

AJUSTES DE MODELOS NÃO LINEARES A DADOS DE CRESCIMENTO COM ESTRUTURA DE ERROS INDEPENDENTES E AUTORREGRESSIVOS DE PRIMEIRA ORDEM-APLICAÇÕES

Farid SALLUM NETO¹
Lídia Raquel de CARVALHO²
Martha Maria MISCHAN²

- Resumo: Objetivou-se com o presente trabalho estudar o crescimento de vacas e de ratos, comparando-se os modelos de Gompertz, Richards, logístico, monomolecular e Von Bertalanffy. Foram feitos ajustes com estrutura de erros independentes e autorregressivos de primeira ordem. A comparação entre os modelos foi feita através dos avaliadores de qualidade de ajustamento AIC, BIC, erro de predição médio e peso de Akaike, segundo (Motulsky and Christopoulos, 2004). Para as vacas, o modelo que melhor se ajustou foi o monomolecular, seguido do Von Bertalanffy e Gompertz; já para os ratos, Von Bertalanffy, Richards e Gompertz se mostraram melhores. Os ajustes com autocorrelação nos resíduos se mostraram sempre melhores.
- PALAVRAS-CHAVE: Modelos não lineares; autocorrelação nos resíduos; dados de crescimento.

1 Introdução

Na análise de dados de crescimento, a utilização de funções matemáticas não lineares tem se mostrado adequada para descrever curvas de crescimento, pelo fato de sintetizarem um grande número de medidas em alguns parâmetros com significado biológico que colaboram na interpretação e entendimento do fenômeno. Também a escolha do modelo mais adequado para descrever o crescimento tem sido de grande importância. Para o estudo do crescimento de animais esta escolha depende dentre outros fatores, da raça, do ambiente, da idade do animal nas últimas pesagens e do modelo propriamente dito.

As funções logística: $y = \alpha / (1 + \exp((\beta - \gamma x)))$, Gompertz: $y = \exp(\alpha - \exp(\beta + \gamma x))$, monomolecular: $y = \alpha (1 - \beta \exp(-\gamma x))$, Richards: $y = \alpha (1 - \beta \exp(-\gamma x))^\delta$ e von Bertalanffy: $y = \alpha (1 - \beta \exp(-\gamma x))^3$, têm várias aplicações na área biológica e em especial no estudo de

¹ Universidade Estadual Paulista - UNESP, Instituto de Biociências - IBB, Programa de Pós-graduação em Bioestatística, CEP: CEP: 18618-970, Botucatu, SP, Brasil. E-mail: faridsallum@hotmail.com

² Universidade Estadual Paulista - UNESP, Instituto de Biociências - IBB, Departamento de Bioestatística, CEP: CEP: 18618-970, Botucatu, SP, Brasil. E-mail: lidiaarc@ibb.unesp.br / mmischan@ibb.unesp.br

crescimento de animais. Muitos autores utilizaram estas funções para descrever o desenvolvimento de bovinos.

Um outro aspecto a se considerar é que quando se trabalha com medidas longitudinais fica difícil garantir independência nos erros, por isto a importância de se fazer estudos utilizando a estrutura de erros independentes e autocorrelacionados.

Kroll and Tornero (1994), estudando o crescimento ponderal em vaca leiteira, ajustaram o modelo de Gompertz com sazonalidade e autocorrelação nos erros, e concluíram que o modelo autorregressivo com sazonalidade explicou mais em termos de variância total do que o modelo autorregressivo sem sazonalidade.

De acordo com Souza (1998), não considerar a autocorrelação residual no ajuste ocasionará a subestimação das variâncias dos parâmetros e, com desvios-padrão incorretos, erros serão cometidos na construção de testes de hipóteses e intervalos de confiança.

Medeiros et al. (2000) avaliaram a qualidade e as características do ajuste da função logística monofásica com estrutura de erros independentes e autorregressivos de primeira ordem referentes a dados de vacas leiteiras. Concluíram que houve o melhor ajuste quando foi considerada no modelo a estrutura de erros autorregressivos.

Silva, Aquino e Oliveira (2001) utilizaram os modelos de Brody, logístico, Gompertz, Richards e von Bertalanffy para descrever o crescimento de animais da raça Nelore. Utilizaram o método dos mínimos quadrados generalizados com erros autorregressivos de primeira ordem. Concluíram que os modelos de Brody e Richards foram melhores em comparação com os demais.

Mazzini et al.(2005) utilizaram os modelos não lineares Brody, Gompertz, logístico e von Bertalanffy a dados de peso de 152 novilhos Hereford através dos métodos dos quadrados mínimos ordinários, quadrados mínimos ponderados, quadrados mínimos ponderados generalizados com erros autorregressivos de primeira e segunda ordens. Para comparação dos modelos utilizaram os avaliadores de qualidade do ajuste: percentual de convergência, quadrado médio do resíduo, coeficiente de determinação ajustado e erro de predição médio. Chegaram à conclusão que os modelos de Gompertz e von Bertalanffy foram os melhores, utilizando-se os métodos dos quadrados mínimos ponderados e quadrados mínimos ponderados generalizados com erros autorregressivos de primeira e segunda ordens.

Lobo et al. (2006) ajustaram os modelos de Richards, Brody, Gompertz, von Bertalanffy e logístico a dados de crescimento de ovinos Santa Inês para dois rebanhos. Para comparação dos modelos utilizaram os avaliadores de qualidade do ajuste: coeficiente de determinação (R^2), quadrado médio residual (QMR) e o erro de predição médio (EM). Concluíram que a curva de Richards foi a que promoveu melhor ajuste para os dois rebanhos. Utilizaram portanto esta curva para estimar curvas individuais de crescimento dos animais e a partir destas curvas, estimaram várias características de interesse econômico.

Krebreab et al.(2007) usaram quatro modelos não lineares para estudo do crescimento de porcos e eficiência de utilização de fósforo no crescimento destes animais que foram: monomolecular, Gompertz, Richards e Von Bertalanfy. Meta-análise foi feita para identificar as funções mais apropriadas neste contexto. Concluíram que a função de Richards foi a que melhor se ajustou. Foi recomendado que as funções de Richards e monomolecular fossem incluídas em futuros estudos sobre eficiência de nutrientes.

Porter et al. (2010) ajustaram os modelos de von Bertalanffy, Richards, Morgan e Gompertz a dados de crescimento de perus fêmeas e revelaram que a inclusão do ajuste

autorregressivo de primeira ordem melhorou consideravelmente o ajuste aos dados de todos os modelos que convergiram.

O objetivo deste trabalho foi estudar o crescimento de vacas e de ratos, comparando-se os modelos de Gompertz, Richards, Logístico, monomolecular e von Bertalanffy levando-se em consideração os ajustes com estrutura de erros independentes e autorregressivos de primeira ordem.

2 Material e métodos

Foram utilizados dados de crescimento de peso em gado e ratos *Rattus norvegicus*, sendo 25 repetições relativas às duas raças de vacas: Flamengo, Holandesa e o cruzamento GuernseyxGir, dados utilizados na tese de doutorado Mischán (1972) providos dos Livros de Registro da Seção Técnica de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e 10 repetições relativas a crescimento de *Rattus norvegicus*, 5 para o sexo feminino e 5 para o sexo masculino, dados utilizados na tese de Carvalho (1996), obtidos de um experimento do Biotério da Faculdade de Medicina de Botucatu em 1989.

Considerou-se os modelos logístico: $y_i = \alpha(1 + \exp(-\beta x_i)) + \epsilon_i$, Gompertz: $y_i = \exp(\alpha \exp(\beta x_i)) + \epsilon_i$, monomolecular: $y_i = \alpha(1 - \exp(-\beta x_i)) + \epsilon_i$, Richards: $y_i = \alpha(1 - \exp(-\beta x_i))^\beta + \epsilon_i$ e von Bertalanffy: $y_i = \alpha(1 - \exp(-\beta x_i))^3 + \epsilon_i$, ajustados a um conjunto $(x_i; y_i)$ de dados observados, $i = 1, 2, \dots, n$, onde os erros foram considerados independentes, normais e homocedásticos, $\epsilon \sim N(0, \sigma_\epsilon^2)$.

Foram considerados também os modelos autorregressivos de primeira ordem, onde os erros ϵ_i são parcelados

$\epsilon_i = \rho \epsilon_{i-1} + \epsilon_i$, sendo ϵ_i independentes, normais e homocedásticos, $\epsilon \sim N(0, \sigma_\epsilon^2)$.

A homocedasticidade dos resíduos foi verificada através do teste de Breusch-Pagan (Breusch and Pagan, 1979) e a normalidade pelo teste Shapiro-Wilk (1965).

Para a obtenção da estatística do teste de Breusch-Pagan, ajustou-se o modelo de regressão e encontrou-se os resíduos (e_i), $i=1,2,\dots,n$ e os valores ajustados (\hat{y}_i), $i=1,2,\dots,n$ para as n observações e, ainda, considerou-se os resíduos (μ_i) padronizados por

$$\mu_i = \frac{e_i^2}{SQE}$$

em que $SQE = \sum_{i=1}^n e_i^2$

Fez-se a regressão entre $\mu_i = (\mu_1, \dots, \mu_n)$ como variável resposta e $\hat{y}_i = (\hat{y}_1, \dots, \hat{y}_n)$ como variável explicativa obtendo-se a estatística χ_{BP}^2 , que, sob a hipótese nula de homocedasticidade, segue uma distribuição de qui-quadrado com um grau de liberdade.

O teste Shapiro-Wilk é baseado na estatística W dada por:

$$W = \frac{b^2}{\sum_{i=1}^n x_{(i)} - \bar{x}}$$

em que x_i são os valores da amostra ordenados ($x_{(1)}$ é o menor). Menores valores de W são evidências de que os dados são normais. A constante b é determinada da seguinte forma:

$$b = \begin{cases} \sum_{i=1}^{\frac{n}{2}} a_{n-i+1} \times (x_{(n-i+1)} - x_{(i)}) & \text{se } n \text{ é par} \\ \sum_{i=1}^{(n+1)/2} a_{n-i+1} \times (x_{(n-i+1)} - x_{(i)}) & \text{se } n \text{ é ímpar} \end{cases},$$

em que a_{n-i+1} são constantes geradas pelas médias, variâncias e covariâncias das estatísticas de ordem de uma amostra de tamanho n de uma distribuição Normal.

A autocorrelação residual foi verificada pela estatística d de Durbin-Watson, de acordo com Draper e Smith (1998),

$$d = \frac{\sum_{i=2}^n (\hat{e}_i - \hat{e}_{i-1})^2}{\sum_{i=1}^n \hat{e}_i^2},$$

em que \hat{e}_i é o resíduo correspondente à i -ésima observação, $i = 1, 2, \dots, n =$ número de observações ($x_i; y_i$) no ajuste do modelo.

No ajuste dos modelos e estimação dos parâmetros utilizou-se o método dos mínimos quadrados através do programa SAS versão 9.2 e a função Proc model para o ajuste com estrutura de erros independentes e autorregressivos de primeira ordem, e definiu-se o método de Gauss Newton como processo iterativo a ser utilizado. Foram utilizados os avaliadores de qualidade de ajustamento: critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), erro de predição médio e peso de Akaike, segundo (Motulsky e Christopoulos, 2004). Apesar dos critérios de informação de Akaike e de informação Bayesiano de Schwarz serem propostos para comparar modelos encaixados, na literatura tem surgido exemplos em que se usa estes critérios mesmo quando os modelos não são encaixados (Terra, Muniz e Savian, 2010; Prado, Savian e Muniz, 2013). Por isto optou-se por usar estes critérios neste trabalho.

O critério de informação de Akaike (AIC) e o critério de informação Bayesiano (BIC), propostos por Akaike (1974) e Schwarz (1978), são definidos como:

$$AIC = -2\ln(L) + 2p \text{ e } BIC = -2\ln(L) + p\ln(n),$$

em que L é a função de verossimilhança; n é o número de observações e p o número de parâmetros ajustados.

O erro de predição médio (EP_M) é obtido calculando-se a média dos erros de predição com EP dado por:

$$EP = 100 \left(\frac{po - pe}{po} \right),$$

sendo po o peso observado e pe o peso estimado.

O peso de Akaike mostra a probabilidade de um modelo ser mais adequado que um outro e é definido como:

$$Probabilidade = \frac{e^{-0,5\Delta}}{1 + e^{-0,5\Delta}},$$

onde Δ é a diferença entre os valores de AIC dos modelos comparados.

3 Resultados e discussão

Nas Tabelas 1 e 2 são apresentadas as médias das estimativas dos parâmetros com seus respectivos desvios-padrão para os ratos e para as vacas, segundo as estruturas de erros independentes e autocorrelacionados.

Tabela 1 - Médias das estimativas dos parâmetros($\hat{\alpha}$, $\hat{\beta}$, $\hat{\gamma}$, $\hat{\rho}$) e desvios-padrão ($s\hat{\alpha}$, $s\hat{\beta}$, $s\hat{\gamma}$) segundo sexo e estrutura de erros para os *Rattus norvegicus* (modelo von Bertalanffy)

Sexo	Erros	Estimativas						
		$\hat{\alpha}$	$s\hat{\alpha}$	$\hat{\beta}$	$s\hat{\beta}$	$\hat{\gamma}$	$s\hat{\gamma}$	$\hat{\rho}$
Feminino (n=5)	I	303,46	2,1060	1,4406	0,0439	0,2398	0,00694	
	A	303,14	4,1320	1,4702	0,0729	0,2447	0,01172	0,6319
Masculino (n=5)	I	458,22	3,0784	1,5703	0,0410	0,2298	0,00590	
	A	460,66	8,3610	1,5877	0,0754	0,2318	0,01114	0,6501

Erros: I-independentes e A-autocorrelacionados

Tabela 2 - Médias das estimativas dos parâmetros($\hat{\alpha}$, $\hat{\beta}$, $\hat{\gamma}$, $\hat{\rho}$) e desvios-padrão ($s\hat{\alpha}$, $s\hat{\beta}$, $s\hat{\gamma}$) segundo raça e estrutura de erros para as vacas (modelo monomolecular)

Raça	Erros	Estimativas						
		$\hat{\alpha}$	$s\hat{\alpha}$	$\hat{\beta}$	$s\hat{\beta}$	$\hat{\gamma}$	$s\hat{\gamma}$	$\hat{\rho}$
Fla (n=5)	I	623,31	22,91	0,9126	0,0077	0,0243	0,00186	
	A	622,59	52,11	0,9339	0,0139	0,0254	0,00413	0,7853
Guer (n=9)	I	473,71	9,43	0,9336	0,0114	0,0386	0,00209	
	A	491,95	31,31	0,9424	0,0126	0,0363	0,00526	0,8962
Hol (n=11)	I	608,68	23,11	0,9172	0,0096	0,0304	0,00251	
	A	570,82	40,23	0,9318	0,0147	0,0352	0,00536	0,8294

Nota: Raças: Fla:Flamenga, Guer: GuernseyxGir e Hol:Holandesa

Erros: I-independentes e A-autocorrelacionados

As estimativas dos parâmetros alfa e beta foram sempre maiores para o sexo masculino, mas para o gama foram semelhantes para ambos os sexos; já os desvios-padrão foram sempre maiores para a estrutura de erros autocorrelacionados, o que concorda com a afirmação de Souza(1998)(Tabela 1).

As estimativas dos parâmetros alfa foram semelhantes para as raças Flamenga e Holandesa, sendo menores para o cruzamento GuernseyxGir. Já para as estimativas dos parâmetros beta e gama os valores foram semelhantes para as três raças. Os desvios-padrão foram sempre maiores para a estrutura de erros autocorrelacionados (Tabela 2).

Nas Tabelas 3 e 5 são apresentados os valores médios do critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), e erro de predição médio (EP) para os ratos e para as vacas. Nas Tabelas 4 e 6 são apresentados os valores médios referentes aos valores p para os testes de Breusch Pagan(BP), Durbin Watson(DW) e Shapiro-Wilk(SW) para os ratos e para as vacas.

Tabela 3 - Valores médios de critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), e erro de predição médio EP_M para os *Rattus norvegicus*

Sexo	Modelo	Erros	AIC	BIC	EP_M	
Feminino	Gompertz	Independentes	88,36756	92,14185	-1,54	
		Autocorrelacionados	76,83457	80,60886	-0,56	
	Logístico	Independentes	122,0953	125,8696	10,11	
		Autocorrelacionados	97,13012	100,9044	-0,86	
	Monomolecular	Independentes	134,2218	137,9961	9,83	
		Autocorrelacionados	107,0525	110,8268	-2,86	
	Richards	Independentes	84,63085	89,66324	-3,69	
		Autocorrelacionados	74,39761	79,42999	-0,44	
	von Bertalanffy	Independentes	84,11595	87,89024	2,51	
		Autocorrelacionados	76,7737	80,54799	1,90	
	Masculino	Gompertz	Independentes	102,3233	106,0976	-1,54
			Autocorrelacionados	91,31859	95,09288	-0,79
Logístico		Independentes	142,5505	146,3247	-14,84	
		Autocorrelacionados	114,6056	118,3799	-3,32	
Monomolecular		Independentes	162,3736	166,1479	18,27	
		Autocorrelacionados	129,7199	133,4942	-5,27	
Richards		Independentes	97,8482	102,8806	2,56	
		Autocorrelacionados	96,96107	101,9935	-0,03	
von Bertalanffy		Independentes	97,79197	101,5663	4,53	
		Autocorrelacionados	90,64747	94,42176	3,52	

Tabela 4 - Valores médios referentes aos valores de p para os testes de Breusch Pagan(BP), Durbin Watson(DW) e Shapiro-Wilk(SW) para os ratos segundo sexo, tipo de modelo e estrutura de erros

Sexo	Modelo	Erros	BP	DW	SH	
Feminino	Gompertz	Independentes	0,5213	0,0001	0,6071	
		Autocorrelacionados	0,2932	0,1689	0,4733	
	Logístico	Independentes	0,1359	0,0001	0,2498	
		Autocorrelacionados	0,2420	0,1803	0,5451	
	Monomolecular	Independentes	0,0151	0,0001	0,7127	
		Autocorrelacionados	0,0255	0,0001	0,6491	
	Richards	Independentes	0,5438	0,0001	0,6554	
		Autocorrelacionados	0,2688	0,0891	0,5989	
	von Bertalanffy	Independentes	0,4763	0,0001	0,5046	
		Autocorrelacionados	0,1971	0,0921	0,5191	
	Masculino	Gompertz	Independentes	0,1529	0,0001	0,4296
			Autocorrelacionados	0,3657	0,2157	0,6740
Logístico		Independentes	0,0163	0,0001	0,1814	
		Autocorrelacionados	0,2355	0,1262	0,7015	
Monomolecular		Independentes	0,0092	0,0001	0,5209	
		Autocorrelacionados	0,0724	0,0001	0,4635	
Richards	Independentes	0,1720	0,0491	0,3485		
	Autocorrelacionados	0,3918	0,0803	0,5306		
von Bertalanffy	Independentes	0,3727	0,0001	0,2755		
	Autocorrelacionados	0,4340	0,0722	0,3018		

Tabela 5 - Valores médios de critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), e erro de predição médio EP_M para as vacas

Raça	Modelo	Erros	AIC	BIC	EP_M	
Flamenga	Gompertz	Independentes	402,8593	409,1424	-3,17	
		Autocorrelacionados	357,5488	363,8319	-0,12	
	Logístico	Independentes	407,9522	414,2352	-4,43	
		Autocorrelacionados	361,1634	367,4464	0,03	
	Monomolecular	Independentes	399,8314	406,1144	-1,48	
		Autocorrelacionados	354,0337	360,3167	-0,09	
	Richards	Independentes	396,6256	405,0030	-0,52	
		Autocorrelacionados	361,6597	366,9268	0,10	
	von Bertalanffy	Independentes	401,4048	407,6878	-2,65	
		Autocorrelacionados	356,4299	362,713	-0,09	
	GuernseyxGir	Gompertz	Independentes	375,7550	381,9877	-3,61
			Autocorrelacionados	326,5089	332,7415	-0,29
Logístico		Independentes	383,4205	389,6531	-5,47	
		Autocorrelacionados	331,4385	337,6711	-0,21	
Monomolecular		Independentes	371,2945	377,5271	-0,92	
		Autocorrelacionados	321,7756	328,0082	-0,28	
Richards		Independentes	368,0915	376,4016	4,00	
		Autocorrelacionados	322,0302	330,3403	-0,35	
von Bertalanffy		Independentes	373,4265	379,6591	-2,79	
		Autocorrelacionados	326,7874	333,0200	-0,20	
Holandesa		Gompertz	Independentes	406,3208	412,1745	-3,26
			Autocorrelacionados	350,4108	356,2645	0,07
	Logístico	Independentes	410,3621	416,2159	-4,59	
		Autocorrelacionados	354,3384	360,1921	0,18	
	Monomolecular	Independentes	403,9413	409,7950	-1,39	
		Autocorrelacionados	347,1816	353,0353	-0,11	
	Richards	Independentes	391,0079	398,8128	1,04	
		Autocorrelacionados	350,0511	357,8561	-0,13	
	von Bertalanffy	Independentes	405,0716	410,9253	-2,69	
		Autocorrelacionados	348,9689	354,8227	-0,07	

Tabela 6 - Valores médios referentes aos valores p para os testes de Breusch Pagan(BP), Durbin Watson(DW) e Shapiro-Wilk(SW) para as vacas segundo raça e tipo de modelo e estrutura de erros

Raça	Modelo	Erros	BP	DW	SW	
Flamenga	Gompertz	Independentes	0,0252	0,0001	0,1767	
		Autocorrelacionados	0,0655	0,3636	0,0512	
	Logístico	Independentes	0,0022	0,0001	0,2254	
		Autocorrelacionados	0,0475	0,3610	0,1016	
	Monomolecular	Independentes	0,0546	0,0001	0,2103	
		Autocorrelacionados	0,1052	0,3892	0,0621	
	Richards	Independentes	0,2009	0,0001	0,2239	
		Autocorrelacionados	0,0354	0,1294	0,0834	
	von Bertalanffy	Independentes	0,0501	0,0001	0,1536	
		Autocorrelacionados	0,0762	0,3710	0,0539	
	GuernseyxGir	Gompertz	Independentes	0,0476	0,0001	0,2572
			Autocorrelacionados	0,3526	0,0537	0,2571
Logístico		Independentes	0,0109	0,0001	0,6118	
		Autocorrelacionados	0,3253	0,0632	0,1991	
Monomolecular		Independentes	0,0430	0,0001	0,0775	
		Autocorrelacionados	0,2669	0,0683	0,1755	
Richards		Independentes	0,0697	0,0001	0,0790	
		Autocorrelacionados	0,4117	0,0635	0,2080	
von Bertalanffy		Independentes	0,0413	0,0001	0,1568	
		Autocorrelacionados	0,3711	0,1369	0,2092	
Holandesa		Gompertz	Independentes	0,0687	0,0001	0,2131
			Autocorrelacionados	0,3342	0,1463	0,1649
	Logístico	Independentes	0,0199	0,0001	0,2419	
		Autocorrelacionados	0,3107	0,1247	0,2933	
	Monomolecular	Independentes	0,0753	0,0001	0,1023	
		Autocorrelacionados	0,2010	0,1879	0,0901	
	Richards	Independentes	0,0994	0,0001	0,1835	
		Autocorrelacionados	0,3216	0,1575	0,0908	
	von Bertalanffy	Independentes	0,0892	0,0001	0,2010	
		Autocorrelacionados	0,3054	0,1604	0,1344	

Considerando-se os critérios de informação de Akaike (AIC) e de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), para o crescimento dos ratos, para todos os modelos, os ajustes com estrutura de erros autocorrelacionados se mostraram melhores, sendo que os

de Richards, von Bertalanffy e Gompertz foram melhores para o sexo feminino e von Bertalanffy, Gompertz e Richards foram melhores para o masculino. Salienta-se que para os 100 ajustes feitos, em 2 deles a Richards não convergiu. Os erros de predição médios priorizaram Richards, Gompertz e logística tanto para os femininos como para os masculinos (Tabela 3).

Para os ratos, todos os modelos apresentaram presença de autocorrelação residual, o que foi corrigido através dos ajustes utilizando a estrutura de erros autocorrelacionados, com exceção do modelo monomolecular. Quanto à homogeneidade de variâncias, o modelo monomolecular e o logístico para os ratos masculinos apresentaram problemas. Quanto à normalidade dos resíduos, os modelos não apresentaram problemas (Tabela 4).

Considerando-se os critérios de informação de Akaike (AIC) e de informação Bayesiano de Schwarz (BIC), para o crescimento das vacas, considerando todas as raças, os ajustes com estrutura de erros autocorrelacionados se mostraram melhores, sendo que para dezenove das vinte e cinco repetições, o modelo monomolecular se mostrou o melhor, seguido do de Von Bertalanffy e depois o Gompertz. Salienta-se que em 125 ajustes com erros independentes, o modelo de Richards não convergiu em nove deles e com erros autocorrelacionados, não convergiu em três deles. Os erros de predição médios mostraram que para a raça Flamengo, os melhores modelos foram a logística, a monomolecular e a von Bertalanffy, para a GuernseyxGir foram a von Bertalanffy, a logística e a monomolecular e para a raça Holandesa foram a von Bertalanffy, a Gompertz e a monomolecular, todos sendo os ajustes com autocorrelação melhores (Tabela 5).

Todos os modelos apresentaram normalidade dos resíduos em cada raça e estrutura. Quanto à autocorrelação residual, todos os modelos apresentaram autocorrelação, o que foi corrigido quando se usou a estrutura com autocorrelação. Quanto à homogeneidade dos resíduos, a estrutura de erros independentes mostrou problemas em alguns modelos para algumas raças, o que foi corrigido com a estrutura de erros autocorrelacionados (Tabela 6).

Na tabela 7 são apresentados os pesos de Akaike para os *Rattus norvegicus* considerando o ajuste com estrutura de erros autocorrelacionados, referentes aos modelos de Richards e von Bertalanffy e Richards e Gompertz e na Tabela 8 apresenta-se os pesos de Akaike para as vacas considerando o ajuste com estrutura de erros autocorrelacionados, referentes aos modelos monomolecular e von Bertalanffy e monomolecular e Gompertz.

Para os ratos do sexo feminino, a probabilidade do modelo de Richards ser mais adequado que o de von Bertalanffy foi de 0,59 e do modelo de Richards em relação ao Gompertz foi de 0,60. Para os ratos do sexo masculino, a probabilidade do modelo de Richards ser mais adequado que o de von Bertalanffy foi de 0,79 e do modelo de Richards em relação ao Gompertz foi de 0,77, mostrando a superioridade do modelo Richards em relação ao von Bertalanffy e ao Gompertz (Tabela 7).

Para as vacas da raça Flamengo, a probabilidade do modelo monomolecular ser mais adequado em relação ao von Bertalanffy foi de 0,59 e do monomolecular em relação ao Gompertz foi de 0,68. Para o cruzamento Guernsey-Gir, a probabilidade de o modelo monomolecular ser mais adequado em relação ao von Bertalanffy foi de 0,75 e do monomolecular em relação ao Gompertz foi de 0,74. Para a raça Holandesa, a probabilidade de o modelo monomolecular ser mais adequado em relação ao von Bertalanffy foi de 0,52 e do monomolecular em relação ao Gompertz foi de 0,66. Estes resultados mostram a superioridade do modelo monomolecular em relação ao von Bertalanffy e Gompertz (Tabela 8).

Tabela 7 - Pesos de Akaike para os *Rattus norvegicus* considerando o ajuste com estrutura de erros autocorrelacionados, referentes aos modelos de Richards e von Bertalanffy e Richards e Gompertz

Sexo	Peso	
	Richards/von Bertalanffy	Richards/Gompertz
Feminino	0,59	0,60
Masculino	0,79	0,77

Tabela 8 - Pesos de Akaike para as vacas considerando o ajuste com estrutura de erros autocorrelacionados, referentes aos modelos monomolecular e von Bertalanffy e monomolecular e Gompertz

Raça	Peso	
	monomolecular/von Bertalanffy	monomolecular/Gompertz
Flamenga	0,59	0,68
Guernsey-Gir	0,75	0,74
Holandesa	0,52	0,66

São apresentadas também as Figuras 1 e 2 com ajustes utilizando-se a média das repetições para os ratos e para as vacas.

As Figuras 1 e 2, com os seus respectivos coeficientes de determinação, calculados elevando-se o coeficiente de correlação entre os valores observados e estimados ao quadrado (Schinckel e Craig, 2002), mostraram que os ajustes foram muito bons.

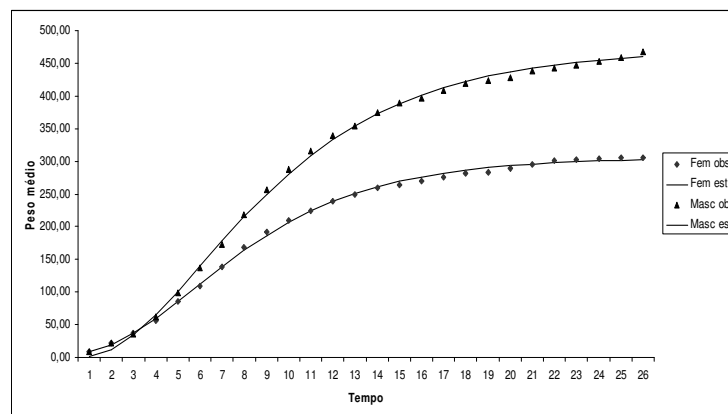


Figura 1 -Modelo de Richards e von Bertalanffy com erros autocorrelacionados, ajustados utilizando-se a média das repetições para os ratos do sexo feminino e masculino, respectivamente ($r^2=0,99$).

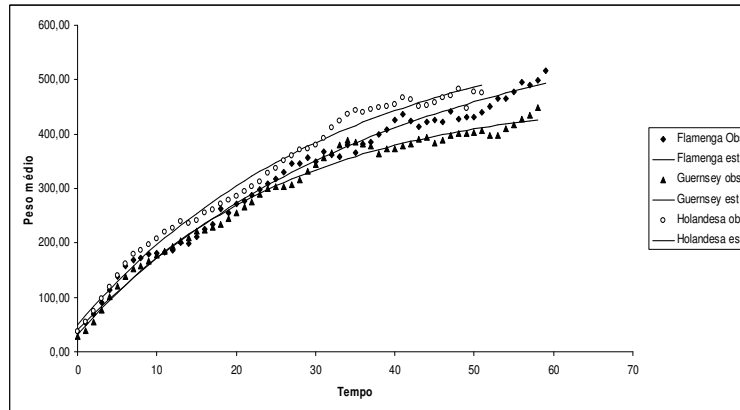


Figura 2 -Modelo monomolecular com erros autocorrelacionados, ajustado utilizando-se a média das repetições para as três raças ($r^2=0,98$).

Conclusões

Considerando-se os critérios de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwarz, peso de Akaike, resultados dos testes de Breusch Pagan, Durbin Watson e Shapiro Wilk para todos os modelos, o ajuste com estrutura de erros autocorrelacionados se mostrou melhor do que o ajuste com estrutura de erros independentes. Para os pesos dos *Rattus norvegicus*, os modelos von Bertalanffy, Richards e Gompertz se mostraram melhores, sendo que os ratos masculinos mostraram um crescimento maior que os femininos. Para as vacas o modelo monomolecular foi o mais adequado, seguido do von Bertalanffy e Gompertz. As estimativas das assíntotas foram maiores para as vacas Flamengas, seguidas das Holandesas e depois das Guernsey-Gir.

Agradecimentos

À CAPES, pela bolsa de estudo do primeiro autor.

SALUM NETO, F.; CARVALHO, L.R.; MISCHAN, M.M. Adjustments for non-linear models to growth data, adjustments with and without autocorrelation in the residuals. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.31, n.4, p.-6631-644, 2013.

- **ABSTRACT:** *The objective of the present work was to study the growth of cows and rats, comparing the models of Gompertz, Richards, logistic, monomolecular and von Bertalanffy. Adjustments were made with and without autocorrelation in the residuals. The comparison between the models was done through the measures of quality adjustment AIC, BIC, mean prediction error and Akaike weight, second (Motulsky and Christopoulos, 2004). For cows, the model that best fit was the monomolecular followed by von Bertalanffy and Gompertz, now for mice, von Bertalanffy, Gompertz and Richards proved best. Settings with autocorrelation in the residuals is shown always best.*
- **KEYWORDS:** *Nonlinear models, autocorrelation in the residuals, growth data*

4 Referências Bibliográficas

- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, Boston, v.19, n.6, p.716-723, 1974.
- BREUSCH, T. S.; PAGAN, A. R. 1979. A simple test for heteroscedasticity and random coefficient variation. *Econometrica*, v. 47, p.1287-1294.
- CARVALHO, L. R. *Métodos para comparação de curvas de crescimento*. 1996. 210f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrônomicas- Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 1996.
- DRAPER, N. R.; SMITH, H. *Applied regression analysis*, 3ed. New York, John Wiley & Sons, 1998. 706 p.
- KEBREAB, E.; SCHULIN-ZEUTHEN, M.; LOPEZ, S.; SOLER, J.; DIAS, R. S.; LANGE, C. F. M.; FRANCE, J. Comparative evaluation of mathematical functions to describe growth and efficiency of phosphorus utilization in growing pigs. *J. Anim Sci.*, v. 85, p.2498-2507, 2007.
- KROLL, L. B.; TORNERO, M. T. T. Modelo de Gompertz com sazonalidade e autocorrelação nos erros para ajuste do crescimento ponderal em vaca leiteira. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.29, n.5, p.707-711, 1994.
- LOBO, R. N. B.; VILELA, L. C. V.; LOBO, A. M. B. O.; PASSOS, J. R. S; OLIVIERA, A. A. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. *R. Bras. Zootec.*, Viçosa, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006 (supl).
- MAZZINI, A. R. A.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F. , AQUINO, L. H. Curva de crescimento de novilhos Hereford: heterocedasticidade e resíduos autoregressivos. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.35, n.2, p.422-427, 2005.
- MEDEIROS, H. A.; AQUINO, L. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F. Avaliação da qualidade do ajuste da função Logística monofásica com estrutura de erros independentes e autorregressivos através de simulação. *Ciênc. Agrotec.*, Lavras, v.24, n.4, p.973-985, 2000.
- MISCHAN, M. M. *Análise Econométrica de crescimento de gado bovino*, 1972. 210f. Tese (Doutorado em Ciências) - Faculdade de Ciências Médicas e Biológicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 1972.
- MOTULSKY, H. CHRISTOPOULOS, A. *Fitting models to biological data using linear and nonlinear regression- A practical guide to curve fitting*. Oxford: Oxford University Press, 2004. 351p.
- PORTER, T.; KEBREAD, E.; DARMANI KUHI, H.; LOPEZ, S.; STRATHE, A. B.; FRANCE, J. Flexible alternatives to the Gompertz equation for describing growth with age in turkey hens. *Poltry Science*, v.89, p.371-378, 2010.
- PRADO, T. K. L.; SAVIAN, T. V.; MUNIZ, J. A. Ajuste dos modelos Gompertz e Logístico aos dados de crescimento de frutos de coqueiro anão verde. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.43, n.5, p.803-809, 2013.

SCHINCKEL, A. P.; CRAIG, B. A. Evaluation of alternative nonlinear mixed effects models of swine growth. *The Professional Animal Scientist*, v. 18, p. 219-226, 2002.

SCHWARZ, G. Estimating the dimensional of a model. *Annals of Statistics*, Hayward, v.6, n.2, p.461-464, 1978.

Shapiro, S. S.; Wilk, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika*, v.52 (3-4): 591-611, 1965.

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 de gado nelore. *Ciênc.Agrotec.*, Lavras, v.25, n.5, p.1195-1205, 2001.

SOUZA, G. S. *Introdução aos modelos de regressão linear e não-linear*.

Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-SEA, 1998. 489p.

TERRA, M. F.; MUNIZ, J.; SAVIAN, T. V. Ajuste dos modelos logístico e Gompertz aos dados de crescimento de frutos da tamareira-anã (*Phoenix roebelenii* O'BRIEN). *Magistra*, v.22, n.1, p.01-07, 2010.

Recebido em 16.10.2013

Aprovado após revisão em 29.01.2014