

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY RIBEIRO  
CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ

**NORBERTO SILVA ROCHA**

AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO DE CAPRINOS LEITEIROS POR MEIO DE  
MODELOS NÃO LINEARES PRESSUPONDO DIFERENTES ESTRUTURAS DE  
VARIÂNCIA

Campos dos Goytacazes

2013

**NORBERTO SILVA ROCHA**

**AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO DE CAPRINOS LEITEIROS POR MEIO DE  
MODELOS NÃO LINEARES PRESSUPONDO DIFERENTES ESTRUTURAS DE  
VARIÂNCIA**

Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy  
Ribeiro, como requisito parcial para  
obtenção de título de Doutor em Ciência  
Animal.

**ORIENTADOR: PROF. Dr. Ricardo Augusto Mendonça Vieira**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES**

**2013**

## FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCTA / UENF 068/2013

Rocha, Norberto Silva

Avaliação do crescimento de caprinos leiteiros por meio de modelos não lineares pressupondo diferentes estruturas de variância / Norberto Silva Rocha. – 2013.

67 f. : il.

Orientador: Ricardo Augusto Mendonça Vieira.

Tese (Doutorado - Ciência Animal) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Campos dos Goytacazes, RJ, 2013.

Bibliografia: f. 23 – 28.

1. Cabrito 2. Crescimento 3. Heterocedasticidade I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. II. Título.

CDD – 636.3942

**AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO DE CAPRINOS LEITEIROS POR MEIO DE  
MODELOS NÃO LINEARES PRESSUPONDO DIFERENTES ESTRUTURAS  
DE VARIÂNCIA**

**NORBERTO SILVA ROCHA**

Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como requisito parcial para obtenção de título de Doutor em Ciência Animal.

Aprovada em 05 de abril de 2013.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Douglas Sampaio Henrique (D. Sc., Zootecnia) - UTFPR

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Marcelo Teixeira Rodrigues (PhD. Dairy Science) – DZO/UFV

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Fabyano Fonseca e Silva (D. Sc., Estatística) – DET/UFV

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Ricardo Augusto Mendonça Vieira (D. Sc., Zootecnia) - UENF

Orientador

A Deus,

Aos meus pais Ronaldo e Sheila, pelo amor e apoio incondicionais.

A minha esposa Tatiana, por todo seu apoio, compreensão e companheirismo.

As minhas irmãs Andreia, Adriana e Roberta.

Aos meus sobrinhos Amanda, Luiz Fernando, Vivian, Laura Maria, Luiz Felipe, Luiza, Maria Eduarda e Lilian.

À família Oliveira da Silva.

***DEDICO***

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por ter saúde para conduzir os experimentos e pela força para cumprir mais esta etapa.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro pela oportunidade de realização do curso de Pós-Graduação em Ciência Animal, e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES – pela concessão de bolsa de estudo.

Ao Professor Ricardo Augusto Mendonça Vieira pelo acolhimento, pela orientação, por me oferecer todo o aporte necessário, e pela amizade.

Aos membros da banca examinadora Prof. Dr. Douglas Sampaio Henrique, Prof. Dr. Marcelo Teixeira Rodrigues e Prof. Dr. Fabyano Fonseca e Silva pela avaliação do trabalho, orientação e sugestões fornecidas.

Aos companheiros de trabalho da caprinocultura da UENF que me auxiliaram em toda esta minha longa caminhada.

Aos amigos de equipe Matheus Abreu, Leonardo Glória, Nardele Rohem, Wagner Tamy, Carlos Henrique, Jeferson pela colaboração, torcida e apoio.

Aos funcionários da Unidade de Apoio a Pesquisa em Zootecnia Alcir Manhães da Silva, Antonio Pereira de Souza e Robson Alves de Carvalho pela força e ajuda na realização dos experimentos de campo.

E a todos aqueles que não foram citados, mas que contribuíram, direta ou indiretamente, para a realização deste trabalho.

*Considero feliz aquele que quando se fala de êxito busca  
a resposta em seu trabalho.*

**Ralph Waldo Emerson**

*O cientista não é o homem que fornece as verdadeiras  
respostas; é quem faz as verdadeiras perguntas.*

**Claude Lévi-Strauss**

*Alguém que nunca cometeu erros nunca tratou de fazer algo novo.*

**Albert Einstein**

*A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém ainda  
pensou sobre aquilo que todo mundo vê.*

**Arthur Schopenhauer**

## RESUMO

**Rocha, Norberto Silva, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Abril de 2013; Avaliação do crescimento de caprinos leiteiros por meio de modelos não lineares pressupondo diferentes estruturas de variância. Professor Orientador: Ricardo Augusto Mendonça Vieira.**

O objetivo do presente estudo foi avaliar diferentes modelos matemáticos para descrever os perfis de crescimento de cabritos Saanen e Alpinos castrados. Os cabritos utilizados neste estudo foram oriundos de um grande rebanho leiteiro. Os animais foram divididos em dois conjuntos experimentais; sendo as variáveis do primeiro conjunto de dados constituídas pela determinação do peso corporal (PC), de corpo vazio (PCV), carcaça, vísceras, trato gastrointestinal vazio, pele, gordura abdominal, aparas, sangue e conteúdo ruminoreticular fresco, matéria seca, fibra em detergente neutro e lignina nas idades: nascimento, 15, 90, 135, 210, 270, 365 e 485 d de idade. No segundo conjunto de dados foram avaliadas as variáveis  $W$  e  $EBW$  nas idades 7, 37, 67, 142, e 195 d. Os modelos testados foram: Brody, Logístico, Gompertz, Richards e o Michaelis-Menten generalizados para as funções de crescimento com fase simples, ou combinações do modelo monomolecular com os modelos sigmóides constituindo os modelos bifásicos. Adicionalmente, quatro estruturas de variâncias foram testadas, homogênea, heterogênea, exponencial e assintótica em função do tempo para cada modelo ou combinação dos modelos. A escolha do modelo foi baseada no critério de informação e avaliação de verossimilhança. Os perfis de crescimento foram melhores descritos pelos modelos sigmóide simples e o modelo Gompertz que associados à variância exponencial foi a melhor escolha para 57,1% dos perfis estudados, provavelmente devido à fase assintótica não explícita nesta função; os modelos bifásicos apresentaram menor suporte de verossimilhança. No entanto, alguns modelos bifásicos apresentaram ajustes razoáveis para algumas variáveis, como  $W$  e  $EBW$  para os dois conjuntos de dados. Portanto, apesar da maior verossimilhança das funções tradicionais de crescimento, o modelo bifásico é promissor na descrição dos pontos de inflexão observados durante as fases de aleitamento-desmama e pós-desmama dos perfis de crescimento de cabritos de rebanhos leiteiros.

**Palavras-chave:** Caprinos, Crescimento, Heterocedasticidade, Modelos não lineares



## ABSTRACT

**Rocha, Norberto Silva, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; April de 2013; Growth evaluation of dairy goats by means of nonlinear models assuming different variance structures. Professor Orientador: Ricardo Augusto Mendonça Vieira.**

**Abstract.** The goal of the present study was to evaluate different mathematical models to describe growth profiles of growing castrated Saanen and Alpine kids. The kids used in this study came from the annual offspring of a large dairy herd. The kids were divided in two experimental sets; the variables measured in the first set were live weight ( $W$ ), empty body weight ( $EBW$ ), carcass weight, organs, empty gastrointestinal tract ( $GIT$ ), skin, abdominal fat, trimmed cuts, blood, fresh  $GIT$  contents and ruminoreticular fresh, dry matter, neutral detergent fiber, and lignin contents at birth, 15, 90, 135, 210, 270, 365, and 485 d of age.. The second set provided  $W$  and  $EBW$  measured at 7, 37, 67, 142, and 195 d of age. The models tested were: the monomolecular or Brody equation, and the Logistic, Gompertz, Richards, and the generalized Michaelis-Menten models of sigmoid growth, or combinations of the monomolecular with the sigmoid models forming biphasic models. In addition, four types of variances were tested, namely homogeneous, heterogeneous, exponential, and asymptotic variances with time for each model or combination of models. The model selection was based on information criteria and likelihood measures. The time profiles were better described by the sigmoid simple models and the Gompertz model associated to exponential variances was the best choice for 57.1% of the profiles studied probably because of the ill-defined asymptotic phase; the biphasic models presented less likelihood support. Nevertheless, some biphasic models presented reasonable fits to some variables, such as  $W$  and  $EBW$  from both datasets. Therefore, despite the greater likelihood of the traditional growth function, the biphasic models is promising in the description of the inflections points observed during the suckling-weaning and post-weaning phases of the growth profiles of kids from dairy goat herds.

**Keywords:** Nonlinear models, Growth, Heterocedasticity, Goats.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	9
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	11
2.1. Crescimento animal .....	121
2.2. Modelos matemáticos: introdução e aplicabilidade na Zootecnia .....	122
2.3. Curva de crescimento .....	125
2.4. Modelos não lineares aplicados nas curvas de crescimento animal.....	16
2.4.1. <i>Modelo de Brody</i> .....	18
2.4.2. <i>Modelo Logístico</i> .....	18
2.4.3. <i>Modelo de Gompertz</i> .....	19
2.4.4. <i>Modelo de Richards</i> .....	20
2.4.5. <i>Modelo de Michaelis-Menten generalizado (MMG)</i> .....	20
2.4.6. <i>Modelos multifásicos para descrever o crescimento animal</i> .....	21
<b>3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	23
CAPÍTULO 1 .....	29
Abstract.....	30
1. <i>Introduction</i> .....	31
2. <i>Material and Methods</i> .....	32
3. <i>Results</i> .....	38
4. <i>Discussin</i> .....	41
5. <i>Conclusions</i> .....	45
6. <i>References</i> .....	46
<b>APÊNDICE</b> .....	59

## 1. INTRODUÇÃO

O mecanismo de crescimento animal pode ser entendido como um fenômeno complexo, o qual apresenta grande importância para a Zootecnia. O entendimento sobre o comportamento de crescimento pode promover a intensificação da produção pecuária, uma vez que permite relacionar as faixas de peso e idade ideais dos animais para serem submetidos, por exemplo, à reprodução ou ao abate. Além disso, o manejo nutricional e o programa de melhoramento genético podem ser positivamente manipulados com o domínio dos processos que regem o crescimento animal (FITZHUGH, 1976; TEDESCHI et al., 2000; FREITAS, 2005).

O crescimento animal pode ser definido como o resultado líquido positivo entre os processos catabólicos e anabólicos (BERTALANFFY, 1957), o qual é influenciado pelo potencial genético do indivíduo e pelas condições ambientais às quais é submetido. Tais fatores, combinados, determinam a expressão fenotípica resultante num determinado tempo. É importante salientar que o acúmulo de massa corporal de um indivíduo ao longo do tempo é o somatório do crescimento de diferentes órgãos ou tecidos que compõem o organismo como um todo. Assim, os tecidos apresentam diferentes taxas e velocidades de crescimento e maturação, todavia, quando analisados de maneira conjunta, o indivíduo apresenta crescimento harmônico (OWENS et al., 1993).

As relações matemáticas entre massa corporal e idade caracterizam o estudo das curvas de crescimento. A curva de crescimento apresenta forma sigmoide em boa parte dos casos, com uma fase de aceleração da taxa de crescimento nas idades iniciais, um ponto de inflexão (máxima taxa de crescimento) e uma fase de desaceleração da taxa de crescimento até que a assíntota seja alcançada (Brody, 1945).

A matemática tem sido cada vez mais empregada nos sistemas pecuários como ferramenta importante para auxiliar nos processos decisórios, possibilitar a simulação de cenários e antecipar a repercussão de diferentes cursos de ação sobre os sistemas reais de produção. Em geral, os perfis temporais de crescimento estudados por intermédio do ajuste de modelos matemáticos não lineares, desenvolvidos empiricamente para relacionar peso-idade, têm-se mostrado processo

adequado à descrição desse fenômeno. Tais funções matemáticas sintetizam um grande número de medidas em um número reduzido de parâmetros com significado biológico, o que auxilia na interpretação e no entendimento do mecanismo de crescimento (BROWN et al., 1976). Os parâmetros analisados no estudo das curvas de crescimento podem ser utilizados para predizerem, por exemplo, as taxas de crescimento, as exigências alimentares, o peso à maturidade e o grau de maturidade, além de subsidiar critérios específicos para programas de melhoramento genético, como a predição da natureza das variâncias ao longo do crescimento animal.

Entre as diversas funções matemáticas existentes para modelar a curva de crescimento animal podem ser destacados os modelos de Brody ou Monomolecular (BRODY, 1945), Logístico (LAIRD e HOWARD, 1967), Gompertz (FRANCE et al., 1996), Richards (Richards 1959) e o modelo generalizado de Michaelis-Menten (LÓPEZ et al., 2000). É importante salientar que o alvo dos estudos de crescimento animal concentra-se na qualidade de ajuste dos modelos para cada variável analisada. Contudo, o perfil de crescimento pode apresentar mais de um ponto de inflexão ao longo do seu curso. De forma geral, os efeitos das restrições ambientais na produção pecuária (aleitamento, desaleitamento, estacionalidade da produção forrageira, etc.) podem acarretar diferentes fases dentro do processo de crescimento. Neste sentido, a adoção de modelos combinados (modelos multifásicos) para descrever mais de uma fase dentro do perfil de crescimento animal pode constituir uma prática interessante para incrementar a acurácia de predição (MONOD, 1966; KOOPS, 1986; NESETRILOVA, 2005; THORNLEY e FRANCE, 2005).

O perfil de crescimento de caprinos jovens (cabritos) apresenta um comportamento bifásico de crescimento e pelo menos uma fase adicional distinguível. A taxa de crescimento destes animais declina logo após o desaleitamento (uma restrição ambiental), fato este que influencia diretamente a taxa de crescimento na fase posterior ao desmame (MORAND-FEHR, 1981), o que pode ocasionar outra inflexão além da inflexão característica do perfil sigmide de crescimento.

O objetivo deste estudo foi o de avaliar quantitativamente o processo de crescimento em caprinos por meio do ajuste de modelos matemáticos a perfis temporais de crescimento de machos castrados das raças leiteiras Saanen e Alpina.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. *Crescimento Animal*

O crescimento animal tem sido estudado e discutido frequentemente nos últimos tempos. Diversos autores têm especulado sobre a complexidade que envolve este fenômeno. O crescimento animal pode ser definido como o resultado líquido positivo entre os processos catabólicos e anabólicos (BERTALANFFY, 1957), o qual é influenciado pelo potencial genético do indivíduo e pelas condições ambientais às quais é submetido (BRODY, 1945). Tais fatores, combinados, determinam a expressão fenotípica resultante num determinado tempo.

Em termos práticos, o crescimento animal pode ser entendido como um processo morfofisiológico que tem início ainda na fase pré-natal e termina quando o organismo atinge o peso, a maturidade e a conformação característica da espécie. É importante destacar que o crescimento animal ocorre dentro de limites genéticos, inerentes às espécies e às suas interações com o ambiente em que o indivíduo é criado (BRODY, 1945; YÁNEZ, 2002).

O acúmulo de massa corporal, em função do tempo, ocorre devido a dois processos celulares clássicos: hiperplasia (multiplicação celular) e hipertrofia (aumento no tamanho celular). Durante o crescimento embrionário, os tecidos crescem por hiperplasia, porém em mamíferos adultos as células especializadas (neurônios, fibras musculares e adipócitos) perdem sua habilidade em se replicar e crescem somente por hipertrofia ou devido à incorporação de células satélites. No entanto, outros tecidos, como precursores de células sanguíneas, epitélio gastrointestinal, órgãos do trato digestório, entre outros, continuam a se dividir por toda a vida (OWENS et al., 1993).

Durante o fenômeno de crescimento, os tecidos que compõem o animal propriamente dito apresentam diferentes taxas de crescimento e velocidades de maturação. Tal comportamento resulta na ordenação clássica do crescimento diferencial dos tecidos, o qual segue: (1) nervoso; (2) ósseo; (3) muscular e (4) adiposo (ALLEN et al., 1979; OWENS et al. 1993). Por esta razão, a composição corporal é constantemente alterada ao longo do crescimento animal. Yánez (2002) destacou que a diferença na taxa de crescimento dos tecidos é determinante para o destino dos nutrientes no corpo do animal. Tal fato apresenta implicações diretas na eficiência econômica da atividade, uma vez que o custo energético para a conversão do tecido adiposo é superior ao apresentado pelo tecido muscular. Assim, por exemplo, a determinação do momento ideal (peso-idade) para efetuar o abate dos animais pode representar incremento na eficiência da atividade.

## ***2.2. Modelos matemáticos: introdução e aplicabilidade na Zootecnia***

A modelagem (ou ato de modelar) tem sido empregada frequentemente nas diversas ciências do conhecimento humano. De maneira geral, a ferramenta modelagem matemática pode ser entendida como uma ferramenta útil, adotada para auxiliar o processo decisório, por meio da simulação de cenários e predição de diferentes cursos de ação de um sistema específico (DIAS, 1996; BARIONI, 2002). Adicionalmente, a adoção de modelos matemáticos permite descrever e compreender alguns dos processos que ocorrem no interior do sistema e as interações entre seus componentes (BELLOTI, 2000; BARRET e NEARING, 1998), inclusive sem a necessidade de medi-los empiricamente. Lovatto e Sauvart (2002) ressaltaram que a modelagem pode ainda ser utilizada para orientar a execução de pesquisas e identificar áreas, onde o conhecimento é escasso ou mesmo inexistente.

Cangiano et al. (2002) ressaltaram que o desenvolvimento de modelos de simulação e sua implementação em programas computacionais têm sido a maneira mais adequada de obter uma ferramenta útil para o estudo das relações entre os fatores associados a um campo específico de ação.

Em suma, um modelo matemático representa a ação que simula um fenômeno real, de forma a ser possível efetuar previsões de diferentes cenários. Na elaboração dos modelos não se pretende que este seja uma cópia exata da realidade, mas sim uma simplificação que revele os processos chave do fenômeno em questão, de forma a ser possível identificar e prever novas situações dentro do universo em estudo (CAIXETA FILHO, 2000; VALENTIM e GUIMARÃES, 2004).

Os modelos matemáticos podem ser definidos como formulações matemáticas que tentam representar fenômenos físicos ou sistemas biológicos, com a finalidade de gerar uma equação que possa representar tal(is) fenômeno(s) a um determinado nível de verossimilhança. De forma geral, um modelo matemático constitui a forma analítica proveniente de equações diferenciais, composta por: variáveis dependentes e independentes, parâmetros e um erro associado (FRANCE e THORNLEY, 1984). Barioni (2002) complementou que os modelos devem ser tão simples quanto possíveis, e tão complexos quanto necessários para que ocorra o equilíbrio entre as estimativas e a verossimilhança dos parâmetros modelados.

Um modelo matemático pode ser constituído por uma única equação ou por um conjunto de equações que representem, de forma quantitativa, as hipóteses que foram usadas na construção do modelo em questão, as quais se apoiam sobre a realidade dos fatos (SODRÉ, 2007).

Ragsdale (1996) resumiu o processo de construção de um modelo matemático em quatro etapas distintas: (a) identificação do problema; (b) construção do modelo propriamente dito; (c) validação do modelo; e (d) apresentação dos resultados. Este mesmo autor ressaltou ainda que as etapas b e c deverão ser repetidas quantas vezes forem necessárias para que o modelador possa obter informações confiáveis geradas pelo modelo. Nelson (1995) acrescentou que o importante procedimento de validação dos dados inclui a análise estatística do modelo, a fim de verificar se os resultados estimados (preditos) são possíveis de serem obtidos em condições reais.

Com relação às dificuldades na construção dos modelos matemáticos, Tedeschi et al. (2005) relataram que os principais problemas estão relacionados ao nível de agregação das equações adotadas. Estes pesquisadores sugeriram que os passos mais importantes para a construção de um modelo são: definir corretamente o propósito do modelo; determinar a combinação mais eficiente entre as equações

empíricas e teóricas; avaliar as informações aferidas no campo e considerar os benefícios e riscos associados com o uso deste modelo.

Neste contexto, a adoção de tecnologias que tenham o objetivo específico de aperfeiçoar os processos que compõem o sistema de exploração animal constitui uma prática interessante para conferir bons resultados à atividade pecuária. Medeiros (2003) relatou que a modelagem pode ainda ser utilizada como interessante metodologia de ensino e pesquisa nas universidades, bem como empregadas em programas extensionistas e no setor comercial das empresas agropecuárias.

A grande diversidade de informações que envolvem a exploração animal, decorrentes dos complexos sistemas biológicos, enfoca a necessidade de adotar funções matemáticas que detectem a variação das situações reais. Assim, os modelos matemáticos apresentam uma visão integradora da realidade em que todos os elementos e cenários da atividade são avaliados, estudados e recriados, com o intuito de interagir, diagnosticar e modificar possíveis entraves do sistema pecuário (DIAS, 1996; BELLOTI, 2000; BARIONI, 2002; LOVATTO e SAUVANT, 2002). Tais preceitos estão contextualizados na modelagem de sistemas, os quais têm sido frequentemente aplicados à Zootecnia.

A inserção dos modelos matemáticos aumentou efetivamente nos últimos anos, principalmente influenciada pelo desenvolvimento de novas tecnologias computacionais que permitem maior rapidez e acurácia nas análises dos dados, assim como, em decorrência da maior necessidade de prever informações sobre a criação animal (SILVA et al., 2001).

Modelos matemáticos algébricos simples têm sido frequentemente aplicados para auxiliar o planejamento pecuário da atividade zootécnica. Contudo, tem sido intensificada a adoção de modelos matemáticos mais complexos no sistema de produção animal, nos quais são admitidas abordagens não lineares para descrever, por exemplo, os estudos referentes ao crescimento animal, curvas de lactação, cinética de digestão e demais particularidades (FRANCE et al., 1996; TEDESCHI et al., 2005; VIEIRA et al., 2005). Com relação ao crescimento animal, uma forma interessante e eficiente de avaliar este fenômeno consiste no estudo das curvas de crescimento, os quais descrevem uma relação funcional entre peso corporal e a idade do indivíduo (SILVA et al., 2001).



### **2.3. Curva de crescimento**

O interesse no estudo das curvas de crescimento, com intuito de descrever toda a vida do animal, tem sido relatado e discutido desde o início do século XX (FRANCE et al., 1996). As curvas de crescimento animal podem ser caracterizadas como representações gráficas das relações matemáticas existentes entre o acúmulo de massa corporal (M) em função do tempo (t). Na prática, as curvas de crescimento são modelos matemáticos que tentam descrever as alterações do peso-idade (FITZHUGH, 1976; GOTTSCHALL, 1999). O termo “modelo de crescimento” é utilizado para denotar uma função analítica que normalmente é descrita por uma equação simples. Entretanto, uma função de crescimento somente pode ser considerada descritiva da relação peso/idade quando forem respeitados alguns requisitos, tais como: a operacionalidade do modelo, a interpretação biológica dos parâmetros e a acurácia e o grau de complexidade do ajuste (GUEDES et al., 2004). Segundo Fitzhugh (1976) para que um modelo não linear apresente adequada descrição do perfil de crescimento, além da interpretação biológica dos parâmetros, é necessário que este apresente também alta qualidade de ajuste e facilidade de convergência.

Em geral, o perfil do crescimento animal apresenta forma sigmoide, em boa parte dos casos, com quatro fases bem definidas: 1) fase progressiva, o crescimento é acelerado e positivo, atingindo a máxima taxa de crescimento no ponto de inflexão da curva; 2) fase regressiva, a partir do ponto de inflexão a taxa de crescimento começa a desacelerar em virtude de uma série de fatores, ainda não definidos completamente; 3) fase estacionária, o crescimento cessa e o acúmulo de peso ocorre em função da deposição de gordura e da renovação dos tecidos; 4) morte, não há renovação dos tecidos (BRODY, 1945; CRAPLET, 1966; BIFFANI, 1997). Fitzhugh (1976) reportou que no momento da transição entre as fases de aceleração e desaceleração (ponto de inflexão) a curva de crescimento é essencialmente linear, a qual determina a taxa máxima de crescimento animal.

As funções de crescimento apresentam premissas similares para todas as espécies animais, as quais seguem um padrão bem definido com relação à idade (ARANGO e VLECK, 2002).

Entre as aplicações dos conceitos que envolvem o estudo das curvas de crescimento na produção animal, podem ser destacados: resumir as características de crescimento da população em três ou quatro parâmetros; avaliar o perfil de respostas de tratamentos ao longo do tempo; estudar as interações de respostas das subpopulações ou tratamentos com o tempo e obter a variância entre e dentro de indivíduos de grande interesse nos programas de melhoramento genéticos (FREITAS, 2005).

O entendimento sobre a taxa de crescimento, grau de maturação e tamanho à maturidade, entre outras características correlacionadas, podem ser obtidos a partir do estudo das curvas de crescimento. Tais informações podem constituir interessante ferramenta para aumentar a eficiência do rebanho, com destaque para a determinação do momento ideal para encaminhar os animais para a reprodução e abate. Além disso, o estudo das curvas de crescimento possibilita a otimização do manejo nutricional nas diferentes fases do crescimento e constituem excelentes indicadores para a realização de um programa de melhoramento animal eficiente (OLIVEIRA et al., 2000).

#### ***2.4. Modelos não lineares aplicados no estudo das curvas de crescimento animal***

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 (SILVEIRA, 2010).

Em geral, os estudos de crescimento animal são realizados por intermédio de ajustes de modelos não lineares, uma vez que estes permitem sintetizar um grande conjunto de informações em um pequeno número de parâmetros, biologicamente interpretáveis, o que facilita o entendimento deste fenômeno (BROWN et al., 1976; DENISE e BRINKS, 1985). Em corroboração Fitzhugh (1976) relatou que o ajuste

não linear dos dados de peso-idade de cada animal ou de um grupo de animais possibilita a obtenção de informações descritivas sobre a curva de crescimento e/ou informações de prognósticos futuros para animais do mesmo grupo racial sob a mesma condição ambiental.

Freitas (2005) reportou que os modelos não lineares são bastante flexíveis quanto às características do conjunto de dados, sendo possível avaliar as informações mesmo quando: 1) não há equidistância dos resultados; 2) o conjunto de dados apresenta estrutura incompleta; 3) as avaliações adjacentes são mais estreitamente correlacionadas que as demais; e 4) quando as respostas dos indivíduos apresentam variância crescente em função do tempo.

Os principais modelos não lineares referendados na literatura para descrever o comportamento de crescimento dos animais de interesse zootécnico são: Brody ou monomolecular, von Bertalanffy, Gompertz, Logístico e Richards (Brown et al., 1976; Fitzhugh, 1976; Oliveira et al., 2000; Mazzini et al., 2003; Freitas, 2005). De forma geral, estes modelos têm por objetivo descrever uma trajetória assintótica da variável dependente peso, em função da variável independente tempo. A diferença entre tais modelos é dada pela definição do ponto de inflexão da curva, que confere geralmente uma forma sigmoide à mesma.

Os modelos de regressão não linear de Brody, Logístico, Gompertz e Richards, suas equações e o número de parâmetros, respectivamente, estão listados no Quadro 1.

Quadro 1. Modelos não lineares utilizados para o ajuste das curvas de crescimento

Modelos	Equações	Número de parâmetros
Richards	$Y = A/(1 + e^{(B-kt)})^m$	4
Gompertz	$Y = Ae^{(-Be^{(-kt)})}$	3
Logístico	$Y = A/(B + e^{(-kt)})$	3
Brody	$Y = A(1 - Be^{-kt})$	3

Em que Y corresponde ao peso corporal no tempo  $t$ . O parâmetro A é definido como o valor assintótico da função quando  $t$  tende a infinito, o qual representa o tamanho

adulto do animal (peso à maturidade), independente das restrições advindas da interação potencial genético / ambiente. O parâmetro  $B$ , ou constante de integração, não possui interpretação biológica e é utilizado para adequar o peso inicial, fazendo com que a curva passe pela origem. O parâmetro  $k$  corresponde à taxa de maturidade e determina a eficiência do crescimento animal. A taxa de maturidade também pode ser entendida como um indicador da velocidade com que o animal atinge o peso assintótico. O parâmetro  $m$  dá forma à curva de crescimento e, conseqüentemente, determina o ponto de inflexão da mesma.

France et al. (1996) classificaram as funções de crescimento não lineares dividindo-as em dois grupos: simples e conjugadas. Entre as funções simples, os autores definiram os modelos de Brody, Logístico e Gompertz. A função de Richards foi determinada como uma função conjugada.

#### *2.4.1. Modelo de Brody (1945)*

O modelo de Brody foi proposto para descrever o crescimento animal ocorrido após o ponto de inflexão. Todavia, seu uso não está restrito à fixação dos valores iniciais. Em geral, os estudos de crescimento animal que utilizam este modelo adotam o peso ao nascer como o ponto de inflexão da curva, ou seja, descrevem a fase de desaceleração do crescimento. Assim, o perfil de crescimento modelado por esta função não atribui forma sigmoide à curva (OLIVEIRA, 1995).

France et al. (1996) reportaram que o modelo de Brody pressupõe que o mecanismo quantitativo de crescimento é constante e independe do peso ( $W$ ) do organismo. Esses autores ressaltaram que este mecanismo atua a uma taxa proporcional ao nível do substrato ( $S$ ), e o crescimento é irreversível.

#### *2.4.2. Modelo Logístico*

A equação logística foi derivada por Robertson (1908) para auxiliar os estudos de autocatálise e foi introduzida posteriormente na ciência animal (1924) pelo mesmo pesquisador para descrever o crescimento animal (FRANCE et al., 1996).

O modelo Logístico descreve um comportamento sigmoide suave sem descontinuidades (FRANCE et al., 1996). Este modelo permite que o ponto de inflexão da curva de crescimento seja variável, porém com limitações entre 40 a 50% do peso assintótico (NOTTER et al., 1985). A primeira fase deste modelo (autoaceleração) assemelha-se a uma função exponencial de taxa de crescimento constante. No segundo trecho da curva, o perfil de crescimento apresenta semelhança à função de Brody.

O modelo Logístico pressupõe que o mecanismo quantitativo de crescimento é proporcional ao peso do organismo ( $W$ ). Este mecanismo ocorre a uma velocidade proporcional à quantidade de substrato ( $S$ ), e o crescimento é irreversível.

#### *2.4.3. Modelo de Gompertz*

O modelo de Gompertz foi desenvolvido em 1825 por Benjamin Gompertz para estudar as leis de natalidade e mortalidade em humanos (Laird, 1966). Winsor (1932) foi um dos primeiros a propor o uso do modelo Gompertz para descrever o crescimento animal (FRANCE et al., 1996).

O modelo Gompertz descreve um comportamento sigmoide suave, sem descontinuidades, semelhante ao perfil do modelo Logístico. No entanto, assume-se que o crescimento é proporcional ao peso do organismo ( $W$ ), em que a eficácia do mecanismo de crescimento declina com o tempo. O substrato não é limitante e o crescimento é irreversível (FRANCE et al., 1996). O ponto de inflexão nesse modelo é fixo em 0,37 do valor de  $A$  (Paz, 2002).

De forma geral, France et al. (1996) reportaram que o modelo Gompertz apresenta um rápido crescimento inicial no primeiro trecho da curva e uma abordagem mais lenta para atingir a assíntota na segunda fase do crescimento, quando comparado ao modelo Logístico.

#### 2.4.4. Modelo de Richards

A função de Richards foi originalmente desenvolvida para avaliar o estudo de crescimento de plantas (1959), o qual foi baseado no modelo desenvolvido por von Bertalanffy (1957) para descrever o perfil de crescimento animal.

France et al. (1996) citaram que o modelo de Richards corresponde a uma generalização das funções monomolecular (Brody), Logística e Gompertz. Assim, assumindo o ponto de inflexão (o valor do parâmetro  $m$ ) do modelo de Richards igual à zero, obtém-se o modelo de Brody; quando igual a  $2/3$ , o modelo von Bertalanffy; tendendo a 1, o modelo de Gompertz; e se igual a 2, o modelo Logístico. Portanto, os primeiros modelos são casos especiais do modelo de Richards (McManus et al., 2003; Guedes et al., 2004; Sarmiento et al., 2006).

A importância desse modelo reside no ponto de inflexão, dependente do parâmetro  $m$  (Quadro 1), que deve ser estimado para cada análise com intuito de melhorar a interpretação biológica. O modelo de Richards apresenta quatro parâmetros e ponto de inflexão variável. Brown et al. (1976) ressaltaram que há grandes dificuldades na utilização desta função de crescimento, devido à não-convergência da solução iterativa, sendo que a principal causa seria a alta correlação negativa entre os parâmetros  $B$  e  $m$ .

#### 2.4.5. Modelo de Michaelis-Menten generalizado (MMG)

Uma generalização do modelo original de Michaelis-Menten foi proposta por López et al. (2000) para descrever o perfil de crescimento animal. Esta generalização teve o objetivo de proporcionar forma sigmoide à curva, uma vez que o modelo original não apresentava ponto de inflexão no perfil de crescimento. O modelo MMG apresenta um parâmetro a mais em relação aos modelos Brody, Logístico e Gompertz. Segundo López et al. (2000) o modelo MMG apresentou adequado ajuste aos dados de peso/idade para diversas espécies animais, demonstrando resultados similares aos modelos Gompertz e Richards.

#### *2.4.6. Modelos multifásicos para descrever o crescimento animal*

De maneira geral, os modelos não lineares utilizados para descrever o crescimento animal consideram apenas um ponto de inflexão no perfil de crescimento. No entanto, algumas restrições ambientais no curso da criação podem afetar o comportamento de crescimento e, assim, resultar em mais pontos de inflexão na curva de crescimento animal. Normalmente estas restrições ambientais demarcam algum momento específico do crescimento animal, os quais limitam ainda que temporariamente, o perfil de crescimento. A transição das diferentes fases fisiológicas que os animais atravessam durante o crescimento, a alternância de dietas e a escassez de alimento em um determinado período são exemplos de restrições ambientais que acometem a produção animal.

Neste contexto, a adoção de modelos combinados (modelos multifásicos) para descrever mais de uma fase dentro do perfil de crescimento animal pode constituir uma prática interessante para incrementar a acurácia de predição das funções de crescimento. Em termos práticos, considera-se um único modelo formado por dois ou mais submodelos, de forma que cada um explique uma determinada fase do crescimento animal (MONOD, 1966; KOOPS, 1986; NESETRILOVA, 2005; THORNLEY e FRANCE, 2005).

O perfil de crescimento de cabritos jovens apresenta este referido comportamento, o qual é bem evidenciado nesta espécie animal. A taxa de crescimento destes animais declina logo após o desaleitamento (uma restrição do ambiente), fato este que influencia diretamente a taxa de crescimento na fase posterior à desmama e, assim, ocasiona outro ponto de inflexão no perfil de crescimento (Morand-Fehr, 1981). Em geral, o perfil de crescimento de cabritos oriundos de rebanhos leiteiros no Brasil apresenta pelo menos dois pontos de inflexão visualmente detectáveis: um na fase de transição desaleitamento/pós desmama, e outro próximo à puberdade, apesar da proximidade entre esses dois eventos no perfil temporal.

Com relação à escolha do melhor modelo de crescimento dentro de um mesmo conjunto de dados, é necessário adotar ferramentas estatísticas com o intuito de comparar os diferentes modelos e, assim, determinar o perfil mais verossímil para cada variável em questão (SILVEIRA et al., 2009). Estas referidas

ferramentas são denominadas avaliadores da qualidade de ajuste. De forma geral, a grande maioria dos trabalhos que envolvem a comparação dos modelos de crescimento utiliza o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) e o desvio padrão residual como avaliadores da qualidade de ajuste. Entretanto, considerando o avanço tecnológico dos últimos anos, outros importantes avaliadores, tais como: critério de informação de Akaike (AKAIKE, 1974); o critério de informação bayesiano (SCHWARZ, 1978); e outros avaliadores, podem ser utilizados para indicar com maior acurácia o melhor perfil de crescimento entre os modelos avaliados.



### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ALLEN, R. E.; MERKEL, R. A.; YOUNG, R. B. Cellular aspects of muscle growth: Myogenic cell proliferation. **Journal Animal Science**. v.49, p.115, 1979.

Arango, J. L. & Vleck, D.V. Size of beef cows: early ideas, new developments. **Genetics and Molecular Research**, v. 1, n.1, p.51-63, 2002.

BARIONI, L.G.; VELOSO, R.F>; MARTHA Jr., G.B. MODELOS DE TOMADA DE DECISÃO PARA PRODUTORES DE OVINOS E BOVINOS DE CORTE. In: EVERLING, D.M.; QUADROS, F.L.F.; VIÉGAS, J.; SANCHES, L.M.B.; GONÇALVES, M.B.F.; LOVATTO, P.A.; RORATO, P.R.N. (Ed.) **Modelos para tomada de decisões na produção de bovinos e ovinos**, Santa Maria, 2002. Anais. Santa Maria: UFSM, 2002. p. 05-60.

BARRET, J.R.; NEARING, M.A. Humanization of Decision Support Using information from Simulations. In: PEART, R.M. e CURRY, R.B. (Ed). **Modeling Agricultural Systems**, Marcel Dekker, Gainesville, Flórida, , p.1-18, 1998.

BELLOTI, W.D., The role of forages in sustainable cropping systems of Southern Australia. In: INTERNATIIONAL GRASSLAND CONGRESS, 19, Piracicaba, 2001. **Proceedings**. Piracicaba: FEALQ, p.729-735, 2001.

BERTALANFFY, L.V. Quantitative laws in metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, n.3, p.217-230, 1957.

BIFFANI, S. **Influência dos fatores ambientais sobre o crescimento de bovinos da raça nelore e estimativa de parâmetros genéticos pelos métodos de Henderson 3 e REML**. 1997. 121p. Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Dissertação (Mestrado).

BRODY, S. **Bioenergetics and growth**. New York: Reinhold Publication, p.1023, 1945.

BROWN, J. E.; FITZHUGH, H. A.; CARTWRIGHT, T. C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, v. 42, p.810-818, 1976.

CAIXETA FILHO, J.V. **Pesquisa Operacional: Técnicas de Otimização Aplicadas a Sistemas Agroindustriais**. Piracicaba: ED. J.V. CAIXETA FILHO, 212p., 2000.

CANGIANO, C. Com past 3.0 – programa de computação para estimar o consumo de bovinos em pastejo: uma aplicação em sistemas leiteiros. In EVERLING, D.M.; QUADROS, F.L.F.; VIÉGAS, J.; SANCHES, L.M.B.; GONÇALVES, M.B.F.; LOVATTO, P.A.; RORATO, P.R.N. (Ed.) **Modelos para tomada de decisões na produção de bovinos e ovinos, Santa Maria**, 2002. Anais. Santa Maria: UFSM, 2002. p. 69-94.

CRAPLET, C. **Traité D'Élevage Moderne Tome III, La Viande de Bovins. Livre I**. Paris: Vigot Frères Editeurs. 545p. 1966.

DENISE, R. S. K.; BRINKS, J. S. Genetic and environmental aspects of the growth curve parameters in beef cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 61, n. 6, p. 1431-1440, July 1985.

DIAS, C.T.S. **Planejamento de uma fazenda em condições de risco: programação linear e simulação multidimensional**. Piracicaba, 1996. 100p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

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

FRANCE, J.; DIJKSTRA, J.; DHANOA, M.S. Growth functions and their application in animal science. *Ann Zootech* (1996), 45 Suppl 141, p.165-174, 1996.

FRANCE, J.; THORNLEY, J. H. M. **Mathematical models in agriculture**. London: Butterworks, 1984. 335 p.

FREITAS, A. R. Curvas de Crescimento na Produção Animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.

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.; SANTOS C. L. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das Raças Santa Inês e Bergamácia considerando Heterogeneidade de variâncias. **Ciência Agrotecnologia**. Lavras, v. 28, n. 2, p. 383-390, 2004.

KOOPS, W.J., 1986. Multiphasic growth curve analysis. **Growth** 50, 169-177.

LAIRD A. K. **Postnatal growth of birth and mammals**. *Growth* 30, p.349-363.1966.

LAIRD, A.K.; HOWARD, A. Growth curves in inbred mice. **Nature**, London, v.213, n.5078, p.786-788, 1967.

LITTELL, R.C., Milliken, G.A., Stroup, W.W., Wolfinger, R.D., Schabenberger, O., 2006. SAS<sup>®</sup> for Mixed Models. **SAS Institute Inc.**, Cary, USA.

LÓPEZ, S., France, J., Gerrits, W.J.J., Dhanoa, M.S., Humphries, D.J., Dijkstra, J.,. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. **Journal Animal Science** 78, 1816-1828, 2000.

LOVATTO, P.A.; SAUVANT, D. Premissas básicas para o desenvolvimento de modelos na agricultura. In: **Modelos Para a Tomada de Decisões na Produção de Bovinos e Ovinos**. Eds. Everling, D.M.; Quadros, F.L. Viégas, J.; Sanchez, L.M.; Gonçalves, M.B.F.; Lovatto, P.A; Rorato, P.R.N. Santa Maria, RS. 2002.

MAZZINI, A. R. A.; MUNIZ, J. A.; AQUINO, L. H.; SILVA, F. F. Análise da curva de crescimento de machos Hereford. **Ciência Agrotecnologia**, v. 27, p. 1105-1112, 2003.

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.

McMANUS, C.; MIRANDA, R.M. Comparação das raças de ovinos Santa Inês e Bergamácia no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.5, p.1055-1059, 1997.

MEDEIROS, H.R. **Avaliação de modelos matemáticos desenvolvidos para auxiliar a tomada de decisão em sistemas de produção de ruminantes em pastagens**. Tese (doutorado), Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Faculdade de Agronomia, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, 2003.

MONOD, J., 1966. From enzymatic adaptation to allosteric transitions. **Science** 154, 475.

MORAND-FEHR, P., 1981. Growth. In: Gall, C. (Ed.), Goat Production. **Academic Press Inc.**, London, pp. 253-283.

NOTTER, D. R.; Lucas, J. R.; Mcclaugherty F. S. et al. Breed group differences in testicular growth patterns in spring-born ram lambs. **Journal of Animal Science**, v.60, p.622-631, 1985.

NELSON, B.L. **Stochastic Modeling: Analysis and Simulation**. McGraw-Hill, p.321, 1995.

NESETRILOVA, H., 2005. Multiphasic growth models for cattle. *Czech Journal of Animal Science* 50, 347-354.

OLIVEIRA, D. F. **Desempenho ponderal e biometria corporal de caprinos da raça Anglonubiana criados sob sistema semi-intensivo**. Itapetinga: Universidade Estadual do Sudeste da Bahia, 16 52p., 2007. Dissertação (Mestrado em Zootecnia - Produção de Ruminantes) - Universidade Estadual do Sudeste da Bahia, 2007.

OLIVEIRA, H. N. **Análise genético-quantitativo da curva do crescimento de fêmeas da raça Guzerá**. Ribeirão Preto, Brasil: Faculdade de Medicina veterinária USP, 1995. 73p. Tese (Doutorado em Ciências).

OLIVEIRA, G.J.C. A raça Santa Inês no contexto da expansão da Ovinocultura. In: SIMPÓSIO MINEIRO DE OVINOCULTURA: Produção de carne no contexto atual, 1, Lavras. **Anais...**Lavras-MG, p.1-20, 2001.

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

OWENS, F.N., DUBESKI, P., HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Journal of Animal Science**, v.71, p.3138-3150. 1993.

PAZ, C. C. P. **Associação entre polimorfismos genéticos e parâmetros da curva de crescimento em bovinos de corte.** 2002. 107 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Animal) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, 2002.

RAGSDALE, C.T. **Spreadsheet modeling and decision analysis: a practical introduction to management science.** South Western College Publishing, Cincinnati, p.730, 1996.

SARMENTO, J. L. R.; REGAZZI, A. J.; SOUSA, W. H.; TORRES, R. A.; BREDA, F. C.; MENEZES, G. R. O. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.435-442, 2006.

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

SILVA, D.J.; QUEIROZ, A.C. **Análise de alimentos** (métodos químicos e biológicos). 3.ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 235p., 2002.

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**, v.25, n.5, p.1195-1205, 2001.

SILVA, F. L. R.; ARAÚJO, A. M. de. Desempenho produtivo em caprinos mestiços no semi-árido do Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1028-1035, 2000.

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) São Carlos-SP. UFScar, 2009.**

SODRÉ, U. **Apostila de Modelos Matemáticos.** Londrina- PR, UEL, 2007.

TEDESCHI, L.O.; BOIN, C.; NARDON, R.F. et al. Estudo da curva de crescimento de animais da raça Guzerá e seus cruzamentos alimentados a pasto, com e sem suplementação. 1. análise e seleção das funções não lineares **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.630-637, 2000.

TEDESCHI, L. O., D. G. FOX, M. J. BAKER, K. **A model to evaluate beef cow efficiency.** In: Modeling Nutrient Utilization in Farm Animals. J. Dijkstra, ed. CABI Publishing, Cambridge, MA, 2006.

TEDESCHI, L. O., D. G. Fox, R. D. Sainz, L. G. Barioni, S. R. Medeiros, C. Boin. **Using mathematical models in ruminant nutrition**. Scientia Agricola. 62:76-91, 2005.

Thornley, J.H.M., France, J., 2005. An open-ended logistic-based growth function. **Ecological Modelling** 184, 257-261.

VALENTIN, J. L.; GUIMARÃES, M. A. **A modelagem ecológica em Limnologia**. In: BICUDO, C.E.M.; BICUDO, D.C. (Org.). **Amostragem em Limnologia**. São Carlos: Rima, 2004. 251 p.

VIEIRA, R.A.M.; MALAFAIA, P.A.M.; DA SILVA, J.F.C. et al. 2005. Suplementação na criação de caprinos de corte em pastejo. In: ZOOTEC, 2005, Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande: ABZ/UPIS, 2005. p.1-40. CD-Rom. Caprinocultura E Ovinocultura.

YÁÑEZ, E. A. **Desenvolvimento relativo dos tecidos e características da carcaça de cabritos Saanen, com diferentes pesos e níveis nutricionais**. 2002. 85 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2002.

## CAPÍTULO 1

O capítulo a seguir corresponde ao artigo integrante desta dissertação submetido como manuscrito ao jornal “*Livestock Science*” (ISSN: 0377-8401) e, como tal, sua redação e edição foram preparadas segundo as normas deste periódico, normas essas constantes na página do mesmo na rede mundial de computadores conforme o endereço a seguir:

<http://www.elsevier.com/livsciauth /ndauth/Approve.asp?currentpag=1>

Data de acesso: 25/04/2013

## Quantitative description of growth of castrated male goats

Norberto Silva Rocha<sup>1</sup>, Ricardo Augusto Mendonça Vieira<sup>2,#</sup>, Matheus Lima Correa Abreu<sup>1</sup>, Raphael Pavesi Araújo<sup>1</sup>, Leonardo Siqueira Glória<sup>1</sup>, Wagner Pessanha Tamy<sup>1</sup>, Carlos Camisa Nova<sup>2</sup>, Alberto Magno Fernandes<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduate Program in Animal Science, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil.

<sup>2</sup>Laboratório de Zootecnia e Nutrição Animal, UENF, Av. Alberto Lamego, 2000, Campos dos Goytacazes, RJ, CEP 28013-602, Brazil.

#Corresponding author: UENF/CCTA/LZNA, Av. Alberto Lamego, 2000, Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil, CEP 28013-602. E-mail: ramvieira@uenf.br.

**Abstract.** The goal of the present study was to evaluate different mathematical models to describe growth profiles of growing castrated Saanen and Alpine (chamois) kids. The kids used in the present study came from two experimental sets; the variables measured in the first set were live weight ( $W$ ), empty body weight (EBW), carcass weight, organs, empty gastrointestinal tract ( $GIT$ ), skin, abdominal fat, trimmed cuts, blood, fresh  $GIT$  contents, and ruminoreticular fresh, dry matter, neutral detergent fiber, and lignin contents at birth, 15, 90, 135, 210, 270, 365, and 485 d of age. The second set provided  $W$  and  $EBW$  measured at 7, 37, 67, 142, and 195 d of age. The models tested were: the monomolecular or Brody equation, and the Logistic, Gompertz, Richards, and the generalized Michaelis-Menten models of sigmoid growth, and combinations of the



monomolecular with the sigmoid models forming biphasic models. In addition, four types of variances were tested, namely homogeneous, discrete heterogeneous, exponential, and asymptotic variances with time for each model. The model selection was based on information criteria and likelihood measures. The time profiles were better described by the sigmoid simple models and the Gompertz model associated to homogeneous and exponential variances was the best choice for 57.1% of the growth profiles probably because of the ill-defined asymptotic phase; the biphasic models presented less likelihood support. Nevertheless, some biphasic models presented reasonable fits to some variables, such as  $W$  and  $EBW$  from both datasets, particularly the second dataset. Therefore, despite the greater likelihood of the traditional growth functions, the biphasic models are promising for the description of the inflections points observed during the suckling-weaning and post-weaning phases of the growth profiles of kids from dairy goat herds.

**Keywords:** Nonlinear mixed models, Growth models, Heterocedasticity, Dairy goats.

## 1. Introduction

The quantitative description of growth evolved from the observation of the cumulative sigmoid (S-shaped) behavior (Sandland, 1983). Growth is a time-dependent process built on the growing of several body parts to form the body proper (Owens et al., 1993; Thornley and France, 2005). During growth, the internal part of the system, e.g., the animal as a system, has its body in a transient state in which feedback mechanisms (both positive and negative activated/mediated by nutrients, hormones, and other signals), as well as the transport of nutrients after assimilation, its storage or mobilization combine to introduce lags (Lucas, 1964) or time-delays that yield a time

series plot resembling a crescent sigmoid pattern (Brody, 1945). Therefore, S-shaped mathematical functions operate well in the description of these processes resumed as growth, and several improvements have been added to the original Logistic and Gompertz equations commonly used for the description of growth (López et al., 2000). Nonetheless, some growth phenomena may present more than one inflection point due to constraints impinged by the environment, which demands a rather general quantitative approach (Monod, 1966; Koops, 1986; Nesetrilova, 2005; Thornley and France, 2005). The growth rate of goat kids may be an example of those phenomena because their growth rate starts to decrease soon after the birth, and the severity of the weaning shock may affect growth rate after weaning (Morand-Fehr, 1981), and these constraints appear to introduce another inflection point to the growth profile. We have observed that growth profiles of goat kids from ordinary dairy herds in Brazil present at least two visually detectable inflection points: one at the transient stage during the suckling-weaning phase and the other one near the pubertal period, despite the close proximity between these two events in the time profile. Therefore, the goal of this study was to evaluate the use of traditional and multiphasic models to describe the developmental stages of growth as indicated by possible additional inflection points in growth profiles of castrated Alpine and Saanen kids.

## **2. Material and methods**

The growth profiles were obtained from two independent experimental sets of growing kids. The first one was formed by growing Saanen and Alpine (Chamois) male kids that were sampled from the annual offspring a large dairy herd reared in Viçosa (MG, Brazil). Completed two weeks after birth the sampled kids were moved to Campos

dos Goytacazes (RJ, Brazil). The kids were slaughtered at birth, 15, 90, 135, 210, 270, 365, and 485 d, with four animals slaughtered per age. The kids that lasted more than 15 d during the experiment were castrated at 15 d of age. Afterwards, two Saanen and two Alpine kids were slaughtered at birth; one Saanen and three Alpines were slaughtered at the age of 15 d, and the same amounts (one plus three) were slaughtered at 90, 270, and 365 d, and four Alpine kids were slaughtered at 135, 210, and 485 d, respectively. Therefore, a total of six Saanen and 26 Alpine kids were slaughtered. The animals were divided into eight groups according to the age at slaughter and raised accordingly from birth to the respective slaughtering age.

The kids were reared in a barn (floor-type bed) until weaning at 90 d and received during the suckling phase 1.8 L of a 50:50 cow milk and milk replacer (Lactose content of 250 g/kg DM) mixture split between the morning and afternoon meals. The solid diet was based on the offer of an *ad libitum* concentrate containing soybean meal (265.8 g/kg DM), grounded corn (531.0 g/kg DM), wheat flour (39.7 g/kg DM), sugar (9.9 g/kg DM), soybean oil (29.9 g/kg), and a premix (14.9 g/kg DM), and *ad libitum* chopped of Mombasa (*Urochloa maxima* (Jacq.) R. Webster) or Angola (*Urochloa mutica* (Forssk.) T.Q. Nguyen) grasses according to their availability. The kids DM intake (DMI) of the suckling-phase concentrate started from a negligible amount. The DMI of the diet measured for each group (pen) and then scaled to the metabolic body size allowed to compute the means and standard deviations at each age. At weaning kids were eating approximately 33.5 (SD = 0.2) g/(d × kg<sup>3/4</sup>) of DM. The DMI scaled to the metabolic body size of fresh chopped grass at weaning was about 8.0 g/(d × kg<sup>3/4</sup>) (SD = 0.4). After weaning the animals were moved to a wooden stilted-type barn with slatted floor and fed a single diet formulated for a target liveweight gain of 150 g/d according to NRC (2007). The model equations were programmed in an electronic spreadsheet (Microsoft

Excel®) and the diet formulated to fulfill maintenance and gain requirements. The diet included, on a dry matter basis, a concentrate containing 283.5 g/kg soybean meal, 575.3 g/kg grounded corn, and 29.7 g/kg mineral premix. The DMI of the kids averaged to 66.6 (SD = 4.5), 59.4 (SD = 0.8), 60.9 (SD = 2.6), 54.8 (SD = 0.3), and 54.4 (SD = 6.7) g/(d × kg<sup>3/4</sup>) at 135, 210, 270, 365, and 485 d, respectively. The roughage to concentrate ratio in the offered dry matter was about 1:3.

The kids were weighed systematically to check the liveweight gain. Nonetheless, the live weights (*W*) used were those recorded (nearest to 0.1 kg) at each slaughter age. Thence, two animals were weighed and slaughtered two hours after the morning meal (08:00 h), and two animals weighed and slaughtered two hours after the afternoon meal (16:00 h). The objective was measuring the full gastrointestinal tract contents. The animals were rendered insensible, bled, flayed, and eviscerated. The skin was weighed. The head and members were separated from the whole carcass and weighed. The carcass was separated into its left and right halves and weighed. The segments of the gastrointestinal tract (*GIT*) were separated and weighed full, and each segment was emptied and weighed after washed and allowed to dry indoors for almost three hours. The contents of each segment of the *GIT* were sampled. The individual weight of the organs, namely the heart, lungs and trachea, liver and gall bladder, spleen, kidneys, tongue and pharynx-larynx, esophagus, remaining reproductive tract and bladder were recorded. The omental and pelvic fat, as well as the fat around the kidneys was removed from the carcass and weighed as abdominal fat or non-carcass fat. The trimmed parts (diaphragm, non-carcass muscle pieces, and thymus) were pooled and weighed. All the weights of the parts were recorded to the nearest 0.005 kg.

The contents of the rumen-reticulum were sampled and analyzed for DM (method 967.03; AOAC, 1998), neutral detergent fiber assayed with sodium sulphite and

heat-stable standardized amylase (NDF; Mertens, 2002), and Lignin assessed by the acid-detergent and sulphuric acid method (method 973.18; AOAC, 1998).

The second experimental set was obtained from the study of Guevara (2012), who fed Saanen and Alpine (Chamois) kids sampled from the same large dairy herd from which the kids of the first set were taken. In this second experiment the kids were raised with increasing levels of fat in the goat milk, namely 2.42, 3.44, 4.43, 6.56, and 8.21 g/kg of goat milk as fed. The weaning was applied at 90 d and a single diet based on corn silage and concentrate was fed. The kids were slaughtered at 7, 37, 67, 142, and 195 d of age. The liveweight gain and the empty body weight gain of the animals were also measured at each slaughtering age of that experiment and used in the present study because of the additional points measured between 15 and 90 d in the growth profile.

The growth profiles of the first experimental set were described quantitatively by nonlinear models. The common assumption of normality was assumed for all variables. Nonetheless, different structures for the variances were tested. The general form attributed to the nonlinear models was  $Y \sim Normal(\mu_{Y_t}, \sigma_{Y_t}^2)$ . The following mathematical functions were ascribed to  $\mu_{Y_t}$ :

$$\mu_{Y_t} = Y_f - (Y_f - Y_0) \exp(-kt); \quad \text{Eq.(1)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_f Y_0 / [Y_0 + (Y_f - Y_0) \exp(-kt)]; \quad \text{Eq.(2)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_0 \exp[k(1 - \exp(-Dt))/D]; \quad \text{Eq.(3)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_f Y_0 / [Y_0^m + (Y_f^m - Y_0^m) \exp(-kt)]^{(1/m)}; \quad \text{Eq.(4)}$$

$$\mu_{Y_t} = (Y_0 K^p + Y_f t^p) / (K^p + t^p); \quad \text{Eq.(5)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_{f1} - (Y_{f1} - Y_{10}) \exp(-k_1 t) + Y_{f2} Y_{20} / [Y_{f1} + (Y_{f2} - Y_{20}) \exp(-k_2 t)]; \quad \text{Eq.(6)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_{f1} - (Y_{f1} - Y_{10}) \exp(-k_1 t) + Y_{20} \exp[k_2(1 - \exp(-Dt))/D]; \quad \text{Eq.(7)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_{f1} - (Y_{f1} - Y_{10}) \exp(-k_1 t) + Y_{f2} Y_{20} / [Y_{20}^m + (Y_{f2}^m - Y_{20}^m) \exp(-k_2 t)]^{(1/m)}; \quad \text{Eq.(8)}$$

$$\mu_{Y_t} = Y_{f1} - (Y_{f1} - Y_{10}) \exp(-k_1 t) + (Y_{20} K^p + Y_{f2} t^p) / (K^p + t^p). \quad \text{Eq.(9)}$$

In which  $Y_f$  (mass unit) is the asymptotic growth for models of single phase growth;  $Y_0$  (mass unit) is the initial growth at birth;  $k$  is the specific growth rate (1/d) defined as the product  $1/Y \times dY/dt$ ;  $D$  is the fractional rate of decline of  $k$ ;  $m$  is a general exponent greater than  $-1$ ;  $K$  is the time at which half of the asymptotic growth ( $Y_f$ ) is achieved;  $p$  is a dimensionless positive constant; and  $t$  is the age expressed in days. The Eq.(1)–(5) are the Monomolecular (Brody, 1945; France et al., 1996), Logistic, Gompertz, Richards, and generalized Michaelis-Menten (GMM) growth functions (France et al., 1996; López et al., 2000), respectively. The biphasic growth functions were obtained by combining the Monomolecular model with the Logistic, Gompertz, Richards, and GMM growth to form the Brody-Logistic (Eq. 6), Brody-Gompertz (Eq. 7), Brody-Richards (Eq. 8), and Brody-GMM (Eq. 9) models, respectively. The parameters of the biphasic models are described as follows:  $Y_{10}$  (mass unit) is the scale intercept for the monomolecular growth phase;  $Y_{f1}$  (mass unit) is the scale asymptote of the first-stage (= monomolecular) growth;  $k_1$  (1/d) is the specific rate of the monomolecular growth;  $Y_{f2}$  (mass unit) is the scale asymptote of the second stage phase of growth or sigmoid growth phase;  $k_2$  (1/d) is the specific rate of the second-stage sigmoid growth; and  $D$ ,  $m$ ,  $p$ , and  $K$  have the same meanings as previously described but are applicable to the second stage of the growth profile or sigmoid growth.

The variances were modeled according to the following expressions:

$$\sigma_{Y_t}^2 = \sigma^2; \quad \text{Eq. (10)}$$

$$\sigma_{Y_t}^2 = \sigma_{t_1}^2, \sigma_{t_2}^2, \dots, \sigma_{t_j}^2; \quad \text{Eq. (11)}$$

$$\sigma_{Y_t}^2 = \sigma_0^2 \exp(ct); \quad \text{Eq. (12)}$$

$$\sigma_{Y_t}^2 = \sigma_0^2 + \sigma_b^2 [1 - \exp(-st)]. \quad \text{Eq. (13)}$$

A common error variance was assumed in Eq. (10); discrete heterogeneous variances in the growth profile were assumed in Eq. (11) so that the  $j$ -th age in the time profile had its own variance; an exponential increase of the initial variance ( $\sigma_0^2$ ) with time at a specific increase rate ( $c, 1/d$ ) was assumed in Eq. (12); and an asymptotic increase ( $\sigma_b^2$ ) of the initial variance with time at a specific decreasing rate ( $s, 1/d$ ) was assumed in Eq. (13).

The growth profiles of the second experimental set obtained from the data gathered from Guevara (2012) were fitted by considering the same general formulation of the nonlinear model, i.e.,  $Y \sim Normal(\mu_{Y_t}, \sigma_{Y_t}^2)$ , and to  $\mu_{Y_t}$  were ascribed the single phase and double phase growth models described by Eq. (1)–(9) to evaluate the possibility of existence of an inflection point in the transient suckling-post weaning phase. Because 195 d could not be enough to have started the definition of the asymptotic phase of growth, an additional model was fitted to the growth profiles of the second experimental set and described as follows:

$$\mu_{Y_t} = Y_{f1} - (Y_{f1} - Y_{10}) \exp(-k_1 t) + Y_{20} \exp(k_2 t). \quad \text{Eq. (14)}$$

In which  $Y_{f1}$ ,  $Y_{10}$ , and  $k_1$  have the same meanings as previously described for the monomolecular or first-stage growth,  $Y_{20}$  is the initial growth of the second stage (= exponential) growth, and  $k_2$  is the specific growth rate (1/d) of the exponential stage of growth. The variance structure was also fitted according to Eq. (10)–(13).

The nonlinear models were fitted to the growth profiles by means of the NLMIXED procedure of SAS (version 9, SAS System Inc., Cary, NC, USA). The estimation algorithm chosen was the Newton-Raphson, and a parameter grid search allowed. For few cases the Newton-Raphson algorithm did not converge and the Quasi-Newton algorithm was used to obtain convergence. However, a linear mixed model was fitted a

*priori* by using the MIXED procedure of SAS to obtain initial estimates for the variances by considering homogeneous and discrete heterogeneous variances with time.

The growth profiles were described by the model that presented the highest likelihood probability ( $w_r$ ) in representing reality. This task was achieved by computing information criteria, i.e.,  $AICc_r$ ,  $\Delta_r$ ,  $w_r$ , and  $ER_r$  measures computed for the  $r$ -th model in the set of possible models ( $9 \times 4$  for the first dataset, and  $10 \times 4$  in the second dataset), according to the definitions and recommendations provided by Burnham and Anderson (2004) and Vieira et al. (2012). Despite the situations in which equal likelihood probabilities among models were observed ( $\Delta_r \leq 2.0, ER_r \leq 5$ ), the one with the smaller number of parameters ( $\theta_r$ ) was considered the best choice for representing the growth profile. The models that shared  $2.0 < \Delta_r \leq 8.0$  and  $5 < ER_r \leq 20$  values were considered to have less support in representing reality. The models that presented  $\Delta_r > 8.0$  and  $ER_r > 20$  values were considered to have no support.

### 3. Results

The profiles of the first experimental set were best described by the single phase models as depicted by Eq. (1)–(5), with only one exception. In Table 1 were presented only the models that achieved  $\Delta_r \leq 2.0$ . The Eq. (5), with a homogeneous variance fitted to the lignin contents of the ruminoreticulum (*RRLignin*), resulted in an unusual sharp increase preceded and followed by long stable phases. This problem might happen due to the flexible nature of Eq. (5). In the case of *RRLignin*, the best performed fit was considered for Eq. (2) with an exponential variance structure as depicted by Eq. (12). Given the variables studied, Eq. (3) (Gompertz) was the best choice in 57.1% of the cases for  $\mu_{Y_t}$ . Nonetheless, for 35.7% of the variables had its  $\sigma_{Y_t}^2$  better described by the



exponential model, 50.0% presented a homogeneous variance, and 14.3% presented an asymptotic variance. The Monomolecular or Brody function, i.e., Eq. (1), was the best choice for describing 14.3% of the cases, both cases associated to homogeneous variances. The Logistic model or Eq. (2) was the best choice for 28.6% of the variables listed in Table 1: two variables presented homogeneous variances, in one case the variances increased exponentially, and in one case the variances increased asymptotically. The biphasic functions did not present  $\Delta_r \leq 2.0$ .

The models that shared  $2.0 < \Delta_r \leq 8.0$  and  $3 < ER_r \leq 50$  values were considered to have less support in representing reality and were presented in Table 2. Nonetheless, some variables were presented to illustrate what would be the effect of considering an additional and detectable inflection point in the growth profile. The capabilities of the monomolecular and the Gompertz models combined to form Eq. (7) resulted in a reasonable fit to *W*, *EBW*, and *Carcass*. The exponential structure was more likely to represent the increase of the variances of *W*, *EBW*, and *Carcass* weights as the slaughter age increased. The weight of the trimmed cuts might be described by Eq. (9) and the variances appeared to increase asymptotically (Table 2), but this model still presented a lower likelihood if compared to the most likely fit observed and shown in Table 1.

The estimated parameters for both terms of  $Y \sim Normal(\mu_{Y_t}, \sigma_{Y_t}^2)$ , i.e.,  $\hat{\mu}_{Y_t}$  and  $\hat{\sigma}_{Y_t}^2$ , are presented in Table 3 after considering the most likely fitted functions chosen on the basis of the likelihood criteria presented in Tables 1 and 2.

The panels of the Fig. 1 and 2 present the observed and predicted values of the best fits chosen for each variable, as well as the asymptotic confidence intervals. The predicted values, i.e.,  $\hat{\mu}_{Y_t}$ , were plotted against time with time increments of 0.1 d to form these two Figures. The sigmoid pattern is identifiable in all panels of Figure 1;

nonetheless, the asymptotic phase of  $\hat{\mu}_{Y_t}$  was completely reached apparently only in panels (d), (e), and (h) of Figure 1. Numerically, the inflection points of the predicted functions occurred at 129.45 (*W*, Fig. 1a), 152.25 (*EBW*, Fig. 1b), 148.15 (*Carcass*, Fig. 1c), 50.35 (*GIT*, Fig. 1d), 68.75 (*Organs*, Fig. 1e), 119.75 (*Skin*, Fig. 1f), 278.05 (*AbFat*, Fig. 1g), and 89.65 d (*Blood*, Fig. 1h). On the other hand, the variables depicted in Figure 2 did not present the S-shape pattern; instead, an asymptotic first-order growth with homogeneous variance was noticed for Fig. 2b and 2c; despite this growth pattern might have existed as shown by Fig. 2d and 2e, the Eq. (2) or Logistic with homogeneous variance presented higher likelihoods for these latter two profiles. The profiles exhibited in Fig. 2, excepting the trimmed cuts and contents of the gastrointestinal tract (Fig. 2a and 2b, respectively), were computed from the observed values between 90 and 485 d because of the low values observed for those variables at 0 and 15 d. The inflection point for the trimmed cuts (Fig. 2a) occurred at 85.55 d due to the fit of Eq. (2) (Logistic) with an asymptotic structure for  $\sigma_{Y_t}^2$  (Tables 1 and 3). The inflection points for profiles exhibited in Fig. 2d and 2e occurred at 94.65 and 92.95 d, respectively, for both the DM and NDF of the ruminoreticular contents. The logistic equation was more likely in mimicking the time profiles exhibited by these variables (Table 1). The inflection point for the amount of Lignin in the ruminoreticular contents occurred at 185.15 d (Fig. 2f), and an exponential variance structure was considered more appropriate for its description (Tables 1 and 3).

The biphasic models although less likely in mimicking the time profiles of *W*, *EBW*, and *Carcass* weights (Tables 1 and 2) were detailed in Fig. 3. On panels (a), (d), and (g) were presented the predicted values (solid lines) and confidence intervals (dashed lines) based on Eq. (7) for *W*, *EBW*, and *Carcass*, respectively; the variances were better described by Eq. (12) for these three variables. The first (Fig. 3b, 3e, and 3h)

and second (Fig. 3c, 3f, and 3i) derivatives of Eq. (7) were predicted by using a time increment of 0.1 d. The first inflection numerically observed for  $W$  was at 8.25 d and correspond to the highest minimum (the lowest is zero) of the fitted function (Fig. 3b), in which the second derivative reached the first root (Fig. 3c). The another inflection point occurred at 135.75 d and correspond to the maximum of the first derivative (Fig. 3b) and to the second root of the second derivative of Eq. (7) on panel (c) of Fig. 3. This means that the growth rate, i.e.,  $dW/dt$ , decelerates ( $d^2Y/dt^2 < 0$ ) and accelerates ( $d^2Y/dt^2 > 0$ ) during the first 14.1 d of the suckling phase, and then acceleration reduces gradually to zero and decelerates until a minimum is reached at 287.05 d post weaning (Fig. 3c). The  $d^2EBW/dt^2$  (Fig. 3f) peaked at 7.05 d and reached the minimum at 164.65 d, and  $d^2Carcass/dt^2$  (Fig. 3i) peaked and reached the minimum during the suckling and post-weaning phases at 6.05 and 170.05 d, respectively.

In the second experimental set Eq. (14) combined with Eq. (12) presented a greater likelihood for fitting to  $W$  ( $\Delta_r = 0.0, w_r = 0.763, ER_r = 1$ , and  $\theta_r = 7$ ) and  $EBW$  ( $\Delta_r = 0.0, w_r = 0.327, ER_r = 1$ , and  $\theta_r = 7$ ) than all other models.

#### 4. Discussion

Growth can be defined as the positive net result between catabolic and anabolic processes (Bertalanffy, 1957) that yields the accumulation of body mass in an organism, and many quantitative approaches have been applied to describe the growth of organisms for both theoretical and practical purposes (Sandland, 1983). This is particularly true in Livestock Science (Owens et al., 1993; France et al., 1996), because growth results from the genotype interaction with environmental constraints and its prediction is of capital importance for an adequate planning of the production system.

The S-shaped growth of the body proper is the net result of the growth rate of the several body parts that typically exhibit  $dY/dt$  as an increasing-maximum-decreasing profile that reaches zero asymptotically (Owens et al., 1993). The majority of the variables representing the body parts studied was better described by the Gompertz and the Logistic models, and thus characterizing the final S-shaped behavior for the total weight ( $W$ ).

The growth pattern for some variables of the experimental sets, namely  $W$ ,  $EBW$ ,  $Carcass$ , and  $AbFat$  weights, did not present an evident asymptotic behavior. The Gompertz model or Eq. (3) does not have an explicit parameter representing the asymptote reached by final growth, i.e.,  $Y_f$  (Thornley and France, 2005), and despite the influence of the variance structure chosen, the absence of  $Y_f$  might have had an influence over the outstanding likelihood performance of the Gompertz model. The Richards and GMM models (Eq. (4) and (5)) present flexible fits to growth profiles due to the possible variation in the definition of the inflection point (Richards, 1959; López et al., 2000). Nonetheless, the poor definition of the asymptotic phase of the growth profiles of some variables reported in this study might have been associated to the poor likelihood levels observed for Eq. (4)–(5).

The multiphasic growth has been applied to the description of cattle growth and it was evident that constraints imposed by the environment add inflection points that cannot be modeled by single phase models (Nesetrilova, 2005; Mendes et al., 2008). The growth of confined goats may be less constrained than that of free ranging cattle. Therefore, the severity of the inflections of growth profiles of goats as reported by Morand-Fehr (1981) and France et al. (1996) are not so evident than those observed for cattle in the study of Mendes et al. (2008). As a result, only  $W$  and  $EBW$  of the second experimental set used in this study were more likely described by biphasic models.

Despite the monomolecular-Gompertz growth model or Eq. (7) combined with Eq. (12) presented less support in describing  $W$ ,  $EBW$ , and  $Carcass$  of the first set (Table 2, and Fig. 3a, 3d, and 3g), the first derivative or the absolute growth rate for  $W$  (Fig 3b) appeared to have mimicked the behavior of the growth rate reported by Morand-Fehr (p.255, Fig. 2; 1981). The superior likelihood of Eq. (14) combined with Eq. (12) to describe  $W$  and  $EBW$  of the second set (Fig. 4a and 4d) left no doubt about the additional inflection point observed during the suckling phase. This was the motive for combining the monomolecular or Eq. (1) with other models to describe the first stage of development, characterized by a sharp decrease followed by a sharp increase in the growth rate of the kids.

The logistic model has a limitation posed by a fixed inflection point (López et al., 2000), and the use of the asymptotic parameter driving the final outputs of the model confers a diminished scientific relevance for equations modeled with the inclusion of the asymptotic growth parameter; nonetheless, the inclusion of  $Y_f$  in the modeling approach is acceptable for prediction purposes (Thornley and France, 2005). Despite the fact that the Gompertz model, represented here as Eq. (3), presents a fixed inflection point too, its superior likelihood in mimicking the growth profiles of the castrated male goat kids of this study was evident. The well-established asymptotic behavior might have been the reason for the best fit of Eq. (1) and Eq. (2) to the asymptotic growth profiles, with their asymptotic parameters, of the fresh contents of the gastrointestinal tract and the ruminoreticular fresh, DM, and NDF contents (Fig. 2b, 2c, 2d, and 2e; Table 1).

Sometimes, the variances were affected by the age of the animals in the present study, sometimes not, and this was the case for half the number of the variables studied. The exponential structure described by Eq. (12) fitted well to some growth variables.

The exponential structure was that recommended by Littell et al. (2006) for accommodating increasing variances with time. Nonetheless, we postulated the use of the asymptotic model or Eq. (13) because Eq. (12) has no limit, i.e., the  $\lim_{t \rightarrow \infty} \sigma_0^2 \exp(ct) \rightarrow \infty$ . Because final weights are finite, we reasonably expected asymptotic values for the variances with time. This structure, however, was more likely only for describing the weights of the gastrointestinal tract and the trimmed cuts (Table 1; Fig. 1d and 2a), in which an asymptotic growth phase was better distinguishable. In addition, Eq.(11)–(13) were less likely in describing the nature of the variances for some variables (Fig. 2b, 2c, 2d, and 2e), in which homogeneous variances with time prevailed. The large variations that occur in gastrointestinal fill (Lucas, 1960) were systematically observed through 90 to 485 d of the present study, what might explain the higher likelihood of the homogeneous variance detected. The use of statistical tools to account for heterogeneous variances have been suggested in the description of fiber degradation profiles by using weighted nonlinear least squares (Mertens, 2005). However, the nonlinear mixed models theory more properly allows to account for both correlations among repeated measures in the same experimental unit along the time profile, and provide alternative variance structures most applicable to model independent realizations of a random variable (e.g.,  $W$ ) with time (McCulloch and Searle, 2001; Littell et al., 2006). This latter case was applicable to some of the measured growth variables of the present study.

The growth functions are built by assuming an initial condition, i.e., for  $t = 0$  then  $Y_t = Y_0$ . However, as López et al. (2000) discussed, the prenatal growth is constrained by space and nutritional constraints during late gestation; besides, during the final 1/3 of gestation, the fetus (or fetuses) uses only part of the dietary energy and the remaining energy supply is used for other nonpregnancy and pregnancy structures (NRC, 2007).

Therefore, a sigmoid (Gompertz) pattern is likely for describing prenatal growth (AFRC, 1997), so that a reduced absolute growth rate or a decelerated growth rate is applicable to this stage of growth during late gestation. In addition, after birth, a severe constraint exerted in a single time point per se, the kid is faced to adapt to a milk diet and during this suckling phase remarkable transitions, particularly the adaptation to a solid diet, are in course. Because goats are intermediate-type ruminants (Hofmann, 1989), the diet quality, particularly fiber quality, quantity, and physical aspects of fibrous particles are additional dietary constraints for the adaptation of the younglings (Van Soest, 1996). Therefore, it is reasonable to expect an abrupt break in the growth rate nearby birthday. Soon after birth, the growth rate had its deceleration reduced abruptly to form the monomolecular or nutrient limited initial growth (Fig. 3), as previously discussed. However, the adaptation to a solid diet is still in course and the animal experiences another rise in the growth rate until puberty; at the final stage of growth, i.e., after the inflection due to puberty and for no well-defined reason (Owens et al., 1993), the growth rate reduces the acceleration and decelerates progressively until the asymptotic growth is reached. Although puberty in the case of castrated males is a doubtful event, this aspect is needed to be accounted for to provide a better feeding management to the growing replacement doelings, because as stretched by Vieira et al. (2009) and by Santos Júnior et al. (2008), doelings are usually neglected in the overall management of the dairy herds kept by household farmers and many commercial dairy herds.

## 5. Conclusions

The interpretation of growth profiles by biphasic models demand the correct definition of the inflection points, otherwise models based on the traditional assumption

of a single inflection point, and even with no inflection points will present greater likelihoods. Besides, not only the inflection point but the growth phases (initial, exponential, and asymptotic) that characterize the S-shaped profile need to be well distinguishable.

The biphasic models that represent the combination of the monomolecular substrate limited growth phase combined with a sigmoid describing growth phase appear to be promising. It is also important to emphasize that a proper modeling of the variances is needed because this aspect is relevant for an accurate prediction and quantification of uncertainties about growth phenomena.

## **Acknowledgements**

This research was supported by Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq (Brazil), process numbers 303869/2009-7 and 479593/2010-8, and by Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ (RJ, Brazil), process number E-26/110.231/2011. The first author thanks the fellowship provided by Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brazil). We also are deeply indebted to Prof. M. T. Rodrigues (DZO/Universidade Federal de Viçosa) for providing the kids used in this research and to Ms. Carmen Guevara for providing the second experimental dataset.

## **6. References**

AFRC, 1997. The nutrition of goats. Nutrition Abstracts and Reviews (Series B) 67, 765-830.



AOAC, 1998. Official Methods of Analysis. 16th Ed., 4th Revision, AOAC INTERNATIONAL, Gaithersburg.

Bertalanffy, L.v., 1957. Quantitative laws in metabolism and growth. *The Quarterly Review of Biology* 32, 217-231.

Brody, S., 1945. Bioenergetics and growth. With special reference to the efficiency complex in domestic animals. Reinhold Publishing Co., New York.

Burnham, K.P., Anderson, D.R., 2004. Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection. *Sociological Methods & Research* 33, 261-304.

France, J., Dijkstra, J., Dhanoa, M.S., 1996. Growth functions and their application in animal science. *Annales de Zootechnie* 45 Suppl., 165-174.

Hofmann, R.R., 1989. Evolutionary steps of ecophysiological adaptation and diversification of ruminants: a comparative view of their digestive system. *Oecologia* 78, 443-457.

Koops, W.J., 1986. Multiphasic growth curve analysis. *Growth* 50, 169-177.

Littell, R.C., Milliken, G.A., Stroup, W.W., Wolfinger, R.D., Schabenberger, O., 2006. SAS® for Mixed Models. SAS Institute Inc., Cary, USA.

López, S., France, J., Gerrits, W.J.J., Dhanoa, M.S., Humphries, D.J., Dijkstra, J., 2000. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. *Journal Animal Science* 78, 1816-1828.

Lucas, H.L., 1960. Critical features of good dairy feeding experiments. *Journal of Dairy Science* 43, 193-212.

Lucas, H.L., 1964. Stochastic elements in biological models; their sources and significances. In: Gurland, J. (Ed.), *Stochastic models in medicine and biology*. University of Wisconsin Press, Madison, pp. 355-383.

- McCulloch, C.E., Searle, S.R., 2001. Generalized, Linear, and Mixed Models. John Wiley & Sons, New York.
- Mendes, P.N., Muniz, J.A., Silva, F.F.e., Mazzini, A.R.A., 2008. Modelo logístico difásico no estudo do crescimento de fêmeas da raça Hereford. *Ciência Rural* 38, 1984-1990.
- Mertens, D.R., 2002. Gravimetric determination of amylase-treated neutral detergent fiber in feeds with refluxing in beakers or crucibles: collaborative study. *Journal of AOAC International* 85, 1217-1240.
- Mertens, D.R., 2005. Rate and extent of digestion. In: Dijkstra, J., Forbes, J.M., France, J. (Eds.), *Quantitative aspects of ruminant digestion and metabolism*. CAB International, Wallingford, pp. 13-48.
- Monod, J., 1966. From enzymatic adaptation to allosteric transitions. *Science* 154, 475.
- Morand-Fehr, P., 1981. Growth. In: Gall, C. (Ed.), *Goat Production*. Academic Press Inc., London, pp. 253-283.
- Nesetrilova, H., 2005. Multiphasic growth models for cattle. *Czech Journal of Animal Science* 50, 347-354.
- NRC, 2007. *Nutrient requirements of small ruminants*. The National Academies Press, Washington, DC.
- Owens, F.N., Dubeski, P., Hanson, C.F., 1993. Factors that alter the growth and development of ruminants. *Journal of Animal Science* 71, 3138-3150.
- Richards, F.J., 1959. A flexible growth function for empirical use. *Journal of Experimental Botany* 10, 290-300.
- Sandland, R.L., 1983. Mathematics and the growth of organisms - some historical impressions. *Mathematical Scientist* 8, 11-30.

Santos Júnior, E., Vieira, R.A.M., Henrique, D.S., Fernandes, A.M., 2008. Characteristics of the dairy goat primary sector at the Rio de Janeiro State, Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia* 37, 773-781.

Thornley, J.H.M., France, J., 2005. An open-ended logistic-based growth function. *Ecological Modelling* 184, 257-261.

Van Soest, P.J., 1996. Allometry and ecology of feeding behavior and digestive capacity in herbivores: a review. *Zoo Biology* 15, 455-479.

Vieira, R.A.M., Cabral, A.J., Souza, P.M., Fernandes, A.M., Henrique, D.S., Real, G.S.C.P., 2009. Dairy goat husbandry amongst the household agriculture: herd and economic indexes from a case study in Rio de Janeiro, Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia* 38, 204-213.

Vieira, R.A.M., Campos, P.R.d.S.S., Silva, J.F.C.d., Tedeschi, L.O., Tamy, W.P., 2012. Heterogeneity of the digestible insoluble fiber of selected forages in situ. *Animal Feed Science and Technology* 171, 154-166.

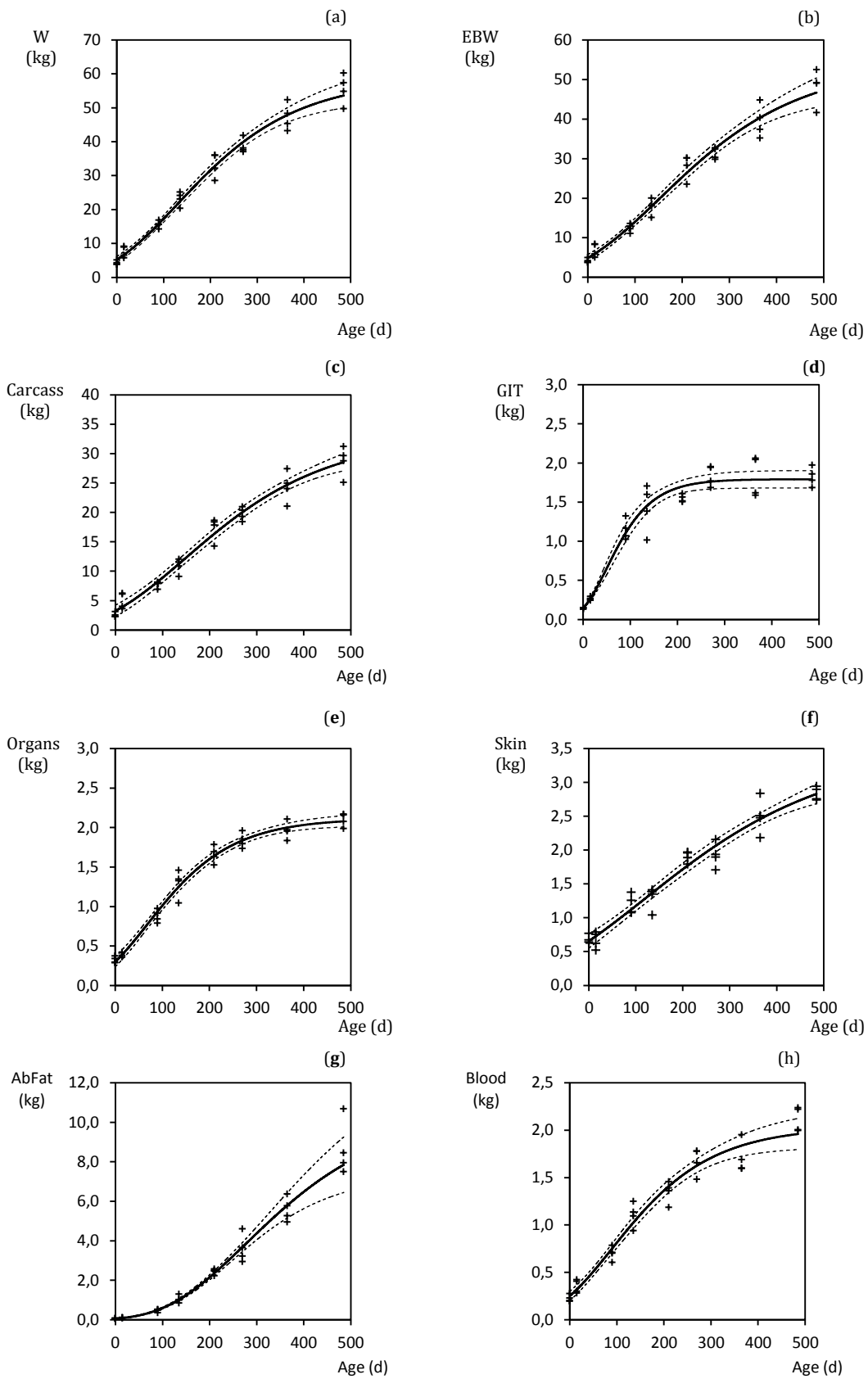


Figure 1.

Growth patterns of some variables as observed (+) and most likely expected values (solid lines). All dependent variables were depicted as time (age, days) functions in all panels. Dependent variables are: (a) liveweight ( $W$ , kg; Gompertz-exponential); (b) empty body weight ( $EBW$ , kg; Gompertz-exponential); (c) carcass weight ( $Carcass$ , kg; Gompertz-homogeneous); (d) weight of the gastrointestinal tract ( $GIT$ , kg; Gompertz-asymptotic); (e) total weight of the organs ( $Organs$ , kg; Gompertz-homogeneous); (f) skin weight ( $Leather$ , kg; Gompertz-homogeneous); (g) weight of the abdominal fat ( $AbFat$ , kg; Gompertz-exponential); and (h) blood weight ( $Blood$ , kg; Gompertz-exponential).

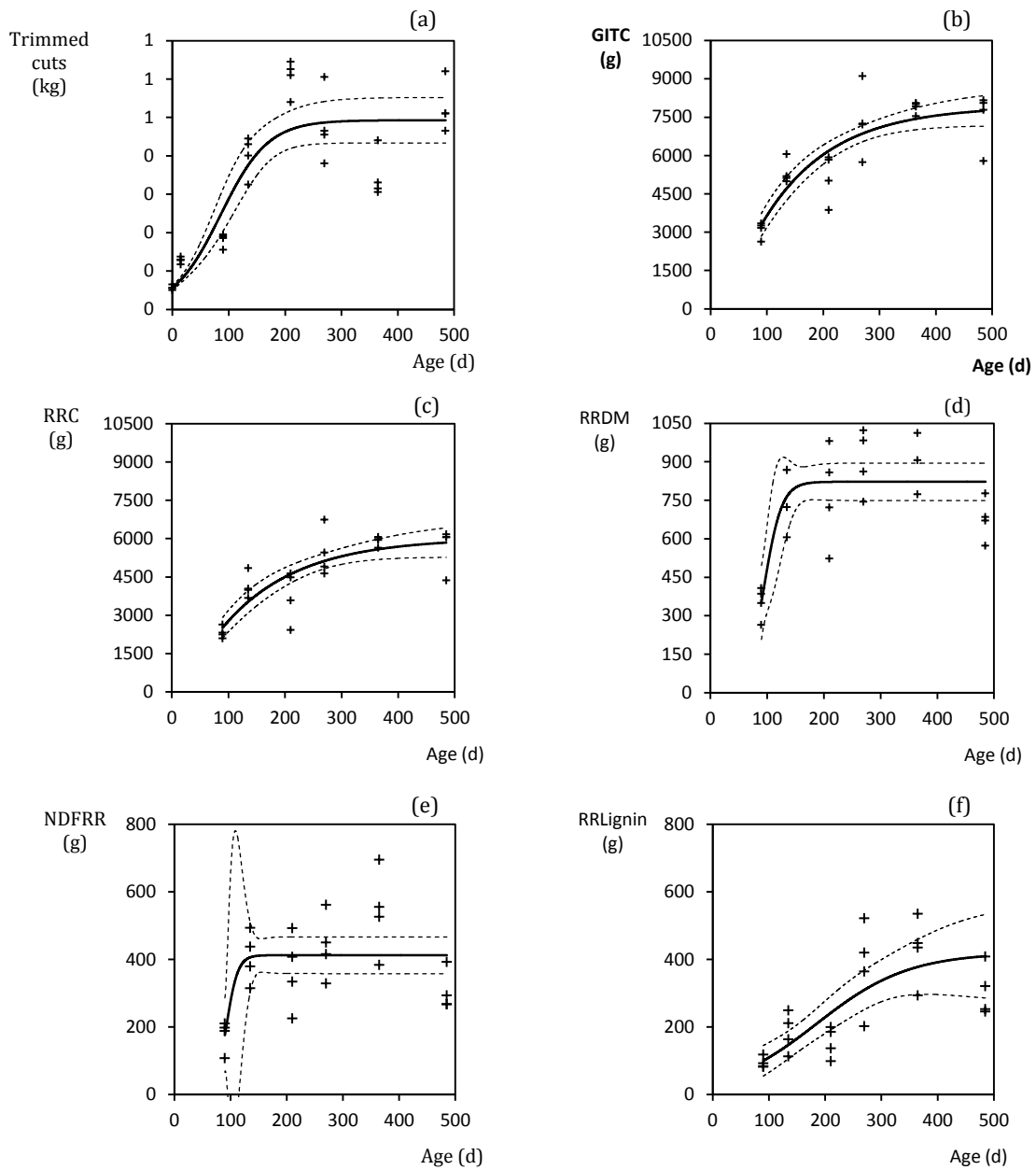


Figure 2.

Growth patterns of some variables as observed (+) and most likely expected values (solid lines). All dependent variables were depicted as time (age, days) functions in all panels. Dependent variables are: (a) trimmed cuts (kg; Logistic-assymptotic); (b) fresh gastrointestinal contents (*FGIT*, kg; Brody-homogeneous); (c) fresh ruminoreticular contents (*RRC*, kg; Brody-homogeneous); (d) ruminoreticular dry matter contents (*RRDM*, kg; Logistic-homogeneous); (e) ruminoreticular contents of neutral detergent fiber (*RRNDF*, kg; Logistic-homogeneous); and (f) ruminoreticular lignin contents (*RRLignin*, kg; Logistic-exponential).

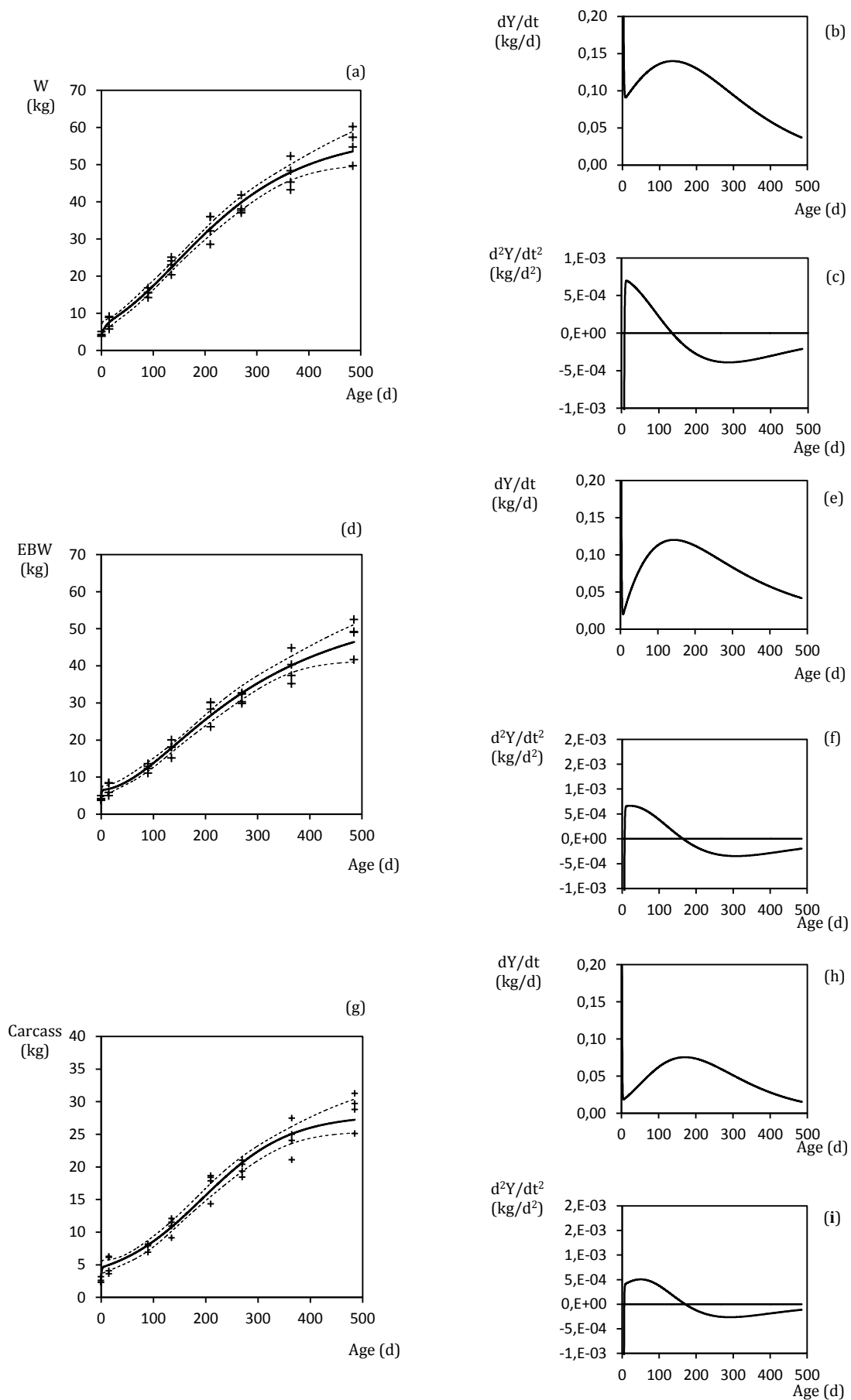


Figure 3.

Growth patterns of some variables as observed (+) and most likely expected values (solid lines) from biphasic models. All dependent variables were depicted as time (age, days) functions in all panels. Dependent variables are: (a) liveweight ( $W$ , kg; Brody-Gompertz-exponential); (d) empty body weight ( $EBW$ , kg; Brody-Gompertz-exponential); (g) carcass weight ( $Carcass$ , kg; Brody-Gompertz-exponential); the first ( $dY/dt$ ) and second ( $d^2Y/dt^2$ ) derivatives for each variable are depicted in the small panels (b) and (c), (e) and (f), and (h) and (i), respectively.



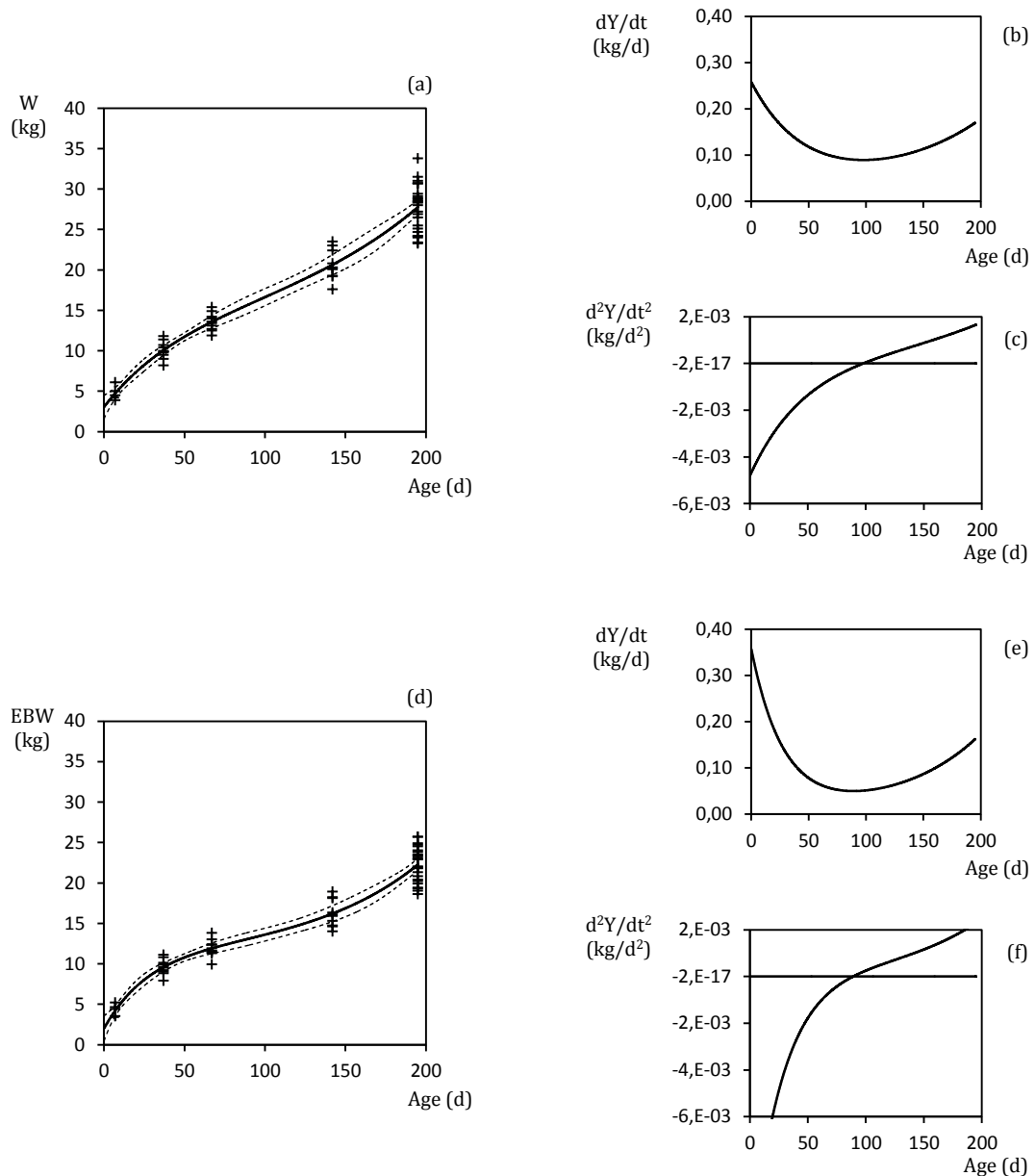


Figure 4. Growth patterns of some variables as observed (+) and most likely expected values (solid lines) from biphasic models. The behavior of the liveweight ( $W$ , kg) and empty body weight ( $EBW$ , kg) predicted by the biphasic monomolecular-exponential model with exponential variances with time of the second experimental dataset depicted on panel (a) and (d); the first ( $dY/dt$ ) and second ( $d^2Y/dt^2$ ) derivatives for each variable are depicted in the small panels (b) and (c), (e) and (f), respectively.

Table 1. Likelihood of the models fitted to the growing body and body parts of goat kids

Variable	Model	$\Delta_r$	$w_r$	ER	$\theta_r$
W (kg)	Gompertz exp	0.0	0.270	1.00	5
	Brody asy	0.9	0.172	1.57	6
	Brody exp	1.0	0.164	1.65	5
	Richards exp	1.5	0.127	2.12	6
EBW (kg)	Gompertz exp	0.0	0.387	1.00	5
Carcass (kg)	Gompertz exp	0.0	0.246	1.00	5
	Gompertz hg	1.7	0.105	2.34	4
	Logistic exp	1.7	0.105	2.34	5
	Brody asy	2.0	0.091	2.72	6
Organs (kg)	Logistic asy	0.0	0.239	1.00	6
	Gompertz hg	0.8	0.160	1.49	4
	Richards asy	1.6	0.107	2.23	7
	Lopez hg	1.7	0.102	2.34	5
	Lopez asy	1.7	0.102	2.34	7
GIT (kg)	Gompertz asy	0.0	0.577	1.00	6
Skin (kg)	Gompertz hg	0.0	0.142	1.00	4
	Brody hg	0.0	0.142	1.00	4
	Gompertz asy	0.4	0.116	1.22	6
	Brody asy	0.9	0.090	1.57	6
	Brody exp	1.2	0.078	1.82	5
	Gompertz exp	1.2	0.078	1.82	5
	Logistic hg	1.4	0.070	2.01	4
	Logistic asy	1.4	0.070	2.01	6
Abdominal Fat (kg)	Gompertz exp	0.0	0.634	1.00	5
Trimmed cuts (kg)	Richards asy	0.0	0.333	1.00	7
	Logistic asy	0.5	0.259	1.28	6
Blood (kg)	Brody asy	0.0	0.349	1.00	6
	Gompertz exp	1.6	0.157	2.23	5
CGIT (g)	Brody exp	0.0	0.190	1.00	5
	Brody hg	0.1	0.181	1.05	4
	Logistic hg	0.6	0.141	1.35	4
	Logistic exp	0.7	0.134	1.42	5
	Gompertz exp	1.0	0.116	1.65	5
	Gompertz hg	1.4	0.095	2.01	4
RRC (g)	Brody hg	0.0	0.243	1.00	4
	Gompertz hg	0.3	0.209	1.16	4
	Logistic hg	0.4	0.199	1.22	4
RRDM (g)	Logistic hg	0.0	0.413	1.00	4
	Logistico exp	1.4	0.205	2.01	5
RRNDF (g)	Logistic exp	0.0	0.291	1.00	5
	Brody exp	0.2	0.264	1.11	5
	Logistic hg	1.7	0.124	2.34	4
	Brody hg	1.8	0.119	2.46	4
RRLignin (g)	Lopez hg	0.0	0.351	1.00	5
	Logistic exp	3.4	0.070	5.47	5

Table 2. Likelihood values about multiphasic models fitted to some growth variables

Variable	Model	$\Delta_r$	$w_r$	$ER_r$	$\theta_r$
W (kg)	Brody-Gompertz exp	5.6	0.016	16.4	8
	Brody Logistic exp	6.3	0,012	23.3	8
	Brody Gompertz asy	7.8	0.0055	49.4	9
EBW (kg)	Brody Gompertz exp	6.6	0.014	27.1	8
	Brody Logistic exp	7,7	0.008	46.9	8
Carcass (kg)	Brody Gompertz exp	2.8	0.061	4.1	8
	Brody Logistic exp	4.3	0.029	8.58	8
	Brody Lopez exp	5.9	0.013	19.11	9
	Brody Richards exp	6.0	0,012	20.09	9
	Brody Gompertz asy	7.0	0.007	33.12	9
	Brody Logistic asy	7.8	0.005	49.4	9

Table 3. Computed parameter estimates of the chosen models

Variable	Model	Mean	Variance (s)
<i>W</i>	Gompertz exp	$5.27 \exp [0.0164(1 - e^{(-0.0068t)})]/0.0068$	$1.85 \exp(0.0050t)$
	Brody-Gompertz exp	$0.53 - (0.53 - (-1.31)\exp^{(-0.927t)} + 5.57\exp^{(0.015/0.006(1-\exp^{(-0.006t)})})}$	$1.34 \exp(0.0062t)$
<i>EBW</i>	Gompertz exp	$4.90 \exp [0.0139(1 - e^{(-0.0058t)})]/0.0058$	$1.66 \exp(0.0059t)$
	Brody-Gompertz exp	$3.70 - (3.70 - 1.85)\exp^{(-0.927t)} + 2.31\exp^{(0.02/0.006(1-\exp^{(-0.006t)})})}$	$1.18 \exp(0.0064t)$
<i>Carcass</i>	Gompertz hg	$3.26 \exp (0.013(1 - \exp^{(-0.005t)})/0.005$	2.544
	Brody-Gompertz exp	$4.15 - (4.15 - 2.06)\exp^{(-1.57t)} + 0.51\exp^{(0.03/0.007(1-\exp^{(-0.007t)})})}$	$0.63 \exp(0.0052t)$
<i>Organs</i>	Gompertz hg	$0.30 \exp [0.0189(1-\exp^{-0.0097t})]/0.0097$	0.01
<i>GIT</i>	Gompertz asy	$0.14 \exp[0.0462(1 - \exp^{-0.0183t})]/0.0183$	$0.00008 + 0.04(1 - \exp^{0.0065t})$
<i>Skin</i>	Gompertz hg	$0.66 \exp [0.0072(1 - \exp^{(-0.0043t)})]/0.0043$	0.03
<i>Ab. Fat</i>	Gompertz exp	$0.06 \exp [0.0308(1 - \exp^{(-0.0059t)})]/0.0059$	$0.0008 \exp(0.01910t)$
Trimmed cuts	Logistic asy	$0.49*0.056/(0.056+(0.49-0.056) \exp^{(-0.023t)})$	$0.00003 + 0.012(1 - \exp^{0.011t})$
<i>Blood</i>	Gompertz exp	$0.25 \exp [0.0173(1 - \exp^{(-0.0083t)})]/0.0083$	$0.0047 \exp(0.0052t)$
<i>CGIT</i>	Brody hg	$7932.53 - 9692.28 \exp^{(-0.0082t)}$	560832
<i>RRC</i>	Brody hg	$6018.68 - 6932.47 \exp^{(-0.0076t)}$	500272
<i>RRDM</i>	Logistic hg	$822.20 - 1.92/(1.92 + (822.20 - 1.92) \exp^{(-0.0641t)})$	19574
<i>RRNDF</i>	Logistic hg	$412.45 - 0.04/(0.04 + (412.45 - 0.04) \exp^{(-0.0991t)})$	11382
<i>RRLignin</i>	Logistic exp	$420.03 - 39.63/(39.63 + (420.03 - 39.63) \exp^{(-0.0122t)})$	$1795.79 \exp(0.0057t)$

## APÊNDICE

```

1
2 /* Arquivo de dados: */
3
4 data rocha;
5   input trt age anim W Wr Carc Visc TGI Cou G Ap Sge CTGI CRR MSRR NDFRR LigRR;
6 y=W;
7 t=age;
8 datalines;
9
10
11 trt age anim W Wr Carc Visc TGI Cou G Ap Sge CTGI CRR MSRR NDFRR LigRR
12 1 0 1 5,09 5,01 3,15 0,37 0,15 0,77 0,08 0,07 0,28 0,13 0,01 0,00 0,00 0,00
13 1 0 2 3,89 3,72 2,27 0,29 0,14 0,63 0,05 0,05 0,19 0,08 0,00 0,00 0,00 0,00 0,00
14 1 0 3 4,27 4,18 2,57 0,34 0,13 0,67 0,07 0,06 0,23 0,09 0,01 0,00 0,00 0,00
15 1 0 4 3,82 3,83 2,31 0,29 0,15 0,64 0,06 0,06 0,20 0,11 0,01 0,00 0,00 0,00
16 2 15 5 5,71 5,97 3,61 0,36 0,25 0,52 0,08 0,14 0,28 0,71 0,01 0,00 0,00 0,00
17 2 15 6 6,48 6,45 4,05 0,38 0,26 0,62 0,09 0,13 0,30 0,62 0,03 0,00 0,00 0,00
18 2 15 7 8,90 8,92 6,11 0,42 0,30 0,79 0,10 0,12 0,41 0,62 0,01 0,00 0,00 0,00
19 2 15 8 9,12 9,07 6,26 0,42 0,27 0,75 0,12 0,13 0,42 0,68 0,04 0,00 0,00 0,00
20 3 90 9 15,51 15,41 8,14 0,92 1,07 1,26 0,49 0,19 0,71 2,62 2,09 264,20 108,00 84,10
21 3 90 10 14,20 14,25 6,92 0,79 1,17 1,09 0,35 0,16 0,61 3,17 2,32 406,80 198,10 92,80
22 3 90 11 16,82 16,55 8,11 0,98 1,33 1,38 0,53 0,20 0,79 3,26 2,25 384,80 210,00 81,50
23 3 90 20 15,58 15,62 7,91 0,84 1,03 1,08 0,50 0,19 0,70 3,34 2,63 348,60 187,80 118,50
24 4 135 32 23,01 22,83 10,88 1,33 1,71 1,35 1,00 0,43 1,14 4,99 3,67 867,70 437,60 131,30
25 4 135 36 25,11 24,54 12,07 1,46 1,60 1,41 1,30 0,45 1,10 5,12 3,99 722,30 379,70 163,00
26 4 135 40 20,31 19,54 9,12 1,05 1,02 1,04 0,85 0,33 0,94 5,18 4,03 605,20 314,30 210,80
27 4 135 43 24,10 24,35 11,51 1,35 1,39 1,39 1,02 0,40 1,25 6,05 4,85 869,00 493,10 249,00
28 5 210 13 36,04 34,07 18,37 1,69 1,52 1,96 2,57 0,65 1,39 5,92 4,48 857,60 408,00 199,50
29 5 210 16 35,97 34,26 18,63 1,79 1,61 1,89 2,51 0,63 1,36 5,83 4,64 980,40 492,80 185,90
30 5 210 23 28,53 28,13 14,30 1,53 1,51 1,79 2,23 0,54 1,19 5,01 3,58 721,10 334,10 136,60
31 5 210 26 32,16 31,43 17,85 1,63 1,57 1,97 2,46 0,61 1,46 3,87 2,42 522,40 225,50 98,30
32 6 270 41 37,53 37,71 19,31 1,80 1,69 1,90 3,65 0,47 1,66 7,24 4,90 862,00 450,30 364,50
33 6 270 45 38,10 37,37 20,40 1,86 1,95 1,94 3,22 0,46 1,78 5,73 4,64 744,10 329,00 202,70
34 6 270 46 41,80 42,92 20,98 1,96 1,96 2,16 4,60 0,38 1,78 9,11 6,74 982,50 415,90 521,40
35 6 270 47 37,02 35,92 18,43 1,74 1,77 1,71 2,94 0,61 1,48 7,21 5,45 1021,60 561,70 420,20
36 7 365 15 52,30 50,73 27,45 2,11 2,05 2,84 6,37 0,44 1,95 7,54 5,64 772,50 383,40 293,80
37 7 365 18 48,32 46,76 24,96 1,96 2,06 2,51 5,27 0,32 1,69 8,00 5,94 1011,80 555,30 435,20
38 7 365 21 45,26 45,67 24,04 1,97 1,62 2,48 5,77 0,31 1,60 7,91 5,98 1062,90 695,50 535,30
39 7 365 42 43,20 41,58 21,07 1,84 1,59 2,18 4,95 0,33 1,60 8,05 6,06 906,20 526,20 448,70
40 8 485 31 57,34 55,18 28,77 2,16 1,98 2,94 8,45 0,47 2,22 8,16 6,16 669,80 293,40 321,00
41 8 485 37 60,23 59,42 31,24 2,17 1,78 2,90 10,68 0,62 2,24 7,79 6,04 776,40 392,60 408,30
42 8 485 38 49,68 49,84 25,10 1,99 1,86 2,74 7,50 0,51 2,01 8,05 6,06 684,90 268,10 246,00
43 8 485 39 54,78 52,50 29,68 2,08 1,69 2,76 7,95 0,51 2,00 5,78 4,37 572,50 267,10 252,90
44 ;
45
46 Acrônimos: trt - tratamentos; age - idade; anim - animal; W - massa corporal; Wr - massa corporal
47 reconstituída; Carc- massa de carcaça; Visc- massa de vísceras; TGI- massa do tratogastrintestinal; Cou-
48 massa de couro; G- massa de gordura; Ap- massa de Aparas; Sge- massa de sangue; CTGI - massa do
49 conteúdo do trato gastrointestinal; CRR - massa de conteúdo ruminoreticular fresco; MSRR - massa de
50 conteúdo ruminoreticular seco; NDFRR - massa de fibra em detergente neutro do conteúdo ruminoreticular
51 e LigRR - massa de lignina do conteúdo ruminoreticular.
52
53 /* Rotinas para ajuste dos modelos */
54
55 /*Modelo Brody ou Monomolecular com as possíveis estruturas de variância*/
56
57 proc nlmixed data=rocha tech=newrap maxit=500;
58 parms

```

```

24     A=65
25     B=50
26     k=.0001
27     /*s1=.2548
28     ss2=2.2045
29     s3=.8590
30     s4=3.2021
31     s5=9.6566
32     s6=3.5327
33     s7=11.7521
34     s8=15.0373*/
35     /*c=.001*/
36     s0=5.8124
37     /*sb=5*/ /best=1
38     ;
39     Bounds A>0, B>0, k>0/*, s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0, s7>0, s8>0*/ , s0>0/*, sb>0, c>0*/;
40     mean=A-B*exp(-k*t);
41     /*if (trt=1) then v=s1;
42     if (trt=2) then v=ss2;
43     if (trt=3) then v=s3;
44     if (trt=4) then v=s4;
45     if (trt=5) then v=s5;
46     if (trt=6) then v=s6;
47     if (trt=7) then v=s7;
48     if (trt=8) then v=s8*/;
49     v=s0;
50     *v=s0*exp(c*t);
51     *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
52     model y ~ normal(mean,v);
53     predict mean out=silva;
54     run;
55
56     proc print data=silva;
57     var t y pred lower upper;
58     run;
59
60
61     proc gplot data=silva;
62     plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
63     run;
64
65     /*Modelo Logístico com as possíveis estruturas de variância*/
66
67     proc nlmixed data=rocha tech=newrap maxit=500;
68     parms
69     Wf=65
70     W0=3
71     m=.001
72     /*s1=.2548
73     ss2=2.2045
74     s3=.8590
75     s4=3.2021
76     s5=9.6566
77     s6=3.5327
78     s7=11.7521
79     s8=15.0373*/
80     s0=5.8124
81     /*sb=5*/
82     /*c=.001*///best=1

```

} Variâncias heterogêneas

/\*variância homogênea\*/

/\*variância exponencial\*/

/\*variância assintótica\*/

```

83      ;
84      bounds wf>0, w0>0, m>0, /*s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0, s7>0, s8>0, sb>0,*/ s0>0/*, c>0*/;
85      v=s0;
86      *v=s0*exp(c*t);
87      *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
88      logistic=Wf*W0/(W0+(Wf-W0)*exp(-m*t));
89      mean=logistic;
90      /*if (trt=1) then v=s1;
91      if (trt=2) then v=ss2;
92      if (trt=3) then v=s3;
93      if (trt=4) then v=s4;
94      if (trt=5) then v=s5;
95      if (trt=6) then v=s6;
96      if (trt=7) then v=s7;
97      if (trt=8) then v=s8*/;
98      model y ~ normal(mean,V);
99      predict mean out=silva;
100     run;
101
102     proc print data=silva;
103     var t y pred lower upper;
104     run;
105
106     proc gplot data=silva;
107     plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay ;
108     run;
109
110     /*Modelo Gompertz com as possíveis estruturas de variância*/
111
112     proc nlmixed data=rocha tech=newrap maxit=500;
113     parms
114     w0=3
115     m=.001
116     d=.001
117     /*s1=.2548
118     s2=2.2045
119     s3=.8590
120     s4=3.2021
121     s5=9.6566
122     s6=3.5327
123     s7=11.7521
124     s8=15.0373*/
125     s0=5.8124
126     /*sb=5*/
127     /*c=.001*/
128     /best=1
129     ;
130     bounds w0>0, m>0, d>0, s0>0/*, sb>0, c>0, s1>0, s2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0, s7>0, s8>0*/;
131     v=s0;
132     *v=s0*exp(c*t);
133     *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
134     /*if (trt=1) then v=s1;
135     if (trt=2) then v=s2;
136     if (trt=3) then v=s3;
137     if (trt=4) then v=s4;
138     if (trt=5) then v=s5;
139     if (trt=6) then v=s6;
140     if (trt=7) then v=s7;
141     if (trt=8) then v=s8*/;

```

```

142     mean=w0*exp(m*(1-exp(-d*t))/d);
143     model y ~ normal(mean,v);
144     id v;
145     predict mean out=silva;
146     run;
147
148 proc print data=silva;
149 var t y pred lower upper;
150 run;
151
152
153 proc gplot data=silva;
154     plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
155     run;
156
157 /*Modelo Richards com as possíveis estruturas de variância*/
158
159 proc nlmixed data=rocha tech=newwrap;
160     parms
161     Wf=65
162     W0=3
163     m=.001
164     n=-1 to 2 by .25
165     /*s1=.2548
166     ss2=2.2045
167     s3=.8590
168     s4=3.2021
169     s5=9.6566
170     s6=3.5327
171     s7=11.7521
172     s8=15.0373*/
173     /*c=.001*/
174     s0=5.8124
175     /*sb=5*/ /best=1;
176     Bounds wf>0, w0>0, m>0, n>-1/*, s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0, s7>0, s8>0*/, s0>0/*, sb>0,
177     c>0*/;
178     mean=w0*wf/(w0**n+(wf**n-w0**n)*exp(-m*t))**(1/n);
179     /*if (trt=1) then v=s1;
180     if (trt=2) then v=ss2;
181     if (trt=3) then v=s3;
182     if (trt=4) then v=s4;
183     if (trt=5) then v=s5;
184     if (trt=6) then v=s6;
185     if (trt=7) then v=s7;
186     if (trt=8) then v=s8*/;
187     v=s0;
188     *v=s0*exp(c*t);
189     *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
190     model y ~ normal(mean,v);
191     predict mean out=silva;
192     run;
193
194 proc print data=silva;
195 var t y pred lower upper;
196 run;
197
198 proc gplot data=silva;
199     plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
200     run;

```



```

201
202 /*Modelo López com as possíveis estruturas de variância*/
203
204 proc nlmixed data=rocha tech=newwrap;
205     parms
206     Wf=65
207     W0=3
208     k=.001
209     d=.001
210     /*s1=.2548
211     ss2=2.2045
212     s3=.8590
213     s4=3.2021
214     s5=9.6566
215     s6=3.5327
216     s7=11.7521
217     s8=15.0373*/
218     /*c=.001*/
219     s0=5.8124
220     /*sb=5*/best=1
221     ;
222     Bounds wf>0, w0>0, k>0, d>0, /*s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0, s7>0, s8>0,*/ s0>0/*, sb>0,
223 c>0*/;
224     mean=(w0*k**d+wf*t**d)/(k**d+t**d);
225     /*if (trt=1) then v=s1;
226     if (trt=2) then v=ss2;
227     if (trt=3) then v=s3;
228     if (trt=4) then v=s4;
229     if (trt=5) then v=s5;
230     if (trt=6) then v=s6;
231     if (trt=7) then v=s7;
232     if (trt=8) then v=s8*/;
233     v=s0;
234     *v=s0*exp(c*t);
235     *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
236     model y ~ normal(mean,v);
237     predict mean out=silva;
238     run;
239
240 proc print data=silva;
241 var t y pred lower upper;
242 run;
243
244 proc gplot data=silva;
245     plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay ;
246     run;
247
248 /*Modelo Brody - Logístico com as possíveis estruturas de variância*/
249
250 proc nlmixed data=rocha tech=DBLDOG maxit=500;
251     parms
252     Yf1=-5 to 1 by .5
253     Y10=-5 to 1 by 0.1
254     k1=.4 to 1.5
255     Yf2=2.5
256     Y20=1
257     k2=.01
258     /*s1=0.000081
259     ss2=0.000309

```

```

260 s3=0.01320
261 s4=0.06968
262 s5=0.001767
263 s6=0.01329
264 s7=0.05020
265 s8=0.01134*/
266 /*c=.001*/
267 s0=0.01998
268 /*sb=5*/ / best=1
269 ;
270 bounds yf2>0, Yf1>-50, Y10>-50, k1>0, Y20>0, k2>0, s0>0/*, sb>0, c>0/*, s1>0, s2>0, s3>0, s4>0, s5>0,
271 s6>0, s7>0, s8>0*/;
272 v=s0;
273 *v=s0*exp(c*t);
274 *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
275 /*if (trt=1) then v=s1;
276 if (trt=2) then v=s2;
277 if (trt=3) then v=s3;
278 if (trt=4) then v=s4;
279 if (trt=5) then v=s5;
280 if (trt=6) then v=s6;
281 if (trt=7) then v=s7;
282 if (trt=8) then v=s8*/;
283 mean=Yf1-(Yf1-Y10)*exp(-k1*t)+Yf2*Y20/(Y20+(Yf2-Y20)*exp(-k2*t));
284
285 der1=(yf1-y10)*k1*exp(-k1*t) + yf2*Y20*k2*(Yf2-Y20)*exp(-k2*t)/(Y20+(Yf2-Y20)*exp(-k2*t))**2;
286
287 der2=-k1**2*exp(-k1*t)*(yf1-y10) +
288 yf2*Y20*(Yf2-Y20)*k2**2/(Y20+(Yf2-Y20)*exp(-k2*t))**2*(2*(Yf2-Y20)*exp(-2*k2*t)/(Y20+(Yf2-
289 Y20)*exp(-k2*t))-exp(-k2*t));
290
291 id der1 der2;
292 model y ~ normal(mean,v);
293 predict mean out=silva;
294 ods s output ParameterEstimates=est;
295 run;
296
297 proc print data=silva;
298 var t y pred der1 der2 lower upper;
299 run;
300
301 proc gplot data=silva;
302 plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
303 plot der1*t/frame overlay;
304 plot der2*t/frame overlay;
305 run;
306
307 quit;
308
309 /*Modelo Brody - Gompertz com as possíveis estruturas de variância*/
310
311 proc nlmixed data=rocha tech=newwrap maxit=500;
312 parms
313 Yf1=1 to 10 by 1
314 Y10=-25 to 5 by 5
315 k1=.9
316 Y20=6 to 20 by 1
317 k2=.01
318 d=.001

```

```

319 /*s1=.2548
320 ss2=2.2045
321 s3=.8590
322 s4=3.2021
323 s5=9.6566
324 s6=3.5327
325 s7=11.7521
326 s8=15.0373*/
327 /*c=.001*/
328 s0=5.8124
329 /*sb=5*/ / best=3
330 ;
331 bounds Yf1>-50, Y10>-50, k1>0, Y20>0, k2>0, d>0, s0>0/*, sb>0, c>0, s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0, s6>0,
332 s7>0, s8>0*/;
333 v=s0;
334 *v=s0*exp(c*t);
335 *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
336 /*if (trt=1) then v=s1;
337 if (trt=2) then v=ss2;
338 if (trt=3) then v=s3;
339 if (trt=4) then v=s4;
340 if (trt=5) then v=s5;
341 if (trt=6) then v=s6;
342 if (trt=7) then v=s7;
343 if (trt=8) then v=s8*/;
344 h1=Yf1-(Yf1-Y10)*exp(-k1*t);
345 h2=Y20*exp(k2/d*(1-exp(-d*t)));
346 mean=h1 + h2;
347
348 der1=k1*(Yf1-Y10)*exp(-k1*t) + Y20*k2*exp(k2/d*(1-exp(-d*t))-d*t);
349
350 der2=-k1**2*(Yf1-Y10)*exp(-k1*t) + Y20*k2*exp(k2/d*(1-exp(-d*t))-d*t)*(k2*exp(-d*t)-d);
351
352 id der1 der2;
353 model y ~ normal(mean,v);
354 predict mean out=silva;
355 run;
356
357 proc print data=silva;
358 var t y pred der1 der2 lower upper;
359 run;
360
361 proc gplot data=silva;
362 plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
363 plot der1*t/frame overlay;
364 plot der2*t/frame overlay;
365 run;
366
367 /*Modelo Brody - Richards com as possíveis estruturas de variância*/
368
369 proc nlmixed data=rocha tech=newwrap maxit=500;
370 parms
371 Yf1=1 to 10 by 2
372 Y10=-25 to 5 by 5
373 k1=.9
374 Yf2=40 to 70 by 5
375 Y20=6 to 20 by 1
376 k2=.01
377 m=-1 to 3 by .5

```

```

378 /*s1=.2548
379 ss2=2.2045
380 s3=.8590
381 s4=3.2021
382 s5=9.6566
383 s6=3.5327
384 s7=11.7521
385 s8=15.0373*/
386 /*c=.001*/
387 s0=5.8124
388 /*sb=1*/ / best=1
389 ;
390 bounds Yf1>-50, Y10>-50, k1>0, Yf2>0, Y20>0, k2>0, m>=-1, s0>0/*, sb>0, c>0, s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0,
391 s5>0, s6>0, s7>0, s8>0*/;
392 v=s0;
393 *v=s0*exp(c*t);
394 *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
395 /*if (trt=1) then v=s1;
396 if (trt=2) then v=ss2;
397 if (trt=3) then v=s3;
398 if (trt=4) then v=s4;
399 if (trt=5) then v=s5;
400 if (trt=6) then v=s6;
401 if (trt=7) then v=s7;
402 if (trt=8) then v=s8;*/
403 /*y20=1e-8*/;
404 h1=Yf1-(Yf1-Y10)*exp(-k1*t);
405 h2=Yf2*Y20/(Y20**m+(Yf2**m-Y20**m)*exp(-k2*t))**(1/m);
406 mean=h1+h2;
407 der1=(yf1-y10)*k1*exp(-k1*t) + (1/m)*yf2*y20*k2*(Yf2**m-Y20**m)*exp(-k2*t)*(Y20**m+(Yf2**m-
408 Y20**m)*exp(-k2*t))**(-1-1/m);
409
410 der2=-k1**2*(yf1-y10)*exp(-k1*t) - (1/m)*yf2*y20*k2**2*((Yf2**m-Y20**m)*exp(-
411 k2*t)*(Y20**m+(Yf2**m-Y20**m)*exp(-k2*t))**(-1-1/m)+ (-1-1/m)*(Yf2**m-Y20**m)**2*exp(-
412 2*k2*t)*(Y20**m+(Yf2**m-Y20**m)*exp(-k2*t))**(-2-1/m));
413 id der1 der2;
414 model y ~ normal(mean,v);
415 predict mean out=silva;
416 run;
417
418 proc print data=silva;
419 var t y pred lower upper der1 der2;
420 run;
421
422 proc gplot data=silva;
423 plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
424 plot der1*t/frame overlay;
425 plot der2*t/frame overlay;
426 run;
427
428 /*Modelo Brody - López com as possíveis estruturas de variância*/
429
430 proc nlmixed data=rocha tech=newwrap maxit=500;
431 parms
432 Yf1=-10 to 10 by 2
433 Y10=-25 to 5 by 5
434 k1=.9
435 Yf2=40 to 70 by 2
436 K=100

```

```

437 Y20=6 to 20 by 1
438 p=1
439 /*s1=.2548
440 ss2=2.2045
441 s3=.8590
442 s4=3.2021
443 s5=9.6566
444 s6=3.5327
445 s7=11.7521
446 s8=15.0373*/
447 /*c=.006*/
448 s0=5.8124
449 /*sb=1*/ / best=1
450 ;
451 bounds Yf1>-50, Y10>-50, k1>0, Yf2>0, Y20>0, K>0, p>0, s0>0/*, sb>0, c>0, s1>0, ss2>0, s3>0, s4>0, s5>0,
452 s6>0, s7>0, s8>0*/;
453 v=s0;
454 *v=s0*exp(c*t);
455 *v=s0+sb*(1-exp(-c*t));
456 /*if (trt=1) then v=s1;
457 if (trt=2) then v=ss2;
458 if (trt=3) then v=s3;
459 if (trt=4) then v=s4;
460 if (trt=5) then v=s5;
461 if (trt=6) then v=s6;
462 if (trt=7) then v=s7;
463 if (trt=8) then v=s8;*/
464
465 h1=Yf1-(Yf1-Y10)*exp(-k1*t);
466
467 h2=(Y20*K**p+Yf2*t**p)/(K**p+t**p);
468
469 mean=h1+h2;
470
471 der1= k1*(Yf1-Y10)*exp(-k1*t) + (yf2*p*t**(p-1)/(K**p+t**p)-p*t**(p-
472 1)*(Y20*K**p+Yf2*t**p)/(K**p+t**p)**2);
473
474 der2= -k1**2*(Yf1-Y10)*exp(-k1*t) + (-2*yf2*p**2*t**(2*p-2)/(K**p+t**p)**2+yf2*(p-1)*p*t**(p-
475 2)/(K**p+t**p)+
476 2*p**2*t**(2*p-
477 2)*(Y20*K**p+Yf2*t**p)/(K**p+t**p)**3 - (p-1)*p*t**(p-2)*(Y20*K**p+Yf2*t**p)/(K**p+t**p)**2);
478
479 id der1 der2 h1 h2;
480 model y ~ normal(mean,v);
481 predict mean out=silva;
482 run;
483
484 proc print data=silva;
485 var t y pred der1 der2 lower upper;
486 run;
487
488 proc gplot data=silva;
489 plot y*t pred*t lower*t upper*t/frame overlay;
490 plot der1*t/frame overlay;
491 plot der2*t/frame overlay;
492 run;
493

```