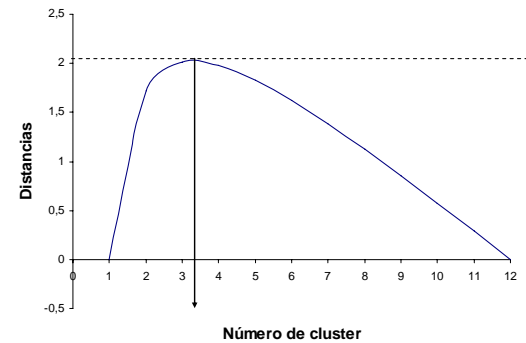


(b)

Figura 10. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados individuais do grupo genético DRL.



(a)



(b)

Figura 11. Determinação gráfica do número ótimo de *cluster* considerando os dados individuais do grupo genético DSI.

Observa-se nas Figuras 9, 10 e 11, que para todos os grupos genéticos avaliados, o número ótimo de *cluster* encontrado ficou entre três e quatro. Optou-se então, por agrupar os doze modelos em quatro grupos distintos. Os grupos formados podem ser visualizados pelos dendrogramas apresentados nas Figuras 12, 13 e 14.

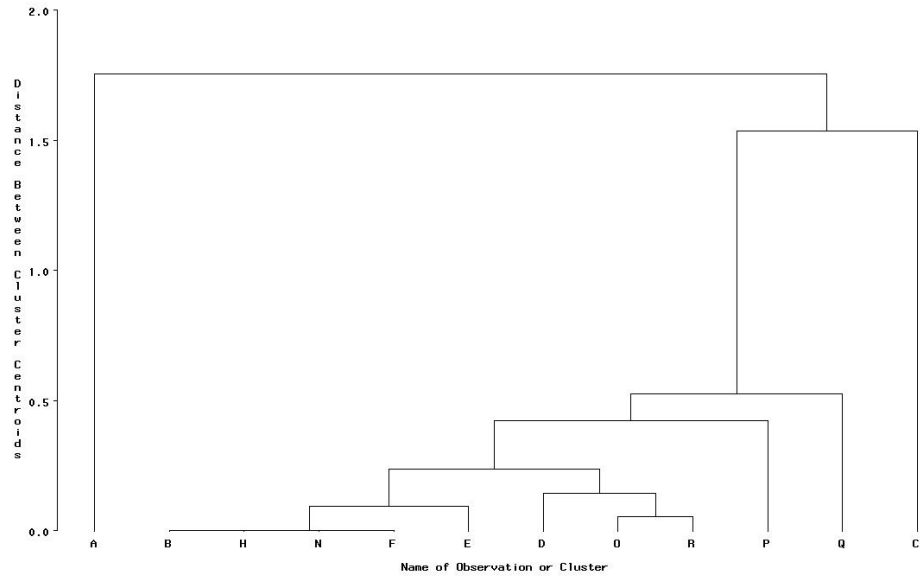


Figura 12. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DMN considerando ajuste individual.

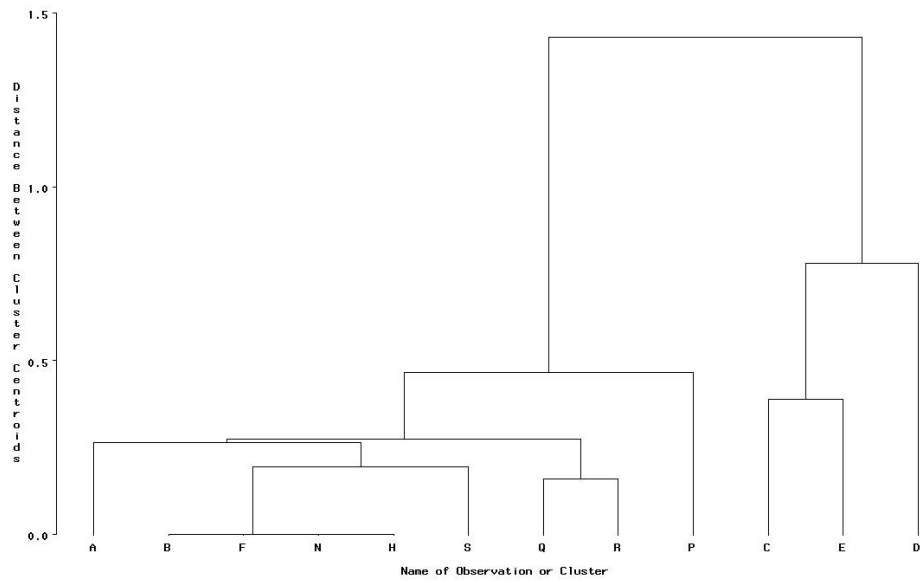


Figura 13. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DRL considerando ajuste individual.

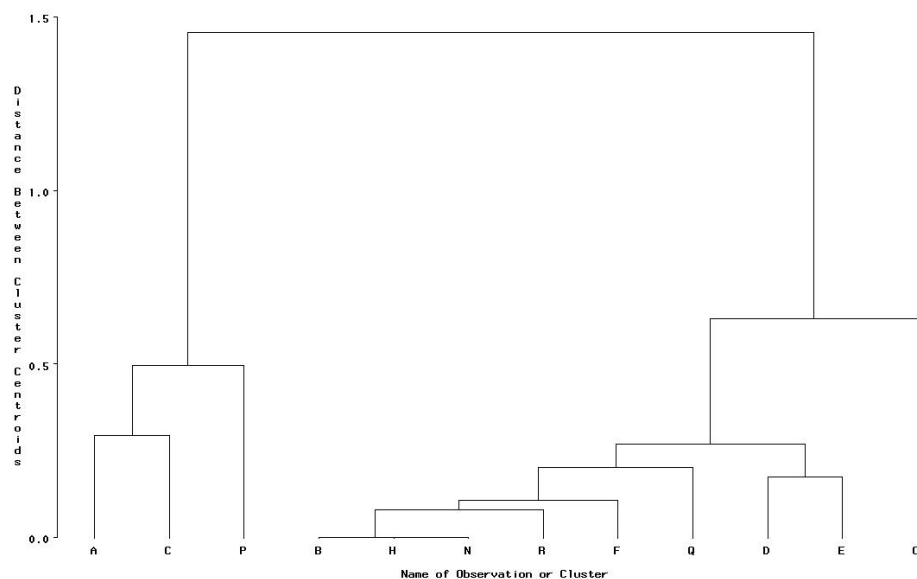


Figura 14. Dendrograma resultante da análise de agrupamento para o grupo DSI considerando ajuste individual.

Nas Tabelas 17, 18 e 19 são apresentados os *clusters*, também ordenados pelos valores mais plausíveis para os avaliadores da qualidade de ajuste, com os seus respectivos modelos e médias de tais avaliadores ao considerar o ajuste individual.

Tabela 17. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DMN considerando ajuste individual.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>	<i>Cluster 4</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>
	{ H,N,B,F,O,R,E,D,P}	{A}	{Q}	{C}
$R^2_{aj}$	0,9679558	0,9536211	0,9712000	0,9686429
AIC	26,7432643	36,4340476	23,4173077	17,0443333
BIC	27,6623640	37,5127754	24,4217272	17,4438688
MEP	0,9451580	2,3941026	0,6868304	0,3920702
$R^2_p$	0,9980098	0,9934621	0,9983720	0,9987439
% Conv.	0,6709402	0,8076923	0,5000000	0,2692308

Tabela 18. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DRL considerando ajuste individual.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>	<i>Cluster 4</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>
	{D}	{O}	{C,E}	{F,N,H,B,P,Q,R,A}
$R^2_{aj}$	0,9634389	0,9614781	0,9693264	0,9495330
AIC	30,6113000	33,1841143	26,5922159	35,4796137
BIC	31,6489212	34,2748758	27,5727747	36,7491817
MEP	1,2800661	1,2150162	1,2951116	1,7005855
$R^2_p$	0,9968227	0,9970889	0,9957464	0,9962172
% Conv.	0,8125000	0,7291667	0,6145833	0,5911458



Tabela 19. *Clusters* com os seus respectivos modelos e médias dos avaliadores para o grupo genético DSI considerando ajuste individual.

	<i>Cluster 1</i>	<i>Cluster 2</i>	<i>Cluster 3</i>	<i>Cluster 4</i>
<b>Avaliador</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>	<b>Modelos</b>
	<b>{O}</b>	<b>{P}</b>	<b>{H,N,B,R,F,D,E,Q}</b>	<b>{A,C}</b>
$R^2_{aj}$	0,9782033	0,9053306	0,9689084	0,9289864
AIC	24,8735355	39,4480229	30,0663852	43,2078605
BIC	25,8071498	40,1355319	31,4677588	44,7164178
MEP	1,0606804	3,2907039	1,5457907	4,4409225
$R^2_p$	0,9977781	0,9947629	0,9977799	0,9941490
% Conv.	0,8536585	0,8780488	0,6737805	0,6463415

Nas Tabelas 17, 18 e 19, para a ordenação dos *clusters*, foi dado maior peso para o percentual de convergência (% Conv), uma vez que este critério é muito importante em estudos de curvas de crescimento individuais para fins de melhoramento genético. Isto porque, se um modelo apresenta qualidade de ajuste muito alta mas percentual de convergência muito baixo, o melhorista terá um número reduzido de animais, caracterizados somente por aqueles na qual a convergência foi verificada, para serem utilizados em programas de seleção para eficiência de crescimento medida pelas estimativas dos parâmetros  $\beta_1$  e  $\beta_3$ .

Para o grupo DMN optou-se pelo *cluster* 1 como sendo aquele que contém os melhores modelos pelo fato do mesmo apresentar valores plausíveis para os avaliadores e também alto percentual de convergência. Para o grupo DRL destacam-se os *clusters* 1 e 2, pois o primeiro apresenta melhores valores para  $R^2_{aj}$ , AIC, BIC, e o segundo para MEP e  $R^2_p$ , porém optou-se pelo *cluster* 1 por este mostrar maior percentual de convergência. Para o grupo DSI também se destacaram os *clusters* 1 e 2, e devido a similaridade observada para a percentual de convergência, optou-se pelo primeiro por este apresentar melhores valores para todos os demais avaliadores.

Após a justificativa da escolha dos *clusters* com os melhores modelos, verificou-se que o modelo O (von Bertalanffy) foi o mais indicado para descrever as curvas de crescimento dos três grupos genéticos, uma vez que está contido nos *clusters* 1 e 4, respectivamente nas Tabelas 17 e 19, e no *cluster* 3, na Tabela 18. Em relação a qualidade deste modelo, Guedes et al. (2004) relata que o mesmo foi o que melhor descreveu curvas de crescimento de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia, e Freitas (2005) relata que o modelo em questão, juntamente com o modelo Logístico, são os mais versáteis dentre os modelos de três parâmetros para descrever curvas de crescimento de espécies domésticas.

De acordo com a metodologia proposta neste trabalho, ao se considerar dados individuais, os melhores modelos para o grupo DMN foram Mitscherlich, Meloun I e II, Brody, von Bertalanffy, Weibull, Logístico, Gompertz e Michaelis-Menten. Enquanto que para o grupo DRL, o modelo classificado como o melhor foi o de Gompertz e para o grupo DSI o modelo von Bertalanffy.

Vale destacar que a opção por um modelo comum, no caso, von Bertalanffy, ocorre apenas para a aplicação do teste de identidade de modelos.

#### 4.4. Identidade de modelos

##### 4.4.1. Conjuntos de dados médios

Como visto no item 4.3.1, para os dados médios o modelo escolhido foi o Richards, dessa forma na Tabela 20 são apresentados os resultados dos testes de razão de verossimilhança, de acordo com a teoria apresentada no item 3.7, relacionados com as comparações entre as curvas estimadas por meio deste modelo para os três grupos genéticos.

Tabela 20. Testes de identidade de modelos tendo em vista os parâmetros do modelo Richards que apresentam interpretação biológica ( $\beta_{1k}$  e  $\beta_{3k}$ )<sup>1</sup>.

Hipóteses	n	SQR <sub>Ω</sub> (Completo)	SQR <sub>ω</sub> (Reduzido)	$\chi^2_{Calculado}$	$\chi^2_{Tabelado}$
$H_0^{(1)} : \beta_{11} = \beta_{12} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(1)}$	46	15,3649	22,5925	17,7348*	$\chi^2_{5\%}(2) = 5,9915$
$H_0^{(1_{DMN \times DRL})} : \beta_{11} = \beta_{12} \text{ vs } H_a^{(1_{DMN \times DRL})}$	32	13,1088	17,7232	9,6509*	$\chi^2_{5\%}(1) = 3,8415$
$H_0^{(1_{DMN \times DSI})} : \beta_{11} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(1_{DMN \times DSI})}$	29	7,2507	7,2579	0,0287	$\chi^2_{5\%}(1) = 3,8415$
$H_0^{(1_{DRL \times DSI})} : \beta_{12} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(1_{DRL \times DSI})}$	31	10,3701	16,9365	15,2068*	
$H_0^{(3)} : \beta_{31} = \beta_{32} = \beta_{33} \text{ vs } H_a^{(3)}$	46	15,3649	20,0642	12,2751*	$\chi^2_{5\%}(2) = 5,9915$
$H_0^{(3_{DMN \times DRL})} : \beta_{31} = \beta_{32} \text{ vs } H_a^{(3_{DMN \times DRL})}$	32	13,1088	17,7885	9,7685*	$\chi^2_{5\%}(1) = 3,8415$
$H_0^{(3_{DMN \times DSI})} : \beta_{31} = \beta_{33} \text{ vs } H_a^{(3_{DMN \times DSI})}$	29	7,2507	8,6619	5,1572*	$\chi^2_{5\%}(1) = 3,8415$
$H_0^{(3_{DRL \times DSI})} : \beta_{32} = \beta_{33} \text{ vs } H_a^{(3_{DRL \times DSI})}$	31	10,3701	12,7749	6,4652*	

1 O índice k corresponde aos três grupos genéticos: k=1(DMN), 2(DRL) e 3(DSI).

\* Significativo ao nível de 5% de probabilidade.

De acordo com os testes mostrados na Tabela 20, nota-se que a estimativa do peso adulto para o grupo DMN ( $\hat{\beta}_{11} = 33,4791$ ), diferiu daquela observada para o grupo DRL ( $\hat{\beta}_{12} = 27,4394$ ), sendo que esta última também diferiu da estimativa obtida para o

grupo DSI ( $\hat{\beta}_{13} = 33,1862$ ). Também observa-se claramente que as estimativas obtidas para os grupos genéticos DMN e DSI mostraram-se estatisticamente iguais. De forma geral, pode-se inferir que os grupos DMN e DSI apresentam pesos adultos maiores que o do grupo DRL.

Em relação aos testes de hipóteses para a taxa de maturidade, os resultados da Tabela 20 informam que houve diferença significativa para todas as comparações efetuadas, e quanto às estimativas, estas foram, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI, de 0,0085, 0,0275 e 0,0123. Assim, pode-se inferir que a maior velocidade de crescimento foi constatada para o grupo DRL, seguido pelo grupo DSI e DMN.

De forma geral, o antagonismo relacionado com fato de grupos que apresentaram maiores valores para o peso adulto também apresentarem menores valores para a taxa de maturidade, pode ser explicado pela correlação negativa entre tais parâmetros, a qual já foi relatada em vários trabalhos. Recentemente, estudando os mesmos grupos genéticos de ovinos, Malhado et al. (2009) encontraram correlações negativas entre as estimativas dos parâmetros  $\beta_1$  e  $\beta_3$ , sendo estas, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI, de -0,58, -0,38 e -0,39. Da mesma forma, Malhado et al. (2008) estimaram uma correlação de -0,44 entre estes parâmetros ao considerar dados de crescimento de ovinos mestiços Santa Inês x Texel. De forma geral, estes valores negativos indicam que os animais mais precoces possuem menor probabilidades de atingirem pesos elevados à idade adulta.

#### **4.4.2. Conjuntos de dados individuais**

Conforme discutido no item 4.3.2, para os dados individuais, o modelo escolhido foi o von Bertalanffy, portanto na Tabela 21 são mostrados os resultados referentes aos testes de identidade de modelo (item 3.6), relacionados com as comparações entre as curvas estimadas por meio deste modelo para os três grupos genéticos considerados.

Antes de discutir os resultados da Tabela 21, vale ressaltar que Regazzi e Silva (2004) recomendam testar a heterogeneidade de variâncias entre os grupos para que a metodologia de identidade de modelos seja válida para situação envolvendo repetições, que neste caso são os animais dentro de cada grupo. Sendo assim, o teste de F máximo produziu como resultado o valor  $F=25,7135/16,3824=1,5696$ , o qual sugere a homogeneidade de variâncias entre os três grupos genéticos estudados.

Tabela 21. Testes de identidade de modelos tendo em vista os parâmetros do modelo von Bertalanffy que apresentam interpretação biológica ( $\beta_{1k}$  e  $\beta_{3k}$ )<sup>1</sup>.

Hipóteses	n	SQR $_{\Omega}$ (Completo)	SQR $_{\omega}$ (Reduzido)	$\chi^2_{\text{Calculado}}$	$\chi^2_{\text{Tabelado}}$
$H_0^{(1)} : \beta_{11} = \beta_{12} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(1)}$	987	19300,4	19407,6	5,4669	$\chi^2_{5\%}(2) = 5,9915$
$H_0^{(DMN \times DRL)} : \beta_{11} = \beta_{12} \text{ vs } H_a^{(DMN \times DRL)}$	608	9632,1	9637,9	0,3659	
$H_0^{(DMN \times DSI)} : \beta_{11} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(DMN \times DSI)}$	599	12993,2	12999,7	0,2999	$\chi^2_{5\%}(1) = 3,8415$
$H_0^{(DRL \times DSI)} : \beta_{12} = \beta_{13} \text{ vs } H_a^{(DRL \times DSI)}$	767	15975,5	16082,0	5,0962*	
$H_0^{(3)} : \beta_{31} = \beta_{32} = \beta_{33} \text{ vs } H_a^{(3)}$	987	19300,4	19338,6	1,9515	$\chi^2_{5\%}(2) = 5,9915$

1 O índice k corresponde aos três grupos genéticos: k=1(DMN), 2(DRL) e 3(DSI).

\* Significativo ao nível de 5% de probabilidade.

Tendo em vista os resultados dos testes apresentados na Tabela 21, observa-se que a estimativa do peso adulto para o grupo DSI ( $\hat{\beta}_{11} = 33,2351$ ) diferiu-se daquela observada para o grupo DRL ( $\hat{\beta}_{12} = 29,2451$ ), porém não mostrou-se estatisticamente diferente daquela observada para o grupo DMN ( $\hat{\beta}_{11} = 31,0107$ ). Cabe comentar que para a hipótese que envolveu os três grupos,  $H_0^{(1)}$ , embora não se tenha constatada a significância ao nível de 5% de probabilidade, os valores das estatísticas  $\chi^2_{\text{calculado}}$  e  $\chi^2_{\text{Tabelado}}$  foram muito próximos, portanto assumiu-se a rejeição da hipótese em questão, fato este que culminou nas diferenças significativas apresentadas.

Em relação ao peso adulto, os resultados observados concordam com aqueles obtidos por Carneiro et al. (2007), os quais estudaram curvas de crescimento individuais destes mesmos grupos por meio do modelo Logístico e também observaram maior peso adulto para o DSI, precedido do DMN e do DRL, cujas estimativas foram respectivamente 28,6809, 27,1443 e 26,0857.

Quanto ao teste da hipótese  $H_0^{(3)}$ , relacionada com a taxa de maturidade, nota-se que a mesma não apresenta indícios de ser rejeitada, fato este que nos permite inferir que os três grupos genéticos estudados não diferem em relação a este parâmetro, cujas estimativas foram 0,0090, 0,0113 e 0,0119, respectivamente para os grupos DMN, DRL e DSI. Diante do explícito, não se justifica apresentar os testes de hipóteses referentes às comparações duas a duas como realizado para o parâmetro peso adulto.

De forma geral, os resultados apresentados e discutidos nos itens 4.4.1 e 4.4.2, nos permitem concluir sob o ponto de vista zootécnico, que o grupo genético DSI é o

mais indicado para se explorar a produção de carne tendo em vista as condições experimentais do presente estudo. Tal conclusão está fundamentada no fato deste grupo ter apresentado o maior peso adulto ao se considerar os dados individuais, e peso adulto praticamente igual ao grupo DMN, e ambos superiores ao apresentado pelo DRL, ao se considerar os dados médios. A maior importância do peso em relação à taxa de maturidade é porque na atual ovinocultura de corte do Nordeste brasileiro ainda não se tem incentivo para o abate de animais precoces, aqueles com maior taxa de maturidade, os quais embora sejam menores, apresentam melhor qualidade de carne. Em resumo, no atual sistema de produção preconiza-se a quantidade de carne, e não a sua qualidade.

## 5. CONCLUSÕES

A metodologia proposta no presente trabalho mostrou-se adequada para classificar modelos não-lineares tendo em vista a escolha de um único e melhor modelo para descrever o crescimento dos três grupos genéticos estudados.

Os modelos Richards e von Bertalanffy foram, respectivamente, os que apresentaram os melhores ajustes para os conjuntos de dados médios e individuais, e de acordo com testes de identidade de modelos, o grupo genético DSI foi o que apresentou maior peso adulto, sendo este, portanto, o mais recomendado para exploração de carne.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transaction on Automatic Control**, v.19, p.716-723, 1974.

ANDRADE, V.C.L.de.; SCOLFORO, J.R.S. Identidade e acurácia de equações volumétricas obtidas por meio de geometria analítica. In: 48ª RBRAS (Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria) e 10º SEAGRO (Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica), 2003, Lavras- MG. Anais da 48ª RBRAS e 10º SEAGRO. Lavras-MG: UFLA, 2003.

ARAÚJO, M.N.M.de. **Análise de sobrevivência do tomateiro a *Phytophthora infestans***. 2008. 53f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2008.

BARROS, N.N., VASCONCELOS, V.R., WANDER, A.E., ARAÚJO, M.R.A. Eficiência bioeconômica de cordeiros F1 Dorper×Santa Inês para produção de carne. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, 825–831, 2005.

BATTISTI, I. D. E. **Comparação entre modelos de regressão com uma aplicação em biometria florestal**. 2001. 85p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2001.

BATES, D.M.; WATTS, D.G. Nonlinear regression analysis and its applications. New York: John Wiley and Sons, 1988.

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.

BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection. **Sociological methods & research**, v.33, n.2, p.261-304, Nov. 2004.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; SOUZA JÚNIOR, A.A.O.; SILVA, A.G.S.; SANTOS, F.N.; SANTOS, P.F.; PAIVA, S.R. Desenvolvimento ponderal e diversidade fenotípica entre cruzamentos de ovinos Dorper com raças locais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.7, p.991-998, 2007.

CECON, P.R.; SILVA, F.F.; FERREIRA, A.; FERRÃO, R.G.; CARNEIRO, A.P.S.; DETMANN, E.; FARIA, P.N.; MORAIS, T.S.da.S. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café 'Conilon'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.9, p.1171-1176, set. 2008.

CHROBOK, V.; MELOUN, M.; SIMÁKOVÁ, E. Descriptive growth model of the height of stapes in the fetus: a histopathological study of the temporal bone. **Eur Arch Otorhinolaryngol**, 261, p.25-29, 2004.

COSTA, R.D.L. **Avaliação do peso e do retorno ao estro em ovelhas e do desempenho ponderal de cordeiros, em ovinos da raça Santa Inês, de acordo com o manejo de amamentação**. Dissertação (Mestrado). 89 f. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2003.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed.- Viçosa: UFV, 480p. 2004. vol 1

EDWARDS, A.W.F.; CAVALLI-SFORZA, L.L. 1965. Analysis of human evolution. pp. 923–933 in *Genetics Today. Proceedings of the XI International Congress of Genetics, The Hague, The Netherlands, September, 1963*, volume 3, ed. S. J. Geerts, Pergamon Press, Oxford.



FARIA, P.N. **Avaliação de métodos para determinação do número ótimo de clusters em estudo de divergência genética entre acessos de pimenta.** 2009. 54f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2009.

FERREIRA, D.F. *Estatística Multivariada.* 1.ed. – Lavras: Ed. UFLA, 662p. 2008.

FIORINI, C.V.A. **Introgressão de genes de resistência à requeima de *Solanum habrochaites* em *Solanum lycopersicon*,** 2008. Tese (Doutorado em Fitotecnia - Produção Vegetal) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2008.

FITZHUGH Jr., H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shapes. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.42, n.4, p.1036-1051, Apr.1976.

FREITAS, A.R.de. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.

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.

GUEDES, M.H.P.; MUNIZ, J.A.; PEREZ, J.R.O.; SILVA, F.F; AQUINO, L.H. de; SANTOS, C.L. dos. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia considerando heterogeneidade de variâncias. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.28, n.2, p.381-388, mar./abr. 2004.

IBGE. **Produção da pecuária municipal rebanho bovino brasileiro: efetivo de rebanhos 2006.** Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 23 jan. 2008.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. Applied Multivariate Statistical Analysis. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 642p. 1992.

LARSON, R.; HOSTETLER, R.; EDWARDS, B. **Cálculo com aplicações**. 5.ed. Rio de Janeiro: LTC, 1998.

LOBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; LOBO, A.M.B.O.; PASSOS, J.R.de.S.; OLIVEIRA, A.A.de. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006 (supl.).

LOPEZ, S.; FRANCE, J.; GERRITS, W.J.; DHANOA, M.S.; HUMPHRIES, D.J.; DIJKSTRA, J. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. **Journal of Animal Science**, v.78, p.1816-1828, 2000.

MACHADO, E.J.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. Análise da curva de crescimento por meio da equação de Michaelis-Menten. In: 11 Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica (SEAGRO) e 50a. Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS), 2005, Londrina. Anais do 11 Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica (SEAGRO) e 50a. Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS). Londrina : UEL, 2005.

MAIA, E.; SIQUEIRA, D.L.de.; SILVA, F.F.; PETERNELLI, L.A.; SALOMAO, L.C.C. Método de comparação de modelos de regressão não-lineares em bananeiras. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.5, p.1380-1386, ago, 2009.

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.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S; SANTOS, P.F.; AZEVEDO, D.M.M.R.; SOUZA, J.C.de; AFFONSO, P.R.M. Curva de crescimento em ovinos mestiços Santa Inês x Texel criados no Sudoeste do Estado da Bahia. **Rev. Bras. Saúde Prod. An.**, v.9, n.2, p. 210-218, abr/jun, 2008.

McMANUS, C.; EVANGELISTA, C.; FERNANDES, L.A.C.; MIRANDA, R.M.; MORENO-BERNAL, F.E.; SANTOS, N.R. Curvas de Crescimento de Ovinos Bergamácia Criados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.5, p.1207-1212, 2003.

MELOUN, M.; MILITKÝ, J. Sbíрка úloh, Statistické zpracování experimentálních dat. Pardubice: Universita Pardubice. 1996.

MENDES, P.N.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F.; MAZZINI, A.R.de.A. Modelo logístico difásico no estudo do crescimento de fêmeas da raça Hereford. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.7, p.1984-1990, out, 2008.

MICHAELIS, L.; MENTEN, M.L. Die kinetik der invertinwirkung. **Biochemische Zeitschrift**, v.49, 334-336, (1913).

MITSCHERLICH, E.A. Das Gesetz des Pflanzenwachstums. *Landwirtsch Jahrb* 53: 167-182. 1919.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, London, v.20, p.359-363, 1977.

MORAIS, O.R. O melhoramento genético dos ovinos no Brasil: situação atual e perspectivas para o futuro. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...**Belo Horizonte: FEPMVZ, 266-272, 2000.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N.; SILVA, A.N.; EVANGELISTA, S.R.M. Curvas de crescimento de gado Nelore ajustadas para diferentes frequências de pesagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.22, n 9:10, p. 1027-1037, 1987.

OLIVEIRA, H.N.de; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1843-1851, set.2000.

PEROTTO, D.; CUE, R.I.; LEE, A.J. Comparison of nonlinear functions for describing the growth curve of three genotypes of dairy cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v.72, n.4, p.773-782, Dec. 1992.

RAO, C.R. **An advanced statistical method in biometric research**. New York, Ed. John Wiley e Sons, p.390, 1952.

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

REGAZZI, A.J. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. *Revista Ceres*, v.50, n.287, p.9-26, 2003.

REGAZZI, A.J.; SILVA, C.H.O. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. I. Dados no delineamento inteiramente casualizado. **Revista Matemática e Estatística**, São Paulo, v.22, n.3, p.33-45, 2004.

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

RODRIGUES, A.; SILVA, F. F.; LOBATO Jr, D.; CARNEIRO, A.P.S. Avaliação da não-linearidade de modelos de crescimento via curvatura de Bates & Watts: aplicação em cordeiros da raça Bergamácia. In: 52 RBRAS E 12 SEAGRO, 2007, Santa Maria. Anais da 52 RBRAS E 12 SEAGRO. Santa Maria: UFSM, 2007.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.

SCHNUTE, J. A versatile growth model with statistically stable parameters. *Can J Fish Aquat Sci* 38: 1128-1140. 1981.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SHARMA, S. **Applied multivariate techniques**. New York: John Wiley, 493p., 1996.

SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I.G. 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, set./out. 2001.

SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I.G. Estimativas de parâmetros genéticos de curva de crescimento de gado Nelore (*Bos indicus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, Edição Especial, p.1562-1567, dez., 2002.

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.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F. F.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PETERNELLI, L.A.; SOUZA Jr, A.A.O. Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte. In: 54ª RBRAS (Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria) e 13º SEAGRO (Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica), 2009, São Carlos-SP. Anais da 54ª RBRAS e 13º SEAGRO. São Carlos-SP: UFScar, 2009.

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

SOUSA, W. H.; LEITE, P. R. M. **Ovinos de corte: a raça Dorper**. João Pessoa: EMEPA-PB, 76 p, 2000.

TOPAL, M.; OZDEMIR, M.; AKSAKAL, V.; YILDIZ, N.; DOGRU, U. Determination of the best nonlinear function in order to estimate growth in Morkaraman and Awassi lambs. **Small Ruminant Research**, v.55, p.229–232, 2004.

VARGAS, B. Modeling Extended Lactations of Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**. v.83, n.06, p. 1371-1380, 2000.

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

WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, v.58, p.236-244, mar., 1963.

ZAPATA, J.F.F.; SEABRA, L.M.J.; NOGUEIRA, C.M.; BEZERRA, L.C.; BESERRA, F.J. Características de carcaça de pequenos ruminantes do nordeste do Brasil. **Ciência Animal**, v.11(2), p.79-86, 2001.

## APÊNDICE

Rotinas utilizadas no software SAS<sup>®</sup> considerando o ajuste do modelo von Bertalanffy aos dados individuais de peso-idade do grupo genético DMN.

```
data teste;
  input animal peso idade control;
datalines;
2003 3.5 0 1
2003 5.4 16.0 2
. . . .
. . . .
. . . .
5046 17.6 104 5
5046 18.8 120 6
;
proc sort; by animal;run;

/* ajuste do modelo*/

proc model data=uni dw maxiter=200;
  y=b1*(1-b2*exp(-b3*x))**3;by animal;
parms b1=30 b2= 0.5 b3= 0.02 ;
fit y / outest=est_o;
run;

/* verificação da convergência */

data est_o;set est_o;
if _status_ ne "0 converged" or b1 > 100 then delete;run;
proc sort data=est_o;by animal;run;

/* cálculo do MEP e do R2p */

proc means max data=teste;by animal;
  var control;
output out=saida_max max=maximo;run;
data saida_max1;set saida_max; keep animal maximo;run;

data testel1; set teste;by animal;
  if control ne 1; do control=1;output;end;run;
.
.
.
data testel17; set teste;by animal;
  if control ne 17; do control=17;output;end;run;

data teste_all;merge testel1 teste2 ... testel17; by control; run;
proc sort data=teste_all;by animal;run;

data unil1;merge saida_max teste_all;by animal;
  if control > maximo then delete;run;

data unil1;set unil1;drop _freq_ maximo _type_;
proc sort data=unil1;by animal control;run;
```

```

data uni2; merge uni1 (in=s1) est_o (in=s2); if s1 & s2;by animal;
proc sort data=uni2; by control animal;run;

proc model data=uni2 dw maxiter=200;
  y=b1*(1-b2*exp(-b3*x))**3;by control animal;
parms b1=30 b2= 0.5 b3= 0.02 ;
fit y / outest=novo_o fiml;
run;
proc sort data=novo_o;by animal control;run;

data uni3; merge teste (in=s1) est_o (in=s2); if s1 & s2;
by animal;run;

data est_o2;merge novo_o (in=s1) uni3 (in=s2) ;if s1 & s2; by animal;
y_new=b1*(1-b2*exp(-b3*x))**3;
dif2=((y-y_new)**2);
y2=y**2;
run;

proc means sum data=est_o2;
var dif2 ;by animal;
output out=saida_dif2 sum=soma_dif2;run;

proc means sum data=est_o2;
var y2;by animal;
output out=saida_y2 sum=soma_y2;run;

proc means mean data=est_o2;
var y;by animal;
output out=saida_y mean=y_bar;run;

data fim_o;merge saida_dif2 saida_y2 saida_y;by animal;
mep_o=soma_dif2/_freq_;
r2p_o=1-((_freq_*mep_o)/(soma_y2 + (_freq_*(y_bar**2))));run;

data fim_o;set fim_o;keep animal mep_o r2p_o;
proc print data=fim_o;
run;

/*OBS.: os demais avaliadores são obtidos diretamente do proc model*/

```

---

```

/* análise de cluster*/

```

```

data teste;
  input modelo $ r2aj aic bic mep r2p converg;
  datalines;
a 0.953621053 36.43404762 37.51277541 2.394102636 0.993462075 0.807692308
b 0.969241667 26.91838462 27.84757775 0.790984831 0.998537561 0.5
c 0.968642857 17.04433333 17.44386881 0.392070157 0.998743893 0.269230769
d 0.974347826 26.10071667 27.04101122 0.994654387 0.997518391 0.923076923
e 0.973154167 27.334984 28.29585557 1.068449983 0.997553753 0.961538462
f 0.969241667 26.91836923 27.84756237 0.783901275 0.998594673 0.5
h 0.969241667 26.91838462 27.84757775 0.791039157 0.998537549 0.5
n 0.969241667 26.91836923 27.84756237 0.791028927 0.998537528 0.5
o 0.974215 25.11042857 26.06239877 0.805360244 0.998531735 0.807692308
p 0.93988 29.21127 29.75984375 1.757599089 0.996179435 0.807692308
q 0.9712 23.41730769 24.42172724 0.686830361 0.998372044 0.5
r 0.973038462 25.25847143 26.41188636 0.723404415 0.998097858 0.538461538
run;
proc print;run;

```



```

/* identificação do número clusters */

proc cluster data=teste method=centroid rmsstd out=saida1;
  id modelo;
  var r2aj aic bic mep r2p converg;run;

data saida2; set saida1;keep _ncl_ _rmsstd_;
proc sort;by _ncl_;run;

proc gplot data=saida2;
plot _rmsstd_*_ncl_;run;

proc nlin data=saida2 method=dud;
parms a= 3 b= 1.25;
model _rmsstd_ = a* _ncl_ **(-b);
output out=saida3 predicted=yp;run;

/* visualização dos clusters */

proc tree data=saida1 nclusters=4 out=saida4;
copy r2aj aic bic mep r2p converg; run;
proc sort data=saida4; by cluster;run;

data media; set saida4; proc sort;by cluster;run;
proc means mean data=media;
var r2aj aic bic mep r2p converg;;by cluster;run;

```

---

```

/* identidade de modelos */

data teste;
input animal y x trat $;
i_dmn=(trat='dmn');i_drl=(trat='drl');i_dsi=(trat='dsi');
datalines;
1 3.5 0 dmn
1 5.4 16 dmn
. . . .
2 19.2 115 dmn
. . . .
1 4 0 drl
1 8 17 drl
. . . .
2 15.6 168 drl
. . . .
1 16.2 49 dsi
1 17.6 59 dsi
. . . .
2 15 120 dsi
;
proc print;run;

```

```

/* modelo completo*/

proc model data=teste maxiter=200;
  y=i_dmn*(b11*(1-b21*exp(-b31*x))**3) +
    i_drl*(b12*(1-b22*exp(-b32*x))**3) +
    i_dsi*(b13*(1-b23*exp(-b33*x))**3);
parms b11=30 b21=0.5 b31=0.02 b12=30 b22=0.5 b32=0.02 b13=30 b23=0.5
      b33=0.02;
fit y ; run;

/*****b1*****/

/* modelo reduzido - b1*/

proc model data=teste maxiter=200;
  y=i_dmn*(b1*(1-b21*exp(-b31*x))**3) +
    i_drl*(b1*(1-b22*exp(-b32*x))**3) +
    i_dsi*(b1*(1-b23*exp(-b33*x))**3);
parms b1=30 b21= 0.5 b31= 0.02 b22=0.5 b32=0.02 b23=0.5 b33=0.02;
fit y ;run;

/*****b3*****/

/* modelo reduzido - b3*/

proc model data=teste maxiter=200;
  y=i_dmn*(b11*(1-b21*exp(-b3*x))**3) + i_drl*(b12*(1-b22*exp(-
b3*x))**3) + i_dsi*(b13*(1-b23*exp(-b3*x))**3);
parms b11=30 b21= 0.5 b3= 0.02 b12=30 b22= 0.5 b13=30 b23= 0.5 ;
fit y ;
*weight invar;
run;

/*****comparando b1 2 a 2*****/

/* comparando dmn x drl*/

data dmnxdrl; set teste; if trat ne "dsi";*proc print;run;

/* modelo completo*/

proc model data=dmnxdrl maxiter=200;
  y=i_dmn*(b11*(1-b21*exp(-b31*x))**3) +
    i_drl*(b12*(1-b22*exp(-b32*x))**3) ;
parms b11=30 b21= 0.5 b31= 0.02 b12=30 b22= 0.5 b32= 0.02 ;
fit y ;run;

/* modelo reduzido*/

proc model data=dmnxdrl maxiter=200;
  y=i_dmn*(b1*(1-b21*exp(-b31*x))**3) +
    i_drl*(b1*(1-b22*exp(-b32*x))**3) ;
parms b1=30 b21= 0.5 b31= 0.02 b22= 0.5 b32= 0.02 ;
fit y ;run;

```