

CURVA DE CRESCIMENTO PARA CODORNAS DE CORTE EM UM ESQUEMA HIERARQUICO BAYESIANO¹

ARIANE GONÇALVES GOTUZZO¹; MIRIAM PILES²; JERUSA MARTINS GERMANO³; RAQUEL PILLON DELLA-FLORA⁴; NELSON JOSÉ LAURINO DIONELLO⁵

¹Universidade Federal de Pelotas – arianegotuzzo@gmail.com

²Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias – miriam.piles@irta.cat

³Universidade Federal de Pelotas – jerusa-mg@hotmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – quelpillon@yahoo.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – dionello@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

Os modelos não-lineares possuem parâmetros de interpretação biológica e tem sido amplamente utilizados para ajustar relações tamanho-idade (BRACCINI et al., 1996). Para aves os modelos de três parâmetros mais comumente utilizados são Gompertz, von Bertalanffy e Logístico (BRACCINI et al., 1996; AKBAS & OGUZ, 1998). Segundo FORNI (2007) o interesse nos modelos é devido ao fato de resumirem a informação de um conjunto de dados de crescimento em poucos parâmetros, isso facilita a comparação de aspectos gerais do desenvolvimento dos animais. As estimativas dos componentes genéticos dos parâmetros das curvas de crescimento possibilitam identificar animais apropriados aos objetivos de seleção nos programas de melhoramento genético (MOTA et al., 2013), por isso a grande importância da escolha do modelo adequado para descrever o crescimento.

VARONA et al. (1997) propôs um método alternativo ao tradicional, a metodologia hierárquica bayesiana que permite calcular conjuntamente os parâmetros da curva, seus componentes de (co)variância e efeitos genéticos e ambientais que atuaram sobre a curva, aumentando a acurácia das estimativas já que informações dos pais e animais sob os mesmos efeitos sistemáticos podem ser utilizados, assim animais com poucas informações não precisam ser eliminados da análise como ocorre na metodologia tradicional.

No método tradicional consiste em dois passos, no primeiro os parâmetros são estimados para cada animal individualmente e, em um segundo passo, os efeitos genéticos e ambientais que atuam sobre estes parâmetros são preditos. Assim, o erro de ajuste do primeiro passo não é considerado na estimação dos componentes de (co)variâncias e na predição dos valores genéticos (FORNI et al., 2009).

Os objetivos deste trabalho foram ajustar aos dados de peso-idade de codornas de corte três diferentes modelos (Gompertz, von Bertalanffy e Logístico) em um esquema hierárquico bayesiano e posteriormente definir o que melhor descreveu o crescimento utilizando os critérios de qualidade de ajuste.

2. METODOLOGIA

A análise dos dados foi realizada no Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA) na Espanha, os dados utilizados foram obtidos a partir de

¹ Trabalho desenvolvido durante o Doutorado Sanduíche da primeira autora no IRTA – Espanha, com apoio da Capes.

15 gerações de uma linhagem de codornas de corte selecionada para maior peso corporal entre 2007 e 2014. As aves pertenciam ao Programa de melhoramento de codornas de corte do Departamento de Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas. As codornas eram pesadas ao nascimento, sete, 14, 21, 28, 35 e 42 dias. A cada geração eram selecionadas entre 120 e 130 fêmeas mais pesadas e em postura e 60 a 70 machos mais pesados como progenitores, no momento do nascimento as aves eram identificadas com anilhas numeradas.

O modelo hierárquico bayesiano proposto por VARONA et al. (1997) foi utilizado para estimar os parâmetros das curvas de crescimento, foram ajustados os modelos não-lineares de Gompertz, von Bertalanffy e Logístico.

A qualidade de ajuste dos modelos foi verificadas por dois critérios globais, o quadrado médio do resíduo (QMR) e o “Deviance information criterion” (DIC), menores valores para estes critérios indicam um melhor ajuste, para mais detalhes consulte FORNI et al. (2009), e o método proposto por BLASCO et al. (2003) utilizando a função de comparação de GELFAND et al. (1992), onde ao mesmo tempo que ocorre o processo de amostragem dos parâmetros, uma cadeia comparando os valores observados (Y_r) e preditos (y_r) é gerada e $g = 1$ se $Y_r < y_r$ ou $g = 0$ se $Y_r \geq y_r$. A esperança apresenta a probabilidade dos valores preditos serem maiores ou menores que os observados, no modelo de melhor ajuste o valor de $E(g|y_r)$ será próximo a 0.5, o método utiliza Cadeias de Monte Carlo Markov (MCMC).

As funções não-lineares aplicadas ao primeiro estágio foram: Brody (BRODY, 1945), $Y = A(1 - Be^{-kt}) + \varepsilon$; Gompertz (LAIRD, 1965), $Y = Ae^{-be^{-kt}} + \varepsilon$; Von Bertalanffy (VON BERTALANFFY, 1957), $Y = A(1 - Be^{-kt})^3 + \varepsilon$; e Logístico (NELDER, 1961), $Y = A(1 - Be^{-kt})^{-1} + \varepsilon$, em que Y é o peso corporal na idade t ; A , o peso assintótico quando t tende a mais infinito, ou seja, este parâmetro é interpretado como peso à idade adulta, b , uma constante de integração, relacionada aos pesos iniciais da ave e sem interpretação biológica bem definida. O valor de b é estabelecido pelos valores iniciais de Y e t ; k é interpretado como a taxa de maturação, que deve ser entendida como a mudança de peso em relação ao peso à maturidade, ou seja, como indicador da velocidade com que o animal se aproxima do seu tamanho adulto e o ε é o erro aleatório associado a cada pesagem. No segundo estágio um modelo animal foi empregado descrevendo os efeitos genéticos (sexo e geração) e ambientais nos parâmetros das funções de crescimento. Em estatística bayesiana é necessário uma informação a priori que é dada pelo conhecimento prévio, foi utilizada uma priori flat que garante todas as propriedades de distribuição.

Na análise estatística o número de ciclos de cadeias de Monte Carlo Markov foi de 100.000, o intervalo amostral de 10. Após análise visual de convergência foram descartadas as primeiras 1.000 amostras como burn-in (fase de aquecimento), então foi utilizado o teste de Raftery que indicou o burn-in suficiente e maior que o mínimo requerido, posteriormente o teste de Geweke indicou que a convergência foi alcançada, ambos estão presentes no pacote Boa do software R.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A tabela 1 apresenta os valores encontrados para os parâmetros dos A , b e k nos três modelos. O modelo logístico subestimou o valor de A , enquanto que o

modelos von Bertalanffy superestimou considerando valores biologicamente aceitáveis para esta população de codornas de corte. Outros autores (DRUMOND et al., 2013; NARINC et al., 2010; AKBAS & OGUZ, 1998) encontraram a mesma relação para os parâmetros em codornas, isto é, valores de A maiores em von Bertalanffy>Gompertz>Logístico e para b e k maiores valores em Logístico>Gompertz>von Bertalanffy.

Tabela 1. Valores de A, b e k para as curvas estudadas e seus respectivos desvios padrão (DP) e erros de Monte Carlo (MCse).

Curvas de crescimento	Parâmetro	Média	DP	MCse
Gompertz (cte)	A	361.318	61.140	5.417
	b	3.859	0.217	0.0254
	k	0.0727	0.0114	0.000968
Logistic (cte)	A	309.890	41.290	3.394
	b	17.337	1.831	0.222
	k	0.133	0.0129	0.00113
von Bertalanffy (cte)	A	450.476	88.117	10.652
	b	0.756	0.0214	0.00237
	k	0.0442	0.00768	0.000985

A tabela 2 apresenta os valores para os dois testes globais de qualidade de ajuste e a função de comparação de Gelfand. Segundo os testes de qualidade de ajuste, os melhores valores em dois dos três testes, DIC e E(gly_r), foram para a curva Gompertz, seguida de von Bertalanffy e Logístico.

Tabela 2. Valores de qualidade de ajuste dos modelos empregados.

Funções de crescimento	DIC	QMR	E(gly _r)
Logístico	356754,10	1,74	0,457
Gompertz	342496,00	1,99	0,495
von Bertalanffy	386464,70	0,53	0,494

Os testes globais sofrem efeitos de escala, sendo muito mais influenciados pelo ajuste na parte final da curva (pesos adultos) onde a variância residual é maior, causando prejuízo na comparação de qualidade de ajustes das curvas que mesmo com um péssimo ajuste da parte inicial acabam representando ter um bom ajuste. Em DRUMOND et al. (2013) os autores recomendaram Gompertz para machos e Logístico para fêmeas, NARINC et al. (2010) concordaram com os resultados desta pesquisa após testarem 11 diferentes modelos. AKBAS & OGUS (1998) testando os mesmos modelos que neste estudo também consideraram a Gompertz a curva mais adequada.

4. CONCLUSÕES

A curva estudada que melhor ajusta os dados de peso-idade de codornas de corte é a Gompertz, a metodologia proposta demonstrou resultados satisfatórios que garantem maior acurácia que a metodologia tradicionalmente utilizada, principalmente pela utilização dos dados de todos os indivíduos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKBAS, Y. & OGUZ, I. Growth curve parameters of lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four-week body weight. **Arch. Geflu**, v.62, p.104-109, 1998.

BLASCO, A.; PILES, M.; VARONA, L. A. Bayesian analysis of the effect os selection for growth rate on growth curves in rabbits. **Genetic, Selection and Evolution**, v.35, p. 21-41, 2003.

BRACCINI, J.N.; DIONELLO, N.J.L.; SILVEIRA JR., P. et al. Análise de curvas de crescimento de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.6, p.1062- 1073, 1996.

BRODY,S. **Bioenergetics and growth**. New York: Reinhold Publish. Corp., 1945.

DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C. et al. Curvas de crescimento para codornas de corte, **Ciência Rural**, v. 48, n.10, p. 1872-1877, 2013.

FORNI, S. **Análise da curva de crescimento de bovinos da raça Nelore utilizando funções não lineares em análises bayesianas**. 2007. 75f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, SP.

FORNI,S.; PILES,M; BLASCO,A. et al. Comparison of different nonlinear functions to describe Nelore cattle growth. **Journal Animal Science**, v.87, p.496-506, 2009.

GELFAND, A.; DEY, D. K.; CHANG, H. Model determination using predictive distributions with implementation via sampling-based methods (with discussion). In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F. (Eds.) **Bayesian Statistics 4**. Oxford: Oxford University Press, 1992. p. 147 – 167.

LAIRD, A. K. Dynamics of relative growth. **Growth**, v. 29, p. 249-263, 1965.

MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; ALCANTARA, D.C. et al. Modelos não lineares para descrever a curva de crescimento de diferentes grupos genéticos de codornas de corte. In: **X SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL**, Uberaba, MG, 2013, Anais... Uberaba, 2013.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, M.Z. et al. Comparison of non-linear growth model to describe the growth in japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v. 9, n. 14, p. 1961-1966, 2010.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **Biometrics**, v.17, p. 89-110, 1961.

VARONA, L.; C. MORENO, C; GARCIA-CORTES, L.A. et al. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, v.47, p. 201-209, 1997.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws in metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v. 32, p. 217-230, 1957.