

## **Identidade dos parâmetros de modelos segmentados**

**Diana Campos de Oliveira<sup>1</sup>**

**Antonio Policarpo Souza Carneiro<sup>2</sup>**

**Joel Augusto Muniz<sup>3</sup>**

**Fabyano Fonseca e Silva<sup>4</sup>**

### **1 Introdução**

No Brasil, dentre os animais de médio porte, os ovinos foram os que apresentaram maior crescimento no rebanho. O efetivo nacional chegou a 17,6 milhões de cabeças em 2011, apresentando aumento de 1,6% em relação a 2010, (IBGE, 2011).

Contudo, o rebanho ovino é insuficiente para abastecer o mercado interno brasileiro, de forma que o país continua importando em torno de 50% da carne ovina consumida no país (JÚNIOR 2003), o que reforça a necessidade de estudos, como as curvas de crescimento, que ajudam no manejo adequado contribuindo para o aumento da produtividade de animais.

Uma forma, consistente e prática, de analisar a eficiência produtiva de animais é por meio do estudo de curvas de crescimento, as quais relacionam o peso do animal com a sua idade. Os modelos não-lineares, usados para descrever tais curvas, sintetizam um grande número de medidas em apenas alguns parâmetros (SILVA et al., 2001).

Modelos não-lineares usuais têm sido muito utilizados para descrever curvas de crescimento. Neste trabalho serão utilizadas regressões segmentadas não lineares conectadas por nós (pontos de junção), as quais são denomina das funções “splines”.

As splines apresentam ajustes definidos por partes no qual para cada intervalo da variável independente são estimados modelos distintos. Essas funções apresentam facilidade de convergência, são fáceis de manipular e avaliar, são úteis quando um polinômio de grau menor não se ajusta bem aos dados e o fenômeno em estudo apresenta grandes alterações.

Segundo Regazzi e Silva (2004), em análise de regressão, com muita frequência, deseja-se saber se um conjunto de  $g$  equações ajustadas são idênticas, ou seja, se o fenômeno em estudo pode ser representado por uma única equação.

Na literatura são poucos os trabalhos que utilizam identidade de modelos para comparar curvas de crescimento.

---

<sup>1</sup> DEEST – UFOP. e-mail: dianacamposoliveira@gmail.com

<sup>2</sup> DET – UFV.

<sup>3</sup> DEX - UFLA

<sup>4</sup> DZO - UFV

O objetivo geral deste trabalho foi comparar, por meio do teste da razão de verossimilhança, os parâmetros dos modelos segmentados, para descrever curvas de crescimento de três grupos genéticos de ovinos cruzados do nordeste.

## 2 Material e métodos

Para o teste da razão de verossimilhança, com aproximação pela estatística qui-quadrado, apresentado por Regazzi (2003) e Regazzi e Silva (2004) é utilizado o modelo que terá os parâmetros testados acrescido de uma variável indicadora que representa cada um dos três grupos genéticos.

Para os três grupos genéticos, o modelo completo, para a spline com dois segmentos de primeiro grau, pode ser definido por:

$$\text{Se } x < \sum_{j=1}^3 D_j [t_{1j}] \text{ o modelo pode ser descrito por: } y_{ij} = \sum_{j=1}^3 D_j [a_j + b_j x] + e_i,$$

$$\text{Se } x \geq \sum_{j=1}^3 D_j [t_{1j}] \text{ o modelo é dado por: } y_{ij} = \sum_{j=1}^g D_j [a_j + b_j x_i + c_j (x_i - t_{1j})] + e_i,$$

em que:

$a_j, b_j, c_j, t_1$  são os parâmetros dos modelos g grupos genéticos, sendo  $j=1,2,3$

$e_i$  é erro aleatório,  $e_i \sim N(0, \sigma^2)$ ;

$D_j$  é uma variável indicadora, sendo:

$$D_j = \begin{cases} 1, & \text{se a observação } y_{ij} \text{ pertence ao grupo } j; \\ 0, & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

Para ajuste do modelo completo apresentado anteriormente, tal método permite testar as seguintes hipóteses, separadamente:

$H_0(1): a_1 = a_2 = a_3$  vs  $H_a(1)$ : nem todos  $a_j$  são iguais;

$H_0(2): b_1 = b_2 = b_3$  vs  $H_a(2)$ : nem todos  $b_j$  são iguais;

$H_0(3): c_1 = c_2 = c_3$  vs  $H_a(3)$ : nem todos  $c_j$  são iguais;

$H_0(5): t_{11} = t_{12} = t_{13}$  vs  $H_a(5)$ : nem todos  $t_{1j}$  são iguais.

Para a hipótese  $H_0(1)$ , considere o seguinte modelo reduzido:

$$y_{ij} = \sum_{j=1}^g D_j [a + b_j x_i + c_j (x_i - t_1)] + e_i,$$

Se  $H_0$  for rejeitada existem diferenças entre os grupos quanto ao parâmetro  $a$ , sendo assim são feitas comparações duas a duas para verificar tal diferença, e nesse caso as hipóteses são dadas por:

$$H_0(6): a_1 = a_2 \text{ vs } H_a(7): a_{11} \neq a_{12};$$

$$H_0(7): a_1 = a_3 \text{ vs } H_a(8): a_{11} \neq a_{13};$$

$$H_0(8): a_2 = a_3 \text{ vs } H_a(9): a_{12} \neq a_{13};$$

As somas de quadrados dos resíduos  $\hat{\sigma}_\Omega^2$  e  $\hat{\sigma}_\omega^2$  dos modelos completos e reduzidos respectivamente foram usadas para obter as estatísticas qui-quadrado para o teste , em que sua expressão é dada por:

$$\chi^2_{calculado} = -n \ln \left( \frac{\hat{\sigma}_\Omega^2}{\hat{\sigma}_\omega^2} \right)$$

em que:

$$\hat{\sigma}_\Omega^2 = \frac{SQR_\Omega}{n}; \hat{\sigma}_\omega^2 = \frac{SQR_\omega}{n}$$

Rejeita-se  $H_0$ , a um nível de significância  $\alpha$ , se  $\chi^2_{calculado} \geq \chi^2_\alpha(v)$ , onde  $v = p_\Omega - p_\omega$  é o número de graus de liberdade da estatística do teste, em que  $p_\Omega$  e  $p_\omega$  são o número de parâmetros estimados nos modelos completo e reduzido, respectivamente.

As estimativas dos parâmetros dos modelos completos e reduzidos foram obtidas utilizando o procedimento NLIN do SAS® (SAS, 2014).

### 3 Resultados e discussões

As estimativas dos parâmetros, caracterizados por  $a$ ,  $b$ ,  $c$ ,  $d$  e o nó  $t_1$ , GP2 ganho de peso diário no segundo segmento das funções splines ajustadas aos dados de peso-idade dos grupos genéticos DMN, DSI e DRL estão apresentadas na Tabela 1.

**Tabela 1** - Estimativas dos parâmetros, com os respectivos erros padrão assintótico, da função spline com dois segmentos para os três grupos genéticos.

Parâmetros	Grupo Genético		
	DMN	DSI	DRL
$a$	2,9570 ± 0,72	4,4535 ± 0,68	4, 3699 ± 0,53
$b$	0,1242 ± 0,01	0,1552 ± 0,01	0,1161 ± 0,01

<i>c</i>	-0,0529 ± 0,01	-0,170 ± 0,01	-0,1112 ± 0,01
<b>GP<sub>2</sub> (kg/dia)</b>	0,0713 ± 0,02	-0,0148 ± 0,02	0,0049 ± 0,02
<i>t<sub>1</sub></i> (dias)	118 ± 17,52	162 ± 6,77	188 ± 10,68

GP<sub>2</sub>=b+c é o ganho de peso no segundo segmento

Percebe-se que os pesos ao nascer (parâmetro *a*) variaram de 2,957 kg a 4,4535 kg (Tabelas 1). Enquanto o ganho de peso diário para o primeiro segmento (parâmetro *b*) ficou entre 0,1161 e 0,1552 kg/dia. A mudança no crescimento dos animais ocorreu nas idades acima de 118, 162 e 188 dias (parâmetro *t<sub>1</sub>*), para os grupos DMN, DSI E DRL respectivamente, o ganho de peso diário nessa fase caiu para 0,0713 kg/dia no grupo DMN e 0,0049 kg/dia para o DRL e apresentou perda de peso -0,0148kg/dia.

Na Tabela 2 são apresentados os resultados dos testes de razão de verossimilhança com aproximação de qui-quadrado com as respectivas hipóteses e valor de p, para avaliação da identidade de funções splines ajustadas para os três grupos genéticos.

**Tabela 2** - Testes de identidade de parâmetros do modelo para os grupos genéticos (DRL=1, DMN=2 e DSI =3).

Hipóteses	n	SQR <sub>Ω</sub>	SQR <sub>ω</sub>	χ <sup>2</sup> <sub>Calculado</sub>	Valor de p
H <sub>0</sub> : t <sub>11</sub> = t <sub>12</sub> = t <sub>13</sub>	554	7045,2	7139,5	7,3661*	0,0251
H <sub>0</sub> : t <sub>11</sub> = t <sub>12</sub>	346	3549,2	3618,3	6,6715*	0,0097
H <sub>0</sub> : t <sub>12</sub> = t <sub>13</sub>	359	4904,4	4920	1,1401 <sup>ns</sup>	0,2856
H <sub>0</sub> : t <sub>11</sub> = t <sub>13</sub>	403	5636,8	5710,4	5,2279*	0,0222
H <sub>0</sub> : a <sub>1</sub> = a <sub>2</sub> = a <sub>3</sub>	554	7045,2	7068,1	1,7978 <sup>ns</sup>	0,4070
H <sub>0</sub> : b <sub>1</sub> = b <sub>2</sub> = b <sub>3</sub>	554	7045,2	7342,7	22,913*	0,00001
H <sub>0</sub> : b <sub>1</sub> = b <sub>2</sub>	346	3549,2	3546,5	0 <sup>ns</sup>	1
H <sub>0</sub> : b <sub>2</sub> = b <sub>3</sub>	359	4904,4	4933	2,0874 <sup>ns</sup>	0,1485
H <sub>0</sub> : b <sub>1</sub> = b <sub>3</sub>	403	5636,8	6060,2	29,187*	6,57x10 <sup>-8</sup>
H <sub>0</sub> : c <sub>1</sub> = c <sub>2</sub> = c <sub>3</sub>	554	7045,2	7195,6	11,702*	0,0028
H <sub>0</sub> : c <sub>1</sub> = c <sub>2</sub>	346	3549,2	3639,1	8,6540*	0,0032

$H_0: c_2 = c_3$	359	4904,4	5020,0	8,3636*	0,0038
$H_0: c_1 = c_3$	403	5636,8	5679,1	3,0129 <sup>ns</sup>	0,0826

De acordo com os resultados da estatística do teste da razão de verossimilhança (Tabela 2), o parâmetro  $t_1$  para os grupos genéticos DMN e DSI não diferiram estatisticamente, dessa forma estes grupos passam para uma fase de ganho de peso diário menor com idade inferior ao grupo DRL.

Com relação ao peso ao nascimento (parâmetro  $a$ ) os três grupos genéticos não diferiram estatisticamente.

O grupo DRL diferiu do grupo DSI quanto ao parâmetro ganho de peso diário para o primeiro segmento (parâmetro  $b$ ), o DRL pode ser considerado estatisticamente igual ao grupo DMN, sendo esse igual ao DSI.

Percebe-se que o decréscimo no ganho de peso do grupo DRL (-0,11) diferiu do grupo DMN (-0,05) que também diferiu do grupo DSI (-0,17). Entretanto os grupos genéticos DRL e DSI mostraram-se estatisticamente iguais. Pode-se inferir que para o grupo DMN o ganho de peso, para o segundo segmento, apresentou um decréscimo maior em relação aos demais grupos.

#### 4 Conclusões

De acordo com testes de identidade de modelos, o grupo genético Dorper x Santa Inês foi o que apresentou maior ganho de peso diário, sendo indicado para exploração de carne.

#### 5 Referências

- [2] IBGE. Produção da pecuária municipal rebanho bovino brasileiro: efetivo de rebanhos 2011. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 10 dezembro. 2013.
- [3] HOLANDA JUNIOR, E.V.; AS, J.L; ARAUJO, G.G.L. Articulação dos segmentos da cadeia produtiva de caprinos e ovinos – os fluxos alternativos de comercialização. In: II Simpósio Internacional Sobre Caprinos e Ovinos de Corte. Anais...João Pessoa, PB. 2003, p.83-93
- [4] REGAZZI, A.J.; SILVA, C.H.O. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. I. Dados no delineamento inteiramente casualizado. Revista Matemática e, São Paulo, v.22, n.3, p.33-45, 2004.