

Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal

Mathematic models applied to describe growth curves in poultry applied to animal breeding

Patricia Tholon^I Sandra Aidar de Queiroz^{II}

-REVISÃO BIBLIOGRÁFICA -

RESUMO

A utilização de funções matemáticas para descrever o crescimento animal é antiga. Elas permitem resumir informações em alguns pontos estratégicos do desenvolvimento ponderal e descrever a evolução do peso em função da idade do animal. Também é possível comparar taxas de crescimento de diferentes indivíduos em estados fisiológicos equivalentes. Os modelos de curvas de crescimento mais utilizados na avicultura são os derivados da função Richards, pois apresentam parâmetros que possibilitam interpretação biológica e portanto podem fornecer subsídios para seleção de uma determinada forma da curva de crescimento em aves. Também pode-se utilizar polinômios segmentados para descrever as mudanças de tendência da curva de crescimento animal. Entretanto, existem importantes fatores de variação para os parâmetros das curvas, como a espécie, o sistema de criação, o sexo e suas interações. A adequação dos modelos pode ser verificada pelos valores do coeficiente de determinação (R^2), do quadrado médio do resíduo ($QM\ res$), do erro de predição médio (EPm), da facilidade de convergência dos dados e pela possibilidade de interpretação biológica dos parâmetros. Estudos envolvendo modelagem e descrição da curva de crescimento e seus componentes são amplamente discutidos na literatura. Porém, programas de seleção que visem a progressos genéticos para a forma da curva não são mencionados. A importância da avaliação dos parâmetros dos modelos de curvas de crescimento é ainda mais relevante já que os maiores ganhos genéticos para peso estão relacionados com seleção para pesos em idades próximas ao ponto de inflexão. A seleção para precocidade pode ser auxiliada com base nos parâmetros do modelo associados à variáveis que descrevem esta característica genética dos animais. Esses parâmetros estão relacionados a importantes características produtivas e reprodutivas e apresentam magnitudes diferentes, de acordo com a espécie, o sexo e o modelo utilizados na avaliação. Outra metodologia utilizada são os modelos de regressão aleatória, permitindo mudanças graduais nas covariâncias entre idades ao longo

do tempo e predizendo variâncias e covariâncias em pontos contidos ao longo da trajetória estudada. A utilização de modelos de regressões aleatórias traz como vantagem a separação da variação da curva de crescimento fenotípica em seus diferentes efeitos genético aditivo e de ambiente permanente individual, mediante a determinação dos coeficientes de regressão aleatórios para esses diferentes efeitos. Além disto, não há necessidade de utilizar fatores de ajuste para a idade. Esta revisão teve por objetivos levantar os principais modelos matemáticos frequentistas utilizados no estudo de curvas de crescimento de aves, com maior ênfase nos empregados com a finalidade de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos.

Palavras-chave: avicultura, modelos estatísticos para crescimento, parâmetros do crescimento, taxa de crescimento.

ABSTRACT

The use of mathematical models to describe animal growth is not recent. They are able to summarize information on strategic dots of animal growth development and to describe the evolution of weight according to the animal age. It is also possible to compare different individuals in similar physiologic stages. The growth models most commonly used in poultry breeding are derived from Richards function, and they present parameters that provide biological interpretation and knowledge to select a specific shape of growth curve in poultry. However, it is also possible to use segmented polynomials to describe trend changes during the animal growth. One needs to consider important variables affecting the growth curve parameters estimates, such as, production system, specie, sex and their interactions. Model Goodness-of-fit can be based on many criteria such as coefficient of determination (R^2), residual mean squared error, (LSe), estimated predicted mean error (PME), the easiness the analysis to reach convergence and the possibility of biological interpretation of parameters. Studies involving modeling and description of growth curve and their

^IDepartamento de Ciências Animais, Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), 59625-900, Mossoró, RN, Brasil.

^{II}Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista (UNESP), 14884-900, Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: saquei@fcav.unesp.br. Autor para correspondência.

components are described in literature, but, there is no selection programs applied to the growth curve shape. The importance of determining the parameters of growth curve models is more relevant when considering that most of the genetic gains for growth traits are related to selection, on weights near to the inflexion point. Often, selection to fast growth is important in all breeding programs, and could be based on genetic parameters of the growth curve parameters. These parameters are related to important productive and reproductive traits, and present different values, according to specie, sex and models used in evaluation. Alternatively, other methodology used is random regression models, allowing graduation changes in (co) variances between ages during the time and predicting (co)variances during the studied trajectory. The use of random regression models has the advantage to allow the partition of phenotypic growth curve (co)variance in its different genetic additive and the permanent environment effects, using random regression coefficients for each different effect. This review aimed at summarizing the main frequentists mathematical models used in the studies of growth curves in birds, emphasizing those applied to estimate genetic and phenotypic parameters.

Key words: growth parameters, growth models, growth rate, poultry.

INTRODUÇÃO

Em produção animal, é comum o uso de modelos para a descrição matemática de fenômenos biológicos, como o crescimento. Assim, variáveis quantitativas são tomadas para representar fatores que influenciam o fenômeno (RONDON et al., 2002). De maneira simplificada, pode-se classificar os modelos usados nas curvas de crescimento em algumas categorias. Uma delas classifica-os em estáticos ou dinâmicos. Modelos estáticos descrevem o fenômeno em determinado momento ou instante, enquanto que nos dinâmicos os parâmetros podem variar no tempo (SAMPAIO, 2002).

Outra classificação seria em modelos empíricos ou mecanísticos. Um modelo é dito empírico quando os dados são obtidos ignorando-se os passos intermediários que ocasionaram a resposta final, sendo esta atribuída diretamente ao tratamento correspondente. Nos modelos mecanísticos, os dados são obtidos com o conhecimento de como foram gerados (SAMPAIO, 2002).

Outra forma de classificação dos modelos seria em determinísticos ou estocásticos. Modelos determinísticos são aqueles que possuem uma única resposta. Nestes, nenhuma distribuição de probabilidade é assumida, podendo-se, teoricamente, prever os resultados a partir do momento em que os valores das variáveis forem definidos. Já nos estocásticos, também chamados probabilísticos, as possíveis respostas dependem de uma distribuição de probabilidade, sendo a distribuição normal a mais empregada nos modelos utilizados na pesquisa avícola.

Quanto à resolução matemática, os modelos podem ser classificados em lineares ou não lineares. Assim, um modelo é considerado linear quando todos os parâmetros estão dispostos linearmente, mesmo quando existirem termos elevados ao quadrado, ao cubo, etc. Os modelos lineares, na maioria das vezes, apresentam apenas uma solução para cada um dos parâmetros, obtida por meio da matriz de informação do sistema que contém somente elementos numéricos. Em alguns casos, faz-se necessária a reparametrização do modelo ou a colocação de alguma restrição na matriz de incidência para a obtenção de uma solução única. A solução de mínimos quadrados ordinários $\hat{\beta} = \{\hat{a}, \hat{b}, \hat{c}\}'$ para o modelo linear $Y_i = a + bX_i + cZ_i + \varepsilon_i$, $i = 1, 2, \dots, n$ matricialmente, $Y = X\beta + \varepsilon$, será $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$

$$\text{em que, } Y = \begin{pmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ \dots \\ Y_n \end{pmatrix}; X = \begin{pmatrix} 1 & X_1 & Z_1 \\ 1 & X_2 & Z_2 \\ \dots & \dots & \dots \\ 1 & X_n & Z_n \end{pmatrix}; \beta = \begin{pmatrix} a \\ b \\ c \end{pmatrix}; \varepsilon = \begin{pmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \dots \\ \varepsilon_n \end{pmatrix}$$

Para modelos não lineares, a matriz de informação contém entre seus elementos, todos ou alguns parâmetros, que serão estimados, sendo a solução do problema dependente da substituição dos parâmetros por prováveis valores. Nesse sistema, por processos iterativos, busca-se um valor mínimo para a soma de quadrados do erro ou resíduo, apontando a solução, teoricamente, ideal.

O modelo $f(a, b, c, X_n)$ não linear em c possui algumas alternativas de ajuste, como, por exemplo, minimizar $\sum_i [Y_i - f(a, b, c, X_n)]^2$ ou $\sum_i W_i [Y_i - X_i f(a, b, c, X_n)]^2$ em que W_i são fatores de ponderação.

Assim, para o modelo $Y_n = a + [bX_n / (1 + cX_n)] + \varepsilon_n$, a solução será:

$$\begin{bmatrix} a \\ b \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} n \sum X(1+cX)^{-1} & -b \sum X(1+cX)^{-2} \\ \sum X^2(1+cX)^{-2} & -b \sum X^3(1+cX)^{-3} \\ & -b^2 \sum X^4(1+cX)^{-2} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \sum Y \\ -b \sum YX(1+cX)^{-1} \\ -b \sum YX(1+cX)^{-2} \end{bmatrix}$$

Essa última notação é a mais comumente utilizada no ajuste de modelos não lineares aplicados ao melhoramento genético animal.

O processo iterativo de estimação depende, fundamentalmente, de valores de estimativas preliminares (valores iniciais ou "priors"), uma vez que exercem influência não só na velocidade da convergência, mas também na própria convergência.

Para verificar se o modelo $f = f(X, \beta)$ é não linear para o parâmetro β , basta verificar se a derivada $\frac{\partial}{\partial \beta} f$ depende – elimina ou não – o β . Quanto à estimação dos parâmetros, em geral, os modelos lineares apresentam uma solução numérica (maximização ou minimização) usual, enquanto que os modelos não lineares requerem uma solução numérica

por métodos iterativos. Há ainda a questão dos modelos lineares que requerem restrições paramétricas para obtenção de soluções únicas, o que está relacionado com a existência de inversa comum (posto coluna completo) ou generalizada (posto incompleto) para as matrizes de incidência ou do delineamento.

A estimação dos parâmetros é feita, geralmente, pelo método de Gauss-Newton – Direct numerical (MAZUCHELI & ACHCAR, 2002; OGLIARI, 2005), também conhecido como método da linearização. Esse método aplica uma aproximação por uma expansão da série de Taylor para aproximar o modelo de regressão não linear aos termos lineares e, então, estima os parâmetros por quadrados mínimos ordinários. O processo iterativo desses passos, geralmente, conduz a uma solução para o problema de regressão não linear.

A aplicação do método de Gauss-Newton principia pela atribuição de valores iniciais aos parâmetros denotados por $\gamma_0, \gamma_1, \dots, \gamma_{p-1}$. Esses valores iniciais podem ser obtidos de estudos anteriores, conhecimentos teóricos ou ainda métodos aplicáveis a situações peculiares, como o proposto por SILVEIRA Jr. et al. (1992), que propuseram em uma análise preliminar de diferenças que conduziu à eliminação de um ou mais parâmetros e a um modelo linearizável por transformação logarítmica. Estimativas de quadrados mínimos, obtidas por regressão linear simples, foram então tomadas como valores preliminares.

Um modelo de regressão não linear pode ser considerado “intrinsecamente linear” ou linearizável se puder ser reduzido a um modelo linear por uma reparametrização adequada. Na prática, um modelo é linearizado para facilitar as estimativas de seus parâmetros. Entretanto, essa transformação pode acarretar alteração na estrutura e distribuição do erro, tornando inválidas as pressuposições usuais de normalidade, independência e homogeneidade de variâncias, criando estimativas viesadas (MAZUCHELI & ACHCAR, 2002). O viés do modelo indica falhas sistemáticas para prever os valores.

Em modelos de regressão lineares, os estimadores de quadrados mínimos são não viesados, normalmente distribuídos, e possuem a mínima variância possível entre quaisquer estimadores (DRAPER & SMITH, 1980). Já no caso de modelos não lineares, essas propriedades somente são válidas quando o tamanho da amostra é suficientemente grande, pois utilizando-se grande número de medidas diminui-se a importância relativa de informações extremas (BRISBIN et al., 1986).

As curvas de crescimento podem ser classificadas como modelos dinâmicos, empíricos e determinísticos, ou seja, para uma determinada idade (t) é obtida apenas uma resposta, representada pelo peso médio esperado de uma linhagem para a idade (t). Entretanto, adicionando-se um fator aleatório de variação, obtém-se um modelo estocástico, permitindo a estimação dos parâmetros de dispersão, os quais medem a variabilidade dos indivíduos que compõem a população.

O estudo da curva de crescimento de cada animal, por meio de modelos estocásticos, tem se mostrado bastante útil, principalmente nas pesquisas em melhoramento genético animal. Com esses modelos, é possível avaliar melhor a população, podendo-se planejar mudanças desejáveis na forma da curva de crescimento dos animais, por meio de manejo e seleção, possibilitando a otimização das estratégias de alimentação (GOUS, 1998). De acordo com GOUS et al. (1999), o ajuste de um modelo adequado à curva de crescimento dos animais é o primeiro passo para a predição de requerimentos nutricionais dos diferentes genótipos, possibilitando a inserção destes em programas de melhoramento genético. Esta determinação é feita utilizando softwares estatísticos como por exemplo o programa SAS® (SAS, 1998).

O conhecimento da curva de crescimento possibilita a adoção de práticas de manejo que otimizem a produção de carne, priorizando as necessidades nutricionais de cada fase de crescimento. Também podem ser empregadas para prever a idade ótima ao abate, em função da taxa máxima de crescimento (BRACCINI NETO, 1993). Com a modelagem do crescimento, os nutricionistas podem prever de maneira dinâmica as exigências em aminoácidos, proteína e energia de acordo com a taxa de crescimento das aves no momento da formulação (HRUBY et al., 1994).

Outra importância da curva de crescimento é dar suporte ao processo de seleção, bem como acompanhar o progresso genético. Pode-se, desta maneira, comparar animais, considerando-se efeitos não controlados em grupos de manejo como, por exemplo, o sexo.

Segundo FREITAS (2005), a possibilidade de interpretação biológica dos parâmetros, é um importante critério na avaliação dos modelos de curva de crescimento. Assim, as curvas de crescimento permitem resumir em três ou quatro parâmetros as características de crescimento da população (peso inicial, taxa de crescimento e peso adulto); avaliar o perfil de respostas de tratamentos ao longo do tempo; estudar as interações das respostas das subpopulações

ou tratamentos com o tempo; detectar, em uma população, animais mais pesados em idades mais precoces, e, obter a variância entre e dentro de indivíduos nas avaliações genéticas.

Alguns fatores são importantes fontes de variação na determinação dos parâmetros das curvas de crescimento, sendo estes relacionados com o tamanho, os hábitos, o sexo e a forma de seleção das espécies (MIGNON-GRASTEAU & BEAUMONT, 2000).

Curvas de crescimento em aves

A velocidade de crescimento de um animal depende da espécie a que pertence, sendo que animais de pequeno porte apresentam crescimento mais rápido que os de grande porte. As espécies nidícolas apresentam velocidade de crescimento inicial elevada, e período de crescimento curto e, portanto, velocidade de maturação elevada. Em aves aquáticas, como os patos, o crescimento é rápido e favorece o acúmulo de gordura, fundamental para o isolamento do contato com a água, aves migratórias devem desenvolver com prioridade as plumas e penas, relacionadas ao aparelho locomotor. Desta forma, o modo de vida influencia no crescimento relativo dos diferentes componentes do corpo (MIGNON-GRASTEAU & BEAUMONT, 2000).

Segundo BARBATO & VASILATOS-YOUNKEN (1991), o crescimento é influenciado numa proporção de 5 a 10% pelos efeitos relacionados ao sexo do animal. Nas espécies em que a fêmea é mais leve do que o macho, como a galinha, a velocidade de crescimento inicial, o ponto de inflexão e o peso assintótico, apresentam valores menores, enquanto que a velocidade de maturação apresenta valor mais elevado. O inverso é observado em espécies em que a fêmea é maior do que o macho. Estas diferenças de precocidade entre os sexos são igualmente observadas no crescimento dos diferentes tecidos.

A curva de crescimento pode ser igualmente modificada de acordo com os critérios de seleção aos quais as aves foram submetidas, particularmente se a seleção foi feita a uma determinada idade padronizada, como, por exemplo, a idade ao abate. A seleção realizada sobre o peso em idades precoces tem aumentado simultaneamente o peso, a velocidade de crescimento inicial e a taxa de maturação (BARBATO, 1992). Ainda, segundo ANTONY et al. (1991) e MIGNON-GRASTEAU et al. (1999), a diferença é bem marcante entre animais selecionados para linhagens leves e pesadas.

Nos processos genéticos de avaliação e seleção, na avicultura tradicional, uma das características mais importantes é a taxa de crescimento.

Nas primeiras semanas, o pinto de corte cresce muito rapidamente, podendo atingir picos de crescimento de até 20% ao dia (MICHELAN FILHO & SOUZA, 2001). Estudos envolvendo modelagem e descrição da curva de crescimento e seus componentes são discutidos na literatura. Entretanto, programas de seleção que visem a progressos genéticos para a forma da curva não são mencionados.

O desenvolvimento dos animais é, geralmente, representado por curvas de crescimento ajustadas por polinômios descritos por funções logarítmicas e pode ser dividido em três fases: a primeira, log positiva, a segunda, log negativa, e a terceira, estacionária. As duas primeiras definem o crescimento exponencial, sendo crescente e decrescente, respectivamente. Alguns desses modelos são amplamente utilizados na descrição do crescimento em aves, como Gompertz, Logístico, von Bertalanffy e Brody, derivados da curva Richards, cuja diferença consiste na variação do parâmetro de inflexão (m). Esse parâmetro determina a posição de inflexão da curva e reflete o grau da curvatura sigmóide e também estabelece a proporção do peso assintótico atingido no ponto de inflexão (BRACCINI NETO, 1993; MIGNON-GRASTEAU & BEAUMONT, 2000).

O modelo de curva de crescimento Richards é representada pela seguinte equação: $Y_t = A(1 \pm b \exp^{-kt})^{1/(1-m)}$, em que Y_t é o peso corporal a idade t , A é o valor assintótico, b é o parâmetro escala, k é o índice de maturidade e m é o parâmetro de inflexão, que determina a forma da função.

O valor assintótico ou peso assintótico é interpretado como peso adulto do animal, peso final ou peso máximo teórico. O parâmetro escala ou constante de integração não possui interpretação biológica. Sua função consiste em modelar a sigmóide a partir de valores iniciais de peso ao nascimento até a idade adulta. O índice de maturidade é a taxa na qual uma função logarítmica do peso muda linearmente por unidade do tempo. Pode ser, biologicamente, interpretado como taxa de crescimento ou velocidade de ganho, representando a declividade da curva de crescimento (BRACCINI NETO, 1993).

O modelo Gompertz foi originalmente desenvolvido para descrever a taxa de mortalidade numa população, e o parâmetro de inflexão (m) tende a 1 nessa equação. Esse modelo tem sido empregado na obtenção de parâmetros da curva de crescimento de aves e no estudo das “tendências” e exigências nutricionais durante o crescimento (FREITAS et al., 1984; ANTHONY et al., 1991; BRACCINI NETO, 1993; STILBORN et al., 1994; HRUBY et al., 1994; MARUYAMA et al., 1999).

Outras aplicações foram descritas por MIGNON-GASTEAU et al. (1999) e MIGNON-GASTEAU & BEAUMONT (2000), mostrando que os parâmetros da curva Gompertz, utilizada no ajuste do peso de galinhas, eram herdáveis e que os genes que controlam esses parâmetros eram parcialmente diferentes entre os sexos. GEHARDT-HENRICH & MARKS (1993) também demonstraram essa possibilidade em codornas japonesas (*Coturnix coturnix japonica*). Segundo BARBATO (1992), é indicado o mínimo de 12 pesagens por indivíduo, realizadas semanalmente, para serem obtidas boas estimativas dos parâmetros.

O modelo Brody apresenta o parâmetro de inflexão igual a zero ($m=0$). Esse modelo foi utilizado por BRACCINI NETO (1993), obtendo excelente ajuste na curva de crescimento de aves de postura.

O modelo von Bertalanffy apresenta o parâmetro de inflexão igual a $2/3$ ($m=2/3$). A utilização desse modelo no ajuste da curva de crescimento de aves também apresentou bons resultados (FREITAS et al., 1984; BRACCINI NETO, 1993 e MARUYAMA et al., 1999).

No modelo Logístico, o parâmetro de inflexão é igual a 2 ($m=2$). Esse modelo também foi utilizado no ajuste de curvas de crescimento de aves por FREITAS et al. (1984), GROSSMAN & KOOPS (1988), BRACCINI NETO, (1993) e MARUYAMA et al. (1999) e THOLON (2006), apresentando ajustes satisfatórios.

Uma outra abordagem, proposta por SCHENKEL (1989), no estudo de curvas de crescimento, seria a utilização de polinômios segmentados. A utilização dessa técnica traz a vantagem de facilitar a interpretação biológica de curvas descritas por polinômios de graus elevados.

Segundo RICE (1969), funções que expressam relações biológicas podem apresentar curvas cujo comportamento em determinadas regiões pode ser completamente independente. Esse autor definiu polinômios segmentados ou funções *splines* como “segmentos de polinômios de grau P , conectados em pontos denominados “nós” ou pontos de junção, de forma a terem derivadas contínuas de grau $P-1$ ”, sendo os “nós” os pontos onde a curva assume outro comportamento.

O modelo quadrático-quadrático-quadrático foi utilizado por THOLON e QUEIROZ (2007) e apresentou excelente ajuste de curvas de crescimento em perdzes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. A importância na determinação dos parâmetros dos modelos de curvas de crescimento é ainda mais relevante quando se considera que os maiores ganhos genéticos para peso estão relacionados com seleção

para pesos em idades próximas ao ponto de inflexão (ANTONY et al., 1991; KNIZETOVA et al., 1991a; BARBATO, 1992).

Os programas de melhoramento genético apresentam vários critérios de seleção para que o objetivo de seleção possa ser atingido. Invariavelmente, a seleção para precocidade de crescimento é importante em todos os programas e esta pode ser baseada nos parâmetros genéticos dos parâmetros das curvas de crescimento dos animais. Estes parâmetros estão relacionados a importantes características produtivas e reprodutivas, e apresentam magnitudes diferentes, de acordo com a espécie, o sexo e o modelo utilizados na avaliação.

Avaliação genética do crescimento

Segundo LEDUR et al. (1992), análises genéticas de características economicamente importantes em aves têm sido utilizadas para monitorar a variabilidade genética de linhagens em frangos de corte, sendo imprescindíveis as estimativas dos parâmetros genéticos no estabelecimento de programas de seleção. Segundo esses autores, o peso corporal é uma das características mais utilizadas na avaliação do desempenho de linhagens comerciais de aves para corte. As estimativas de herdabilidade em idades específicas são necessárias para a determinação da melhor época para se efetuar a seleção, visando a maximizar o potencial de ganho genético da população para essa característica.

Os efeitos genéticos aditivos são importantes na determinação da variabilidade do peso corporal, explicando cerca de 30% da variação total (LEDUR et al., 1992). Contudo, a variação genética não aditiva também constitui fator importante na determinação dessa característica (KHAN, 1972).

Vários estudos têm mostrado que características ligadas ao crescimento possuem valores de herdabilidade variando de média a elevada magnitude. Dessa forma, a seleção baseada nestas características tem contribuído para o aumento da produção de carne e a melhora na composição da carcaça. (LEDUR et al., 1992, JEGO et al., 1995, LE BIHAN-DUVAL et al., 2001).

Estimativas de herdabilidade para peso corporal em frangos de corte aos 21 dias de idade estão ao redor de 0,35 (LEENSTRA, 1988), enquanto que para peso aos 28 dias as estimativas variaram de 0,19 a 0,99 (MOYER et al., 1962). Aos 35 dias de idade, as estimativas de herdabilidade variaram de 0,63 até valores próximos de 1,0 (PYM & NICHOLLS, 1979). Estimativas para peso aos 42 e 56 dias de idade também variaram bastante, desde 0,13 até 0,94, conforme MOYER et al. (1962).

BARBATO (1992) verificou que o peso ao nascer em frangos de corte foi influenciado pelo efeito materno, expresso por meio da grande dependência existente entre o peso do pinto e o peso do ovo. Isso também foi constatado por THOLON et al. (2001) os quais, ao estimarem as correlações entre o peso ao nascimento do perdigoto e o peso e as medidas dos ovos de perdizes, verificaram correlação entre peso do ovo e peso ao nascimento igual a 0,78, concluindo que ovos mais pesados e mais compridos originaram perdigotos mais pesados ao nascimento.

Utilizando o método da máxima verossimilhança restrita (REML), HAGGER (1994) obteve estimativas de herdabilidade de 0,29 e 0,75, respectivamente, para produção de ovos e peso do ovo para linhagens de poedeiras de ovos castanhos.

Variáveis medidas ao longo do tempo podem ser analisadas por modelos multivariados, utilizando idades distintas como variáveis diferentes. A utilização de técnicas multivariadas, em análises conjuntas dos pesos em idades-padrão, fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades. Porém, nenhuma inferência pode ser realizada a respeito dos pesos das idades intermediárias. Além disso, impõe uma classificação descontínua a um conjunto de dados que tem uma base contínua, que é a idade (SAKAGUTI et al., 2003).

Em análises univariadas, a pressuposição básica é que medidas simples surgem de uma simples unidade (unidade experimental). Em análises multivariadas, várias características são medidas para cada experimento, admitindo-se que exista estrutura de correlação entre elas. Quando a mesma característica é medida sequencialmente durante um período de tempo, estas podem ser chamadas de medidas repetidas e merecem um tratamento estatístico diferenciado (van der WERF, 2001), pois medidas repetidas de um mesmo animal são geralmente mais correlacionadas do que medidas de animais diferentes. Assim, modelar corretamente estrutura de variâncias de medidas repetidas é importante para que se obtenha a inferência adequada para cada informação. Desconsiderar a correlação entre as medidas tomadas de um mesmo animal dentro de um intervalo de tempo pode trazer prejuízo na estimação de herdabilidades e, conseqüentemente, valores genéticos dos animais. Tal situação é amplamente discutida na literatura para a espécie bovina, em que são comparados métodos de avaliação genética utilizando análise multivariada e regressões aleatórias. Semelhante tendência foi observada no estudo de THOLON & QUEIROZ (2008) sobre a perdiz sul-americana (*Rhynchofus rufescens*), em que dada a inexistência do apoio da estrutura de

covariância da pesagem posterior, o último peso apresentou valores inflacionados para os componentes de variância.

Funções que descrevem mudanças durante um período de tempo podem explicar as mudanças ocorridas na característica, naquele período. Um exemplo dessas funções em melhoramento genético são as curvas de crescimento. Esse tipo de característica tem sido estudada mediante o emprego de funções de covariâncias, dentre as quais os modelos de regressão aleatória têm merecido maior atenção dos melhoristas nos últimos anos.

Funções de covariância são uma forma de modelar variâncias e covariâncias no decorrer do tempo e podem ser descritas como regressões aleatórias em que as covariáveis são expressões padronizadas do tempo variando de -1 a $+1$ (SCHAEFFER, 2002). Esses modelos permitem mudanças graduais nas covariâncias entre idades ao longo do tempo e predizem as variâncias e covariâncias em pontos contidos ao longo da trajetória estudada, mesmo que poucas observações tenham sido feitas para esses pontos específicos, utilizando informações de outras idades (van der WERF, 2001).

Segundo MEYER (2002), os modelos de regressão aleatória para dados longitudinais em lugar de avaliações pontuais (em cada idade) trazem como vantagem a separação da variação da curva de crescimento fenotípica em seus diferentes efeitos genéticos aditivos, de ambiente permanente individual e materno e de ambiente temporário, por meio da determinação dos coeficientes de regressão aleatórios para esses diferentes efeitos.

Os modelos de regressão aleatória levam em consideração a forma da curva da característica que está sendo analisada e permitem o ajuste de curvas aleatórias para cada indivíduo expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos (SCHAEFFER, 1996). Pode-se, então, utilizar polinômios ou outras funções lineares para modelar a média populacional (regressões fixas) e para cada indivíduo (regressões aleatórias). Nesses modelos, os efeitos aleatórios são funções contínuas, geralmente compostas por polinômios de Legendre, ortogonais e normalizados, conduzindo a melhores convergência e acurácia dos resultados (KIRKPATRICK et al. 1990).

A utilização de modelos de regressão aleatória permite modelar as variâncias residuais utilizando estruturas homogêneas ou heterogêneas. A utilização de homogeneidade de variâncias pode ser parcimoniosa; entretanto, considera-se que a medida do erro afeta igualmente todos os registros (MEYER, 2000). Em contrapartida, a utilização de heterogeneidade

de variâncias possibilita melhor ajuste do modelo, contudo aumenta o número de parâmetros utilizados na regressão.

Segundo KIRKPATRICK & HECKMAN (1989), a matriz K (matriz de coeficientes da função de covariâncias) pode ser utilizada para analisar padrões de herança. A partir desta, pode-se calcular os autovalores e as autofunções da função de covariâncias. As trajetórias descritas pelas autofunções podem ser utilizadas na avaliação das idades nas quais a seleção poderia ser mais eficiente (SAKAGUTI et al., 2003) e representam as direções nas quais a trajetória média pode ser deformada (ALBUQUERQUE, 2004).

Outra forma de avaliar geneticamente e caracterizar o crescimento animal seria a estimação de herdabilidades dos parâmetros A, b e k dos modelos de curvas de crescimento, uma vez que estes caracterizam a forma e a intensidade do crescimento médio da população. Estimativas de herdabilidade dos parâmetros das curvas de crescimento são necessárias em programas de melhoramento, pois podem indicar a taxa de melhoramento que pode ser atingida pela seleção, permitindo prever a quantidade do ganho genético que será alcançado (BRACCINI NETO, 1993).

LOPES & QUAAS (1997) estimaram herdabilidade em aves de postura, para os parâmetros A (peso assintótico), b (parâmetro escala ou constante de integração) e k (índice de maturidade), iguais a $0,63 \pm 0,20$; $0,65 \pm 0,20$; e $0,49 \pm 0,19$, respectivamente, evidenciando que esses parâmetros, associados a suas interpretações biológicas, podem ser úteis em programas de seleção, principalmente no que tange a mudanças na forma de crescimento.

BRACCINI NETO (1993), analisando dados de aves de postura, estimou herdabilidade para o parâmetro a do modelo von Bertalanffy, utilizando componente paterno, componente materno e componente médio de pai e mãe, iguais a $0,52 \pm 0,18$; $0,29 \pm 0,12$ e $0,40 \pm 0,09$, respectivamente. Para o parâmetro k, as estimativas foram $0,25 \pm 0,12$; $0,48 \pm 0,14$ e $0,36 \pm 0,09$, respectivamente, permitindo concluir que um rápido progresso genético poderá ser alcançado nas primeiras gerações, por meio da seleção fenotípica individual, com base nos parâmetros da curva de crescimento.

As correlações genéticas e fenotípicas entre os parâmetros também merecem destaque, pois permitem a predição de respostas correlacionadas entre características produtivas e reprodutivas. Segundo FITZHUGH Jr. & TAYLOR (1976), a mudança genética na forma do crescimento está limitada pelo grau de dependência entre os parâmetros inflexão, índice de maturidade e o peso assintótico.

KNIZETOVA et al. (1991b) observaram certa independência entre os parâmetros k e A, sinalizando o antagonismo entre ambos, indicando que a seleção baseada em maior precocidade (maiores valores de k) poderia conduzir a menores pesos finais. Correlações negativas entre os parâmetros m (parâmetro inflexão) e A, foram obtidas, significando que funções de crescimento com maiores valores de m são visivelmente mais curvadas e, com isso, as estimativas do peso assintótico são mais baixas. A correlação obtida entre m e k foi de 0,91, indicando que, quanto maior a curvatura das funções, maior será a precocidade dos animais em termos de peso.

Os diferentes métodos de avaliações genéticas de pesos no decorrer do desenvolvimento animal apresentam particularidades e são mais apropriados a determinadas condições que devem considerar a velocidade da análise, a necessidade de detalhamento na descrição do crescimento e a estrutura de dados obtida.

CONCLUSÃO

O desenvolvimento tecnológico tem possibilitado a utilização de metodologias mais sofisticadas na avaliação de dados longitudinais como as curvas de crescimento. A utilização de modelos não lineares consagrados, como Gompertz, Brody, von Bertalanffy e Logístico, tem a vantagem de resumir em poucos parâmetros informações do desenvolvimento ponderal dos animais. O conhecimento desses parâmetros pode fornecer subsídios para alterar a forma da curva de crescimento dos animais sem requerer grandes recursos computacionais, e demandando pouco tempo de análise. Por outro lado, deixam de detalhar minúcias entre cada período (dia) do crescimento animal. Já os modelos de regressão aleatória otimizam a utilização de informações de pesagens, considerando a estrutura de covariâncias entre as idades abrangidas na avaliação e possibilitam a descrição dos componentes envolvidos no crescimento. Estimativas de parâmetros genéticos de peso assintótico e taxa de crescimento de modelos não lineares são específicas para cada função empregada e podem variar muito de acordo com os objetivos de seleção. A função Brody se ajusta perfeitamente ao crescimento de frangos de corte, uma vez que estes são abatidos antes de atingirem o peso adulto. Entretanto, em aves de postura, o desenvolvimento é medido até o final da vida reprodutiva, atingindo o platô ou peso assintótico e, portanto, não se ajustaria tão bem ao padrão desta função de crescimento, sendo as demais funções utilizadas na maioria dos casos, notadamente a função Gompertz.

Possivelmente, o grande benefício da utilização de modelos de regressão aleatória seja estimar herdabilidades e valores genéticos em idades em que não haja informações dos animais, sem a necessidade de utilizar ajustes prévios, fornecendo informações sobre todo o período abrangido na análise.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, L.G. Regressão aleatória: nova tecnologia pode melhorar a qualidade das avaliações genéticas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga, FZEA-USP, 2004. CD-ROM.
- ANTHONY, N.B. et al. Comparison of growth curves of weight selected populations of turkeys, quail, and chickens. **Poultry Science**, v.70, p.13-19, 1991.
- BARBATO, G.F. Genetic architecture of carcass composition in chickens. **Poultry Science**, v.71, p.789-798, 1992.
- BARBATO, G.F.; VASILATOS-YOUNKEN, R. Sex-linked and maternal effects on growth in chickens. **Poultry Science**, v.70, p.709-718, 1991.
- BRACCINI NETO, J. **Estudo genético de curvas de crescimento de aves de postura**. 1993. 102f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas, RS.
- BRISBIN I.L. et al. Sigmoid growth analyses of wood ducks: the effects of sex, dietary protein and cadmium on parameters of the Richards Model. **Growth**, v.50, p.41-50, 1986.
- DRAPER, N.R.; SMITH H. **Applied regression analyses**. 2.ed. New York: Wiley, 1980. 709p.
- FITZHUGH Jr., H.A.; TAYLOR, St., C.S. Genetic analysis of growth curves and strategies for altering their shape. **Journal of Animal Science**, v.42, n.4, p.1036-1051, 1976.
- FREITAS, A.R. et al. Modelos de curvas de crescimento em frangos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.19, n.9, p.1057-1064, 1984.
- FREITAS A.R. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982005000300010&lng=en&nrm=iso&tlng=pt>. doi: 10.1590/S1516-35982005000300010.
- GEHBARRDT-HENRICH, S.G.; MARKS, H.L. Heritabilities of growth curve parameters and age specific expression of genetic variation under two different feeding regimes in Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*). **Genetic Researches**, v.62, p.45-55, 1993.
- GOUS R.M. Making progress in the nutrition of broilers. **Poultry Science**, v.77, n.1, p.111-117, 1998.
- GOUS R.M. et al. Evaluation of the parameters needed to describe overall growth, the chemical growth and the growth of feathers and breast muscles of broiler. **Poultry Science**, v.78, p.812-821, 1999.
- GROSSMAN, M.; KOOPS, W.J. Multiphasic analysis of growth curve in chickens. **Poultry Science**, v.67 p.33-42, 1988.
- HAGGER, C. Genetic correlations between body weight of cocks and production traits in laying hens, and their possible use in breeding schemes. **Poultry Science**, v.73, n.3, p.381-387, 1994.
- HRUBY M. et al. Growth modeling as a tool for predicting amino acid requirements of broilers. **Journal of Applied Poultry Research**, v.3, n.4, p.403-415, 1994.
- JEGO, Y. et al. Analyse de la variabilité génétique et de la repones à la sélection dans deux lignées commerciales de poulets de chair, Angers, France, 1995. In: JOURNÉES DE LA RECHERCHE AVICOLE, 1995, Lérés. **Anais...** Paris, França: ITAVI, 1995. p.125-127.
- KHAN, A.G. **Selection response and the performance of crossbred progeny from normal dwarf broiler breeder dams**. 1972. 92f. Tese (PhD em Animal Breeding) - The Ohio State University, Department of Poultry Science.
- KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape and other infinite-dimensional characters. **Journal Mathematical Biology**, v.27, p.429-450, 1989. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/x780335256405454/>>. doi: 10.1007/BF00290638.
- KIRKPATRICK, M. et al. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.
- KNIZETOVA, H. et al. Analysis of growth curves of the fowl. I. Chickens. **British Poultry Science**, v.32, p.1027-1038, 1991a.
- KNIZETOVA, H. et al. Analysis of growth curves of the fowl. II. ducks. **British Poultry Science**, v.32, p.1039-1053, 1991b.
- LE BIHAN-DUVAL, E. et al. Estimation of the genetic parameters of meta Characteristics and their genetic correlations with growth and body composition in an experimental broiler line. **Poultry Science**, v.80, p.839-843, 2001.
- LEDUR, M.C. et al. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.21, n.4, p.667-673, 1992.
- LEENSTRA, F.R. Fat deposition in a broiler sire strain. 5. Comparisons of economic efficiency of direct and indirect selection against fatness. **Poultry Science**, v.67, n.1, p.16-24, 1988.
- LOPES, P.S.; QUAAS, R.L. Estimação de parâmetros genéticos em aves de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.6, p.1119-1123, 1997.
- MARUYAMA, K. et al. Growth patterns and carcass development in male ducks selected for growth rate. **British Poultry Science**, v.40, p.233-239, 1999.
- MAZUCHELI J.; ACHCAR J.A. Algumas considerações em regressões não-linear. **Acta Scientiarum**, v.24, n.6, p.1761-1770, 2002.

- MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock production Science**, v.65, p.19-38, 2000. Disponível em: <http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6T9B-40962WP-2&_user=687358&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C000037899&_version=1&_urlVersion=0&_userid=687358&md5=2a2a4a7886c3827d91c7e3f7c6c615c>. doi: 10.1016/S0301-6226(99)00183-9.
- MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of australian beef cattle from a large set of field data. Montpellier, França, 2002. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, França. **Anais...** Paris, França: INRA-CIRAD, 2002. (CD-ROM).
- MICHELAN FILHO, T.; SOUSA, E.M. Formação e características das linhagens atuais de frangos. In: CONFERÊNCIA APINCO, 2001, Campinas, SP. **Anais...** Campinas: FACTA, 2001. V.2, p.23-31.
- MIGNON-GASTEAU, S. et al. Genetic parameters of growth curve parameters in male and female chickens. **British Poultry Science**, v.40, p.44-51, 1999. Disponível em: <<http://www.informaworld.com/smp/content-db=all?content=10.1080/00071669987827>>. doi: 10.1080/00071669987827.
- MIGNON-GASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **Inra Production Animales**, v.13, n.5, p.337-348, 2000.
- MIGNON-GASTEAU, S. et al. Genetic analysis of growth curve parameters for male and female chickens resulting from selection on shape of growth curve. **Journal Animal Science**, v.78, p.2515-2524, 2000.
- MORO, M.E.G. **Desempenho e características de carcaça de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas com diferentes programas de alimentação na fase de crescimento**. 1996. 75f. Tese (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção Animal) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP.
- MOYER, S.E. et al. Heritability of body weight at three ages in cross-bred broiler chickens resulting from two systems of breeding. **Poultry Science**, v.41, n.5, p.1374-1381, 1962.
- OGLIARI, P. **Regressão não linear**. Capturado em 22 jan. 2005. Online. Disponível na Internet: http://www.findarticles.com/p/articles/mi_qa419/is_20307/ai_n923460#
- PYM, R.A.E.; NICHOLLS, P.J. Selection for food conversion in broilers: direct and correlated responses to selection for body-weight gain, food consumption and food conversion ratio. **British Poultry Science**, v.20, n.1, p.73-86, 1979.
- RICE, J.R. **The approximation of functions**. Addison-Wesley, Massachusetts, 1969. V.II.
- RONDON E.O.O. et al. Modelagem computacional para produção e pesquisa em avicultura. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.4, n.1, p.199-207, 2002. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-635X2002000100001&lng=en&nrm=iso&tlng=pt>. doi: 10.1590/S1516-635X2002000100001.
- SAKAGUTI, E. S. et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982003000400011&lng=en&nrm=iso&tlng=pt>. doi: 10.1590/S1516-35982003000400011.
- SAMPAIO I.B.M. Modelos matemáticos na nutrição animal. Recife, PE, 2002. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife, PE. **Anais...** Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. CD-ROM.
- SAS Institute, SAS (Statistical Analysis System). **Users guide**. Cary, NC, 1998. 1686p.
- SCHAEFFER, L.R. **Tópicos avançados em melhoramento animal: random regression models**. Jaboticabal, SP: FCAV - UNESP, 1996. p.25-33. (Notas)
- SCHAEFFER, L.R. **Random regression models**. Capturado em 22 set. 2002. Online. Disponível na Internet: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/lesson14>.
- SCHENKEL, F.S. **Utilização de polinômios segmentados na pesquisa zootécnica: considerações teóricas e práticas**. Porto Alegre, RS: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 1989. 51p. (Notas).
- SILVEIRA JR. P. et al. Método de obtenção de estimativas preliminares de parâmetros de modelos não-lineares de crescimento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, n.12, p.1607-1613, 1992.
- STILBORN, H.L. et al. Experimental data for evaluating broiler models. **Journal Applied of Poultry Research**, v.3, p.379-390, 1994.
- THOLON, P. **Estudo do crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro**. 2006. 175f. Tese (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção Animal) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP.
- THOLON, P. et al. Estimativas de correlação entre peso ao nascimento e peso e dimensões do ovo de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.3, supl.3, p.67, 2001.
- THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Models for the analysis of growth curves for rearing tinamous (*Rhynchotus rufescens*) in captivity. **Brazilian Journal of Poultry Science**, v.9, n.1, p.23-31, 2007.
- THOLON P.; QUEIROZ, S.A. Utilização de diferentes estruturas de variância residual em modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de perdizes (*Rhynchotus rufescens*) criadas em cativeiro. **Caatinga**, v.21, n.2, p.37-47, 2008.
- VAN der WERF, J. **Random regression in animal breeding**. Jaboticabal, SP: Universidade Estadual Paulista, 2001. 50p. (Notas).
- WOLFINGER, R.D. Covariance structure in general mixed models. **Communications in Statistics**, v.22B, p.1079-1106, 1993.