

# **Análise bayesiana univariada e bivariada para a conversão alimentar de suínos da raça Piau**

Robson Marcelo Rossi<sup>(1)</sup>, Elias Nunes Martins<sup>(2)</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>(3)</sup> e Fabyano Fonseca e Silva<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidade Estadual de Maringá (UEM), Departamento de Estatística, Avenida Colombo, nº 5.790, Jardim Universitário, CEP 87020-900 Maringá, PR, Brasil. E-mail: rmrossi@uem.br <sup>(2)</sup>UEM, Departamento de Zootecnia, Avenida Colombo, nº 5.790, Jardim Universitário, CEP 87020-900 Maringá, PR, Brasil. E-mail: enmartins@uem.br <sup>(3)</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Zootecnia, Avenida P.H. Rolfs, s/nº, Campus Universitário, CEP 36570-900 Viçosa, MG, Brasil. E-mail: plopes@ufv.br, fabyanofonseca@ufv.br

**Resumo** – O objetivo deste trabalho foi apresentar modelagens alternativas, uni e bivariadas, para avaliação da conversão alimentar (CA) de suínos da raça Piau, com uso de inferência bayesiana. Os efeitos de sexo e genótipo sobre a CA dos animais foram avaliados por meio de procedimentos de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC) e de integração aproximada aninhada de Laplace (INLA). O modelo univariado foi avaliado com diferentes distribuições para o erro – normal (gaussiana), t de Student, gama, log-normal e skew-normal –, enquanto, para o modelo bivariado, considerou-se o erro normal. A distribuição skew-normal foi o modelo mais parcimonioso para inferir sobre a resposta direta (univariada) da CA aos efeitos de sexo e genótipo, os quais não foram significativos. O modelo bivariado foi capaz de identificar diferenças significativas no ganho de peso e no consumo de ração em níveis de significância não detectados pelo modelo univariado. Além disso, ele também foi capaz de detectar diferenças entre sexos, quando agrupados por genótipos NN (machos, 2,73±0,04; fêmeas, 2,68±0,04) e Nn (machos, 2,70±0,07; fêmeas, 2,64±0,07), e revelou maior acurácia e precisão nas inferências nutricionais. Em ambas as abordagens, o método bayesiano mostra-se flexível e eficiente para a avaliação do desempenho nutricional dos animais.

**Termos para indexação:** análise multivariada, desempenho nutricional, INLA, MCMC, síndrome do estresse suíno.

## **Univariate and bivariate Bayesian analysis for feed conversion of the Piau swine breed**

**Abstract** – The objective of this work was to present alternative uni- and bivariate modeling procedures for the evaluation of feed conversion (FC) of the Piau swine breed, using Bayesian inference. The effects of sex and genotype on animal FC were evaluated by the Markov chain Monte Carlo (MCMC) and the integrated nested Laplace approximation (INLA) procedures. The univariate model was evaluated using different distributions for the error – normal (Gaussian), t-Student, gamma, log-normal, and skew-normal –, whereas, for the bivariate model, the normal error was considered. The skew-normal distribution was the most parsimonious model to infer on the direct response (univariate) of FC to the effects of sex and genotype, which were nonsignificant. The bivariate model was capable to identify significant differences on weight gain and feed intake in significance levels not detected by the univariate model. Moreover, it was also able to detect differences between sexes, when grouped by NN (male, 2.73±0.04; female, 2.68±0.04) and Nn (male, 2.70±0.07; female, 2.64±0.07) genotypes, and revealed greater accuracy and precision for nutritional inferences. In both approaches, the Bayesian method proves flexible and efficient for assessing animal nutritional performance.

**Index terms:** multivariate analysis, nutritional performance, INLA, MCMC, pig stress syndrome.

### **Introdução**

A avaliação do desempenho nutricional animal é tradicionalmente realizada por meio de procedimentos frequentistas, que comumente são comparados entre si com o objetivo de buscar o mais eficiente em identificar diferenças entre tratamentos. Entre esses procedimentos, os mais comuns, para avaliação do

desempenho nutricional, são a análise de variância paramétrica uni (Anova) e multivariada (Manova) (Euclides Filho et al., 2001, 2002; Detmann et al., 2005), a análise de componentes principais (Barbosa et al., 2005), a transformação logarítmica das relações de conversão alimentar (CA) e a sua inversa, a avaliação da eficiência alimentar (EA), a avaliação ordinária ou ponderada de índices bionutricionais (Guidoni, 1994;

Siqueira et al., 2011), a análise de covariância e a análise de regressão linear e não linear (Regazzi, 2003; Band et al., 2005; Siqueira et al., 2011; Detmann et al., 2011, 2012), entre outras.

Apesar da grande disponibilidade de modelos, a utilização direta da CA apresenta inconvenientes estatísticos e biológicos que podem comprometer a confiabilidade das inferências obtidas (Guidoni, 1994; Euclides Filho et al., 2002; Detmann et al., 2005, 2011). Segundo Detmann et al. (2011), a avaliação estatística de variável originada da razão entre duas variáveis normalmente distribuídas – no caso da conversão alimentar, o consumo de alimento e o ganho de peso – requer o atendimento de condições rigorosas para que análises paramétricas convencionais sejam confiáveis; entre essas condições, destacam-se restrições no espaço paramétrico, tamanho amostral adequado, baixa variabilidade na covariável e normalidade assintótica nos erros. Além disso, essas análises demandam grande esforço computacional e tempo de processamento.

Nesse sentido, a inferência bayesiana é uma abordagem mais flexível e mais adequada às características biológicas. A teoria subjacente à inferência está fundamentada no teorema de Bayes, que é relacionado a uma simples probabilidade condicional. Para a utilização da inferência bayesiana, é necessário especificar a distribuição a priori de um parâmetro, ou  $\pi(\theta)$ , para que se possa representar probabilisticamente o conhecimento que se tem sobre ele antes de os dados serem obtidos. Outra exigência é a necessidade de especificação de uma distribuição conjunta para os dados amostrais,  $Y = \{y_1, y_2, \dots, y_n\}$ , denominada de função de verossimilhança, ou  $L(\theta|y)$ , a qual representa a informação sobre o parâmetro avaliado,  $\theta$ , obtida dos dados. A operação bayesiana,  $L(\theta|y)\pi(\theta)$ , resulta na distribuição condicional a posteriori  $\pi(\theta|y)$ , que contém toda a informação probabilística a respeito do parâmetro. Assim, toda a inferência relativa ao(s) parâmetro(s) é realizada por meio dessa distribuição, e seus valores centrais, como média e mediana, fornecem as estimativas de interesse, que serão idênticas às obtidas com procedimentos frequentistas quando a distribuição a priori é não informativa ou vaga (Paulino et al., 2003).

Não foram encontrados, na literatura, estudos com técnicas generalistas e flexíveis, nem do ponto de vista frequentista, com modelos lineares generalizados, nem do bayesiano, apesar da grande importância da avaliação

nutricional de animais, especificamente quanto à CA e à EA. Além disso, o uso de novos procedimentos computacionais para obtenção mais rápida e precisa de estimativas bayesianas, como a integração aproximada aninhada de Laplace (INLA) (Rue et al., 2009), têm apresentado inúmeras vantagens sobre procedimentos tradicionais, como os de simulação Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC), em especial quanto ao tempo de processamento, que passa a ser praticamente instantâneo.

O objetivo deste trabalho foi apresentar modelagens alternativas, uni e bivariadas, para avaliação da conversão alimentar (CA) de suínos da raça Piau, com uso de inferência bayesiana.

## Material e Métodos

Procedimentos que envolvem variáveis aleatórias contínuas, medidas na mesma unidade experimental e mutuamente correlacionadas, pressupõem a multinormalidade, e, conseqüentemente, a análise multivariada é sugerida como técnica apropriada.

Analogamente ao procedimento apresentado por Guidoni (1994), em que  $Y_1$  representa o consumo de ração e  $Y_2$ , o ganho de peso, a medida natural de eficiência relativa é traduzida por  $CA=Y_1/Y_2$ , em que CA é a conversão alimentar ( $CA>1$ ). Para a obtenção das estimativas dos parâmetros do modelo univariado, inicialmente considerou-se que a CA segue distribuição normal, isto é,  $CA \sim N(\mu_x, \sigma_c^2)$ , tal que  $\mu_x=X\beta$ , sendo  $\beta$  o vetor de parâmetros associados à matriz de incidência relativa às variáveis independentes ( $X$ ) e  $e \sim \text{iid} N(0, \sigma_e^2)$ . Além disso, foram consideradas, a priori, distribuições não informativas para todos os parâmetros do modelo, ou seja,  $\beta | \sigma_e^2 \sim N(0, 10^{-6})$  e  $\tau_e \sim \text{Gama}(10^{-3}, 10^{-3})$ , já que  $\sigma_e^2 = \tau_e^{-1}$ , de acordo com a parametrização Bugs (Spiegelhalter et al., 1994). Em seguida, distribuições alternativas à normal foram consideradas para o erro ( $e$ ): skew-normal (Azzalini & Capitanio, 1999), tendo-se seguido os procedimentos descritos por Del la Cruz & Branco (2009); t de Student; gama; e log-normal; além da obtenção dos parâmetros por meio do procedimento INLA (Rue et al., 2009; Martino & Rue, 2010).

Para a discriminação entre modelos pelo procedimento INLA, o valor de  $-\log L$  (log da verossimilhança) foi utilizado em adição ao critério de informação deviance (DIC) (Spiegelhalter et al.,

2002), o qual sugere que o módulo da diferença entre os valores DIC de dois modelos A e B é dado por  $D=|DIC_A-DIC_B|$ ; assim, se  $D<5$ , a diferença não é significativa; se  $5\leq D\leq 10$ , a diferença é significativa; e se  $D>10$ , a diferença é altamente significativa. Ambos os critérios (-log L e DIC) indicam melhores ajustes com valores mais baixos.

Para a obtenção das estimativas dos parâmetros do modelo bivariado, assumiu-se que a resposta  $Y$  tem características de uma distribuição normal bivariada, isto é,

$$\underline{Y} \sim N_2 \left( \begin{bmatrix} \mu_{Y_1} \\ \mu_{Y_2} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{11}^2 & \sigma_{12} \\ \sigma_{21} & \sigma_{22}^2 \end{bmatrix} \right),$$

em que:  $\mu_{Y_1}$  e  $\mu_{Y_2}$  são, respectivamente, as formas lineares correspondentes às respostas  $Y_1$  e  $Y_2$  já definidas. Analogamente,  $\sigma_{11}^2$  e  $\sigma_{22}^2$  representam suas variâncias, e  $\sigma_{12} = \sigma_{21}$ , a covariância entre  $Y_1$  e  $Y_2$ . Para os parâmetros do modelo bivariado, foram consideradas, a priori, as distribuições não informativas  $\beta \stackrel{iid}{\sim} N(0, 10^{-6})$  e a matriz de precisão  $\Omega \sim IW(I_2, 2)$ , em que  $IW$  é a distribuição Wishart invertida, com matriz de (co)variância dada por  $\Sigma = \Omega^{-1}$ , de acordo com a parametrização Bugs (Spiegelhalter et al., 1994). Por conseguinte, os valores esperados a posteriori para a conversão alimentar foram obtidos dentro do processo iterativo.

A obtenção das distribuições marginais a posteriori para os parâmetros foi feita por meio do pacote Brugs, do programa R (R Development Core Team, 2014).

Os valores próximos às estimativas frequentistas foram considerados como os valores iniciais para os parâmetros, em ambos os modelos. Utilizou-se o processo MCMC, tendo-se considerado um período de descarte amostral de 10% dos valores iniciais. A amostra final foi tomada com saltos apropriados, de modo a eliminar a autocorrelação. A convergência das cadeias foi realizada por meio do pacote Coda, do programa R (R Development Core Team, 2014), por meio do critério de Heidelberger e Welch.

Os parâmetros dos modelos, bem como os efeitos dos contrastes entre níveis de tratamentos, foram considerados significativos, com 95% de confiança, se seus respectivos intervalos para as médias à posteriori não continham o valor zero (Paulino et al., 2003). Para discriminação entre os modelos pelo procedimento MCMC, utilizou-se o valor DIC.

Os dados utilizados nas análises foram obtidos de Barbosa et al. (2005), em experimento conduzido na granja de melhoramento de suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG, no período de novembro de 1998 a julho de 2001. Duas famílias foram formadas inicialmente, ambas provenientes do cruzamento de dois varrões da raça nativa Brasileira (Piau) com fêmeas comerciais (Landrace x Large White x Pietrain), originadas de linhagem desenvolvida na UFV. Informações detalhadas sobre o experimento e o manejo dos animais estão descritas em Band et al. (2005), Barbosa et al. (2005) e Pires et al. (2008).

A análise genotípica foi conduzida no laboratório de biotecnologia animal (Labtec) do Departamento de Zootecnia da UFV. O banco de dados final conteve 415 animais, com 178 machos e 174 fêmeas sem o alelo mutado do gene halotano (NN), e com 25 machos e 38 fêmeas com esse alelo (Nn). O gene halotano, ou *PSS*, pode ser utilizado como marcador para o desempenho de determinadas características, pois codifica a proteína precursora do canal de liberação do cálcio do retículo sarcoplasmático do músculo esquelético. Portanto, esse gene é de grande importância no melhoramento genético animal e, também, na indústria suína (Macedo, 2013).

A CA foi avaliada tendo-se considerado o modelo,  $y_{ijkl} = \mu + S_i + G_j + L_k + b(C_{ijkl} - \bar{C}) + e_{ijkl}$ , em que:  $y_{ijkl}$  é a característica observada no animal  $l$ , com sexo  $i$ , no genótipo  $j$  e no lote  $k$ ;  $\mu$  é a constante;  $S_i$  é o efeito do sexo  $i$ ,  $i=1, 2$  ( $1$ =macho castrado e  $2$ =fêmea);  $G_j$  é o efeito de genótipo do gene *PSS*,  $j=1, 2$  ( $1$ =NN, não portador do gene halotano; e  $2$ =Nn, portador do gene halotano);  $L_k$  é o efeito do lote (época de nascimento)  $k$  ( $k=1$ : junho-julho,  $2$ : agosto,  $3$ : setembro-outubro,  $4$ : novembro-dezembro e  $5$ : janeiro-fevereiro);  $C_{ijkl}$  é o valor observado da covariável (peso em kg, aos 77 dias de idade), no animal  $l$ , de sexo  $i$ , com genótipo  $j$ , no lote  $k$ , sendo  $\bar{C}$  a média da covariável; e  $b$  é o coeficiente de regressão linear da característica, em função da covariável.

Em todos os modelos, foram realizados testes de normalidade nos resíduos de Shapiro-Wilk e de homogeneidade de variâncias, por meio do teste de Bartlett, a 5% de probabilidade.

## Resultados e Discussão

Não foram detectadas diferenças nas conversões alimentares entre sexos (machos,  $2,84 \pm 0,05$ ; fêmeas,

2,80±0,06) e nem entre genótipos (NN, 2,83±0,04; Nn, 2,77±0,12) (Tabela 1). Esses resultados corroboram os de Band et al. (2005), que também não observaram diferenças significativas nos valores médios de CA entre genótipos (NN, 2,81±0,67; Nn, 2,75±0,56) pelo teste F (n=446). Silva et al. (2012) constataram diferenças entre sexos de suínos em diferentes grupos genotípicos (machos, 2,62±0,31; fêmeas, 2,43±0,22) e concluíram que o cruzamento Landrace x Large White foi o que apresentou maior CA média (2,66±0,03).

Parte das concordâncias e divergências entre os trabalhos pode ser atribuída à não suposição dos pressupostos de normalidade e heterogeneidade de variâncias nos dados, que, no presente trabalho, foram confirmados pelos testes de Shapiro-Wilk ( $p < 0,05$ ) e de Bartlett ( $p < 0,05$ ). Uma verificação adicional, que assume erros skew-normais (pacote sn do R), apresentou significância da simetria ( $\lambda = 4,90$  e erro-padrão=0,60) e gráfico dos resíduos com cauda pesada (Figura 1), indício de um modelo mais parcimonioso para análise da CA.

Estimativas bayesianas confirmaram, em parte, os resultados frequentistas. O lote 1 não apresentou média significativamente diferente da do lote 5 (Tabela 1). Verificaram-se valores mais baixos nos lotes 2, 3 e 4, respectivamente, de 2,69±0,06, 2,72±0,08 e 2,71±0,07,

o que indica que animais nascidos nos períodos iniciais de agosto a janeiro apresentaram melhor desempenho.

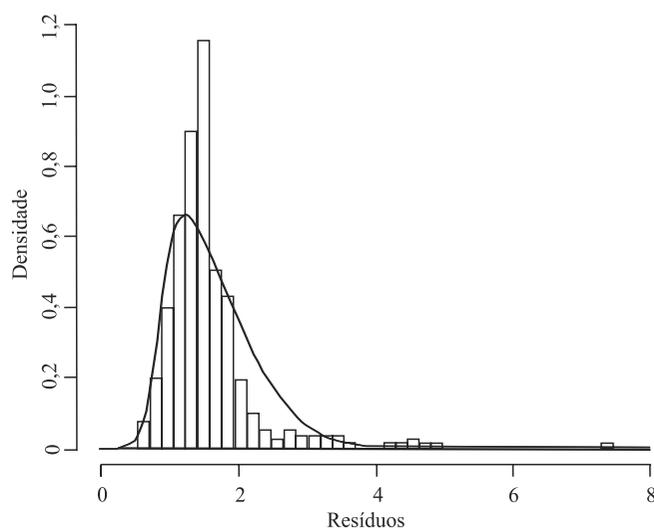
A adequação de um modelo mais parcimonioso para ajuste dos dados traz uma importante colaboração para predições em experimentos zootécnicos, especialmente no melhoramento genético animal, em que a seleção do melhor animal nas populações é alvo frequente de pesquisa. De acordo com os critérios  $-\log L$  e o DIC, com uso do procedimento INLA, a distribuição normal foi a que apresentou o pior ajuste ( $-\log L = 528,70$ ;  $DIC = 962,57$ ); em seguida, com valores intermediários, vieram a distribuição t de Student ( $-\log L = 471,02$ ;  $DIC = 783,21$ ), a gama ( $-\log L = 452,70$ ;  $DIC = 806,26$ ) e a log-normal ( $-\log L = 435,96$ ;  $DIC = 762,09$ ); e o melhor ajuste foi obtido de forma significativa com a distribuição skew-normal ( $-\log L = 157,23$ ;  $DIC = 189,13$ ) (Tabela 2).

As distribuições avaliadas, no entanto, não detectaram diferenças significativas para sexo e genótipo. Ao se considerar a distribuição normal, que é tradicionalmente utilizada para análise do erro, verificou-se que o lote 5 foi significativo ( $\beta_6$ ); de forma contrária, quando erros skew-normais foram assumidos, nenhum lote foi significativo, já que o intervalo de 95% de confiança para esse parâmetro (-0,08; 0,34) contemplava o valor zero. Macedo (2013), ao comparar as abordagens frequentista e bayesiana, concluiu pela significância do genótipo

**Tabela 1.** Estimativas bayesianas para média, desvio-padrão e intervalo de confiança (IC), na análise de conversão alimentar de suínos da raça Piau, para o modelo univariado, tendo-se assumido erros normais<sup>(1)</sup>.

Nível	n	Estimativa bayesiana		
		Média	Desvio-padrão	IC (95%)
<b>Sexo</b>				
Macho	203	2,84a	0,05	(2,74; 2,95)
Fêmea	212	2,80a	0,06	(2,81; 2,92)
<b>Genótipo<sup>(2)</sup></b>				
NN	352	2,83a	0,04	(2,75; 2,91)
Nn	63	2,77a	0,12	(2,54; 3,01)
<b>Lote<sup>(3)</sup></b>				
1	89	3,00a	0,07	(2,86; 3,14)
2	123	2,69b	0,06	(2,58; 2,81)
3	67	2,72b	0,08	(2,58; 2,87)
4	103	2,71b	0,07	(2,58; 2,84)
5	33	3,40a	0,30	(2,82; 3,99)
Geral	415	2,82	0,04	(2,75; 2,90)

<sup>(1)</sup>Médias seguidas de letras iguais não diferem por meio de contrastes bayesianos, a 95% de confiança. <sup>(2)</sup>NN, sem o alelo mutado do gene halotano; Nn, com o alelo mutado do gene halotano. <sup>(3)</sup>Lote 1, junho-julho; 2, agosto; 3, setembro-outubro; 4, novembro-dezembro; e 5, janeiro-fevereiro.



**Figura 1.** Densidade ajustada à distribuição skew-normal (linha) dos resíduos estimados de conversão alimentar de suínos da raça Piau, pelo modelo univariado.

sobre a resposta em peso dos animais somente com uso do segundo método, o qual conseguiu mostrar que os suínos machos portadores do gene (Nn) chegam à idade adulta com peso maior do que os suínos não portadores do gene (NN).

Com o procedimento MCMC, o ajuste foi significativo ao se assumir erros skew-normais para o modelo univariado, pelo  $DIC_{normal}=965$  e  $DIC_{skew-normal}=800$  (Tabela 3). Contudo, o uso do modelo bivariado, que considera as respostas de consumo de ração e ganho de peso, implica não significância de parâmetros anteriormente significativos, quando se assume tradicionalmente resposta normal.

Cabe ressaltar que, com o uso do procedimento INLA, a velocidade de processamento foi de poucos segundos e produziu resultados instantâneos, quando comparado ao procedimento MCMC, cujos mesmos resultados, com suas respectivas precisões, foram obtidos em horas (Tabelas 2 e 3). Essa característica foi relatada em outros trabalhos (Fong et al., 2009; Rue et al., 2009; Martins et al., 2013).

Decisões diferentes podem ser tomadas se um modelo bivariado for escolhido em vez de o univariado (Tabela 4). A CA média de machos e fêmeas foi ajustada de forma adequada, e o contraste bayesiano foi sensível a diferenças significativas entre as conversões ( $2,73\pm 0,04$  e  $2,67\pm 0,03$ , para machos e fêmeas, respectivamente). As mesmas diferenças foram observadas nas hierarquizações (aninhamento) dos grupos de genótipos NN ( $2,73\pm 0,04$  e  $2,68\pm 0,04$ )

e Nn ( $2,70\pm 0,07$  e  $2,64\pm 0,07$ ). Portanto, as fêmeas apresentaram, invariavelmente, melhor desempenho de CA que os machos.

Apesar de o modelo bivariado ajustado reduzir os valores médios de CA ( $2,70\pm 0,03$  e  $2,66\pm 0,05$ , para NN e Nn, respectivamente), não foram detectadas diferenças significativas entre os grupos de modo geral e nem nos aninhamentos por sexo (Tabela 4). Esses resultados corroboram os de Band et al. (2005), que estimaram valores de CA de  $2,81\pm 0,67$  e  $2,75\pm 0,56$ , respectivamente, para NN e Nn, por meio de análises univariadas.

Detmann et al. (2005) avaliaram a discriminação de tratamentos por meio da observação direta da conversão alimentar e da eficiência alimentar, tendo assumido erros normais e adotado o índice bionutricional (BNI) com uso da análise de variância multivariada paramétrica, em procedimento frequentista. Os autores analisaram consumo e produção animal, e concluíram que CA e EA não fornecem inferências semelhantes sobre a produção animal, o que pode comprometer as conclusões dos experimentos. Entretanto, os autores recomendaram o uso do BNI, pelo fato de o índice garantir máxima discriminação entre os grupos experimentais, o que permite identificar diferenças significativas não perceptíveis de forma direta. Os resultados obtidos por esses autores estão de acordo com os do presente trabalho e com os de Guidoni (1994) e Euclides Filho et al. (2001, 2002).

**Tabela 2.** Média±desvio-padrão e intervalos de confiança (IC) de estimativas bayesianas dos parâmetros do modelo univariado, com diferentes distribuições do erro, por meio de procedimentos de integração aproximada aninhada de Laplace (INLA)<sup>(1)</sup>.

Parâmetro	Normal		t de Student		Gama		Log-normal		Skew-normal	
	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)
Intercepto $\beta_0$	3,05±0,09	(2,87; 3,23)*	2,95±0,08	(2,80; 3,10)*	1,12±0,03	(1,07; 1,17)*	1,10±0,03	(1,04; 1,15)*	2,32±0,07	(2,19; 2,45)*
Sexo $\beta_1$	-0,03±0,07	(-0,18; 0,12)	-0,06±0,06	(-0,17; 0,06)	-0,02±0,02	(-0,06; 0,03)	-0,01±0,02	(-0,06; 0,03)	0,003±0,08	(-0,11; 0,11)
Genótipo $\beta_2$	-0,12±0,11	(-0,32; 0,10)	-0,07±0,08	(-0,23; 0,09)	-0,04±0,03	(-0,10; 0,02)	-0,10±0,03	(-0,16; -0,04)*	-0,02±0,08	(-0,17; 0,14)
Lote $\beta_3$	-0,29±0,11	(-0,50; -0,08)*	-0,24±0,08	(-0,41; -0,08)*	-0,10±0,03	(-0,16; -0,04)*	-0,10±0,04	(-0,16; -0,03)*	-0,25±0,08	(-0,41; -0,10)*
Lote $\beta_4$	-0,28±0,12	(-0,52; -0,03)*	-0,24±0,10	(-0,43; -0,05)*	-0,10±0,04	(-0,17; -0,02)*	-0,14±0,03	(-0,21; -0,08)*	-0,25±0,09	(-0,43; -0,07)*
Lote $\beta_5$	-0,40±0,12	(-0,62; -0,17)*	-0,37±0,09	(-0,54; -0,19)*	-0,14±0,03	(-0,21; -0,08)*	0,08±0,05	(-0,01; 0,16)	-0,34±0,09	(-0,50; -0,17)*
Lote $\beta_6$	0,41±0,11	(0,10; 0,71)*	-0,03±0,13	(-0,27; 0,22)	0,13±0,05	(0,04; 0,22)*	-0,03±0,03	(-0,09; 0,03)	0,13±0,11	(-0,08; 0,34)
Peso $\beta_7$	0,03±0,01	(0,01; 0,05)*	0,03±0,01	(0,02; 0,05)*	0,01±0,01	(0,01; 0,02)*	0,01±0,01	(0,01; 0,02)*	0,03±0,01	(0,02; 0,05)*
v (g.l.)	-	-	6,78±1,54	(4,51; 10,50)*	-	-	-	-	-	-
$\lambda$	-	-	-	-	-	-	-	-	0,55±0,04	(0,48; 0,63)*
Precisão	1,72±0,12	(1,50; 1,97)*	2,19±0,22	(1,82; 2,67)*	19,21±1,33	(16,71; 21,96)*	21,02±1,47	(18,27; 24,05)*	1,14±0,07	(1,00; 1,26)*
-log L	528,70		471,02		452,70		435,96		157,23	
DIC	962,57		783,21		806,26		762,09		189,13	

<sup>(1)</sup>Os critérios utilizados na avaliação da análise INLA foram: -log L, log da verossimilhança; DIC, critério de informação deviance. \*Significativo a 5% de probabilidade.

**Tabela 3.** Média±desvio-padrão e intervalos de confiança (IC) de estimativas bayesianas dos parâmetros do modelo univariado, com diferentes distribuições do erro e normal bivariado, por meio de procedimento de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC)<sup>(1)</sup>.

Parâmetro	Normal		Skew-normal		Normal bivariada			
	y=CA		y=CA		y <sub>1</sub> =GP		y <sub>2</sub> =CR	
	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)	Média	IC (95%)
Intercepto $\beta_0$	3,06±0,09	2,87; 3,23*	2,19±0,07	2,05; 2,33*	13,15±0,41	12,37; 13,97*	38,68±0,80	37,13; 40,30*
Sexo $\beta_1$	-0,03±0,08	-0,18; 0,12	0,04±0,05	-0,07; 0,14	-0,02±0,34	-0,69; 0,62	-0,85±0,66	-2,13; 0,44
Genótipo $\beta_2$	-0,12±0,11	-0,33; 0,09	0,04±0,08	-0,11; 0,18	0,79±0,48	-0,14; 1,71	1,11±0,92	-0,70; 2,91
Lote $\beta_3$	-0,29±0,11	-0,50; -0,08*	-0,24±0,08	-0,38; -0,09*	1,98±0,48	1,03; 2,91*	2,10±0,94	0,27; 3,95*
Lote $\beta_4$	-0,28±0,12	-0,52; -0,03*	-0,24±0,09	-0,41; -0,06*	2,52±0,55	1,43; 3,60*	3,45±1,09	1,33; 5,60*
Lote $\beta_5$	-0,40±0,12	-0,63; -0,17*	-0,31±0,08	-0,47; -0,15*	3,16±0,51	2,17; 4,17*	3,39±1,00	1,37; 5,33*
Lote $\beta_6$	0,41±0,16	0,10; 0,71*	0,11±0,10	-0,09; 0,30	-0,34±0,70	-1,74; 0,97	0,60±1,36	-2,09; 3,22
Peso $\beta_7$	0,03±0,01	0,01; 0,05*	0,03±0,01	0,02; 0,04*	0,18±0,04	0,10; 0,26*	0,97±0,08	0,82; 1,14*
$\sigma^2$	0,59±0,04	0,51; 0,67	1,21±0,05	1,02; 1,42	11,57±0,83	11,53; 13,29	44,55±3,16	38,75; 51,12
$\sigma_{12}=\sigma_{21}$	-	-	-	-	13,67±1,33	11,23; 16,49	13,67±1,33	11,23; 16,49
$\rho_{12}=\rho_{21}$	-	-	-	-	0,60±0,03	0,54; 0,66*	0,60±0,03	0,54; 0,66*
$\lambda$	-	-	5,06±0,81	3,73; 6,90*	0,60±0,03	0,54; 0,66*	0,60±0,03	0,54; 0,66*
DIC	965		800		4.777			

<sup>(1)</sup>CA, conversão alimentar; GP, ganho de peso; CR, consumo de ração; DIC, critério de informação deviance utilizado na seleção de modelos. \*Significativo a 5% de probabilidade.

**Tabela 4.** Média±desvio-padrão das estimativas bayesianas por fator e seus aninhamentos, tendo-se assumido erros normais para os modelos univariado, para conversão alimentar, e bivariado, para ganho de peso e consumo de ração, por meio do procedimento de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC)<sup>(1)</sup>.

Modelo	Fator sexo		Aninha- mento	Fator genótipo <sup>(2)</sup>				Aninha- mento	Fator lote <sup>(3)</sup>						
	Macho	Fêmea		Macho	Fêmea	NN	Nn		NN	Nn	1	2	3	4	5
Univariado	2,84a	2,81a	Sexo	2,86a	2,81a	2,83a	2,77a	Genótipo	2,86a	2,73a	3,00a	2,69b	2,72b	2,71b	3,40a
	±0,05	±0,06	NN	±0,06	±0,06	±0,04	±0,12	Macho	±0,06	±0,08	±0,07	±0,06	±0,08	±0,07	±0,30
Bivariado	-	-	Sexo	2,73a	2,81a	-	-	Genótipo	2,81a	2,81a	-	-	-	-	-
	-	-	Nn	±0,08	±0,19	-	-	Fêmea	±0,06	±0,19	-	-	-	-	-
Bivariado	2,73a	2,67a	Sexo	2,73a	2,68a	2,70a	2,66a	Genótipo	2,73a	2,70a	2,88b	2,62c	2,63cd	2,64d	3,01b
	±0,04	±0,03	NN	±0,04	±0,04	±0,03	±0,05	Macho	±0,04	±0,07	±0,05	±0,04	±0,07	±0,05	±0,13
Bivariado	-	-	Sexo	2,70a	2,64b	-	-	Genótipo	2,68a	2,64a	-	-	-	-	-
	-	-	Nn	±0,07	±0,07	-	-	Fêmea	±0,04	±0,07	-	-	-	-	-

<sup>(1)</sup>Médias seguidas de letras iguais, nas linhas, por fator e por seus aninhamentos, não diferem por meio de contrastes bayesianos, a 95% de confiança.

<sup>(2)</sup>NN, sem o alelo mutado do gene halotano; Nn, com o alelo mutado do gene halotano. <sup>(3)</sup>Lote 1, junho-julho; 2, agosto; 3, setembro-outubro; 4, novembro-dezembro; e 5, janeiro-fevereiro.

## Conclusões

1. A distribuição skew-normal é o modelo mais parcimonioso para inferir sobre a resposta direta (univariada) da conversão alimentar em suínos da raça Piau.

2. O procedimento de estimação bayesiana, integração aproximada aninhada de Laplace (INLA), mostra-se uma ferramenta poderosa para análises de modelos de regressão univariados, e possibilita

rapidez e alta precisão para estimar parâmetros, além de permitir comparar modelos com diferentes distribuições de probabilidade para o erro.

3. O modelo bivariado, com uso dos dados de ganho de peso e consumo de ração, possibilita a detecção de diferenças significativas em níveis não detectados pela análise univariada, e é capaz de detectar diferenças entre sexos, quando aninhados por genótipo, além de ser um modelo mais acurado e preciso para inferências nutricionais.

4. A abordagem bayesiana é flexível e eficiente para a avaliação do desempenho nutricional animal, tanto na abordagem univariada quanto na bivariada.

### Agradecimentos

À Fundação Araucária e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pelo apoio financeiro.

### Referências

- AZZALINI, A.; CAPITANIO, A. Statistical applications of the multivariate skew-normal distribution. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B – Statistical Methodology**, v.61, p.579-602, 1999. DOI: 10.1111/1467-9868.00194.
- BAND, G. de O.; GUIMARÃES, S.E.F.; LOPES, P.S.; PEIXOTO, J. de O.; FARIA, D.A.; PIRES, A.V.; FIGUEIREDO, F. de C.; NASCIMENTO, C.S. do; GOMIDE, L.A. de M. Relationship between the Porcine Stress Syndrome gene and carcass and performance traits in F<sub>2</sub> pigs resulting from divergent crosses. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, p.92-96, 2005. DOI: 10.1590/S1415-47572005000100015.
- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; GUIMARÃES, S.E.F.; TORRES, R.A. Seleção de variáveis de desempenho de suínos por meio da análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.805-810, 2005. DOI: 10.1590/S0102-09352005000600016.
- DE LA CRUZ, R.; BRANCO, M.D. Bayesian analysis for nonlinear regression model under skewed errors, with application in growth curves. **Biometrical Journal**, v.51, p.588-609, 2009. DOI: 10.1002/bimj.200800154.
- DETMANN, E.; CECON, P.R.; ANDREOTTI, M. de O.; RESENDE, F.D. de; SOUSA, D. de P.; PONCIANO, N.J.; CAMPOS, J.M. de S.; SOUZA, P.M. de; VITTORI, A. Application of the first canonical variable in the evaluation of animal production trials. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.2417-2426, 2005. DOI: 10.1590/S1516-35982005000700030.
- DETMANN, E.; GIONBELLI, M.P.; VALADARES FILHO, S. de C.; PAULINO, P.V.R. Uso de técnicas de regressão na avaliação, em bovinos de corte, da eficiência de conversão do alimento em produto: proposição de método e significância nutricional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.2827-2834, 2011. DOI: 10.1590/S1516-35982011001200029.
- DETMANN, E.; VALADARES FILHO, S. de C.; GIONBELLI, M.P.; PAULINO, P.V.R.; PAULINO, M.F. Uso de técnicas de regressão na avaliação, em bovinos de corte, da eficiência de conversão do alimento em produto: comparação entre grupos experimentais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, p.138-146, 2012. DOI: 10.1590/S1516-35982012000100021.
- EUCLIDES FILHO, K.; EUCLIDES, V.P.B.; FIGUEIREDO, G.R. de; BARBOSA, R.A. Eficiência bionutricional de animais Nelore e seus mestiços com Simental e Aberdeen Angus, em duas dietas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.77-82, 2001. DOI: 10.1590/S1516-35982001000100013.
- EUCLIDES FILHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. de; EUCLIDES, V.P.B.; SILVA, L.O.C. da; CUSINATO, V.Q. Eficiência bionutricional de animais Nelore e seus mestiços com Caracu, Angus e Simental. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.331-334, 2002. DOI: 10.1590/S1516-35982002000200006.
- FONG, Y.; RUE, H.; WAKEFIELD, J. Bayesian inference for generalized linear mixed models. **Biostatistics**, v.11, p.397-412, 2009. DOI: 10.1093/biostatistics/kxp053.
- GUIDONI, A.L. **Alternativas para comparar tratamentos envolvendo o desempenho nutricional animal**. 1994. 105p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- MACEDO, L.R. **Modelagem hierárquica bayesiana na avaliação de curvas de crescimento de suínos genotipados para o gene halotano**. 2013. 32p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- MARTINO, S.; RUE, H. **Implementing approximate Bayesian inference using integrated nested Laplace approximation: a manual for the inla program**. Trondheim: Norwegian University for Science and Technology, 2010. 86p. Available at: <www.math.ntnu.no/~hrue/GMRFLib/inla-manual.pdf>. Accessed on: 12 Apr. 2014.
- MARTINS, T.G.; SIMPSON, D.; LINDGREN, F.; RUE, H. **Bayesian computing with INLA: new features**. Trondheim: Norwegian University of Science and Technology, 2013. Available at: <http://arxiv.org/abs/1210.0333v2>. Accessed on: 25 Aug. 2014.
- PAULINO, C.D.; TURKMAN, M.A.A.; MURTEIRA, B. **Estatística bayesiana**. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2003. 446p.
- PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F.; GUIMARÃES, C.T.; PEIXOTO, J.O. Mapeamento de locos de características quantitativas associados à composição de carcaça, no cromossomo seis suíno. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária**, v.60, p.725-732, 2008. DOI: 10.1590/S0102-09352008000300030.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2014.
- REGAZZI, A.J. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. **Revista Ceres**, v.50, p.9-26, 2003.
- RUE, H.; MARTINO, S.; CHOPIN, N. Approximate Bayesian inference for latent Gaussian models by using integrated nested Laplace approximations. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B – Statistical Methodology**, v.71, p.319-392, 2009. DOI: 10.1111/j.1467-9868.2008.00700.x.
- SILVA, C.A.; BOROSKY, J.C.; BRIDI, A.M.; ROCHA, M.A.; SILVA, R.A.M.; PACHECO, G.D. Avaliação do desempenho, da produção de fezes e da digestibilidade de nutrientes em suínos de diferentes grupos genéticos.

**Semina:** Ciências Agrárias, v.33, p.3315-3322, 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33Supl2p3315.

SIQUEIRA, J.C. de; SAKOMOURA, N.K.; DORIGAM, J.C. de P.; MENDONÇA, G.G.; COSTA, F.G.P.; FERNANDES, J.B.K.; DOURADO, L.R.B.; NASCIMENTO, D.C.N. do. Níveis de lisina em rações para frangos de corte determinados com base em uma abordagem econômica. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.2178-2185, 2011.

SPIEGELHALTER, D.J.; THOMAS, A.; BEST, N.; LUNN, D. **BUGS – Bayesian inference using Gibbs sampling**. Cambridge: MRC Biostatistics Unit., 1994. 18p.

SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P.; VAN DER LINDE, A. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B – Statistical Methodology**, v.64, p.583-639, 2002. DOI: 10.1111/1467-9868.00353.

---

Recebido em 12 de maio de 2014 e aprovado em 27 de setembro de 2014