



Modelación de las funciones de crecimiento aplicadas a la producción animal[¶]

Revista
Colombiana de
Ciencias
Pecuarias

Modeling of growth functions applied to animal production

Modelação das funções do crescimento aplicadas a lá produção animal

Divier A Agudelo Gómez^{1,2*}, Ind Pecuario; Mario F Cerón Muñoz M³, Zoot, PhD; Luis F Restrepo Betancur², Est, Esp.

¹ Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Corporación Universitaria Lasallista. Caldas Antioquia, Colombia.

² Grupo GRICA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.

³ Grupo de Investigación en Genética y Mejoramiento Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.

(Recibido: 31 mayo, 2006; aceptado: 28 febrero, 2008)

Resumen

El crecimiento animal es uno de los aspectos más importantes al momento de evaluar la productividad en las explotaciones dedicadas a la producción de carne y en algunos casos es usado como criterio de selección, sin embargo, debe tenerse en cuenta que el crecimiento no se debe exclusivamente a factores genéticos sino también, a efectos ambientales. Para medir el crecimiento animal se han usado diferentes modelos matemáticos lineales e no lineales, eligiéndolos por su bondad de ajuste y la facilidad de interpretación biológica de sus parámetros. Recientemente se han usado modelos mixtos en los que sus parámetros están compuestos de efectos fijos y efectos aleatorios, representando los valores esperados y la varianza de los primeros, respectivamente, lo que permite evaluar la variabilidad de las diferentes curvas entre los individuos de una población, así como la covarianza entre los parámetros. Los criterios más usados para elegir la curva que mejor ajusta a los datos son: el coeficiente de determinación, el porcentaje de curvas significativas y atípicas encontradas para cada función; además se pueden aplicar criterios como el criterio de información Akaike y el criterio de información Bayesiano. El objetivo del presente trabajo es indicarle al lector una aplicación de los modelos no lineales y no lineales mixtos en el análisis del crecimiento animal.

Palabras clave: biomodelación en zootecnia, curvas de crecimiento animal, modelo estadístico

[¶] Para citar este artículo: Agudelo Gómez DA, Cerón Muñoz MF, Restrepo Betancur LF. Modelación de funciones de crecimiento aplicadas a la producción animal. Rev Colomb Cienc Pecu 2008; 21:39-58.

[‡] Este artículo fue publicado como revisión en Rev Col Cienc Pec 2007; 21:157-173. No obstante, los autores solicitaron su reevaluación para publicación como artículo original, la cual fue aprobada al revisar las modificaciones hechas al artículo por los autores, en virtud de la calidad de la temática propuesta.

* Autor para el envío de correspondencia y la solicitud de separatas: Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Corporación Universitaria Lasallista. Caldas Antioquia, Colombia. E-mail: diagudelo@lasallista.edu.co

Summary

Animal growth is one of the most important aspect for evaluating animal productivity in beef cattle enterprises and in some cases it is used as a criterion of selection, nevertheless, the fact that animal growth is not exclusively due to genetic factors but also, to environmental effects must be keep in mind. Measurement of animal growth have been performed by lineal and no-lineal mathematical models, choosing they for their fitness of adjustment and the feasibility for biological interpretation of their parameters. Recently the mixed models have been used in which their parameters are composed of fixed and random effects representing the expected values and variance of the fixed ones, respectively, which permits to evaluate the variability of different curves between individuals of a population, as well as the covariance between parameters. The most used criteria for selection of the curve that best fit data are: determination coefficient and the percent of significant and atypical curves found for each function. In addition, other models as the Akaike information criteria and Bayesian information criteria can also be applied. The objective of the present review is to provide the criteria for application of linear and non linear models in analyzing animal growth.

Key words: *animal growth curves, livestock biomodeling curves, statistical models*

Resumo

O crescimento animal é um dos aspectos mais importantes no momento de avaliar a produtividade nos sistemas de produção dedicados á produção de carne. Em alguns dos casos é usado como critério de seleção, mais é necessário ter em conta que depende de fatores ambientais e genéticos. Para medir o crescimento animal tem-se utilizado diferentes modelos matemáticos lineares e não lineares, entre outros, os quais a escolha do melhor modelo é realizada pela qualidade do ajuste e da interpretação biológica de seus parâmetros. Recentemente, tem-se utilizado modelos mistos nos quais os parâmetros estão compostos por efeitos fixos e aleatórios, representando os valores esperados e a variância dos primeiros, respectivamente, o que permite avaliar a variabilidade das diferentes curvas entre os indivíduos de uma população, assim como a covariância entre os parâmetros. Os critérios mais utilizados para escolher a curva que melhor ajuste os dados são: o coeficiente de determinação, a porcentagem de curvas significativas e atípicas encontradas para cada função; além do mais, podem-se aplicar critérios como o critério de informação de Akaike e o critério de informação Bayesiano. O objetivo do presente trabalho foi indicar-lhe ao leitor uma aplicação dos modelos não lineares e não lineares mistos na análise do crescimento animal.

Palavras chave: *biomodelação em zootecnia, curvas do crescimento animal, modelo estatístico*

Introducción

El crecimiento animal puede ser descrito por medio de funciones matemáticas que predicen el desempeño de la evolución del peso vivo, dichas funciones permiten realizar evaluaciones sobre el nivel de producción en las empresas ganaderas, pudiendo clasificar de forma sencilla la productividad de una raza específica para una zona determinada (27). También permiten calcular los valores máximos de los crecimientos medio y corriente, pudiendo determinar las edades de sacrificio que permitan obtener el máximo beneficio económico. Además, proveen información que permite realizar programaciones de alimentación, de capacidad de carga y medir cambios genéticos

de una generación a otra que estén relacionados con el nivel de producción. Las funciones que más se han usado son las propuestas por Gompertz en 1825 (12) Verhulst en 1838 (35) conocida como logística, la de Brody en 1945 (3), la de Von Bertalanffy en 1957 (36), y la de Richards en 1959 (31); además, se ha hecho uso de funciones lineales, y polinómicas entre otras, para tratar de predecir el peso adulto o el grado de madurez sin tener que realizar mediciones repetidas o esperar que el animal alcance su madurez para tomar decisiones relacionadas con la producción (21).

El desconocimiento de las curvas de crecimiento y de parámetros productivos de interés económico, ha limitado la implementación de programas de

mejoramiento zootécnico que permitan aumentar la productividad, como lo son la velocidad de crecimiento, la tasa de madurez a diferentes edades y la edad al sacrificio. Estos factores se pueden analizar con base en la información zootécnica de los animales siendo indispensable para ello contar con registros de producción. Es necesario realizar trabajos que permitan identificar las funciones matemáticas que mejor se ajusten a las condiciones locales, así como conocer los parámetros genéticos para realizar procesos de selección de los mejores animales.

El crecimiento animal inicia en la etapa prenatal con la fecundación del óvulo y termina cuando el organismo alcanza el peso adulto y la conformación propia de la especie (13), se presenta un aumento cuantitativo de la masa corporal que se define como la ganancia de peso por unidad de tiempo (14). El aumento de peso se produce por tres causas: hiperplasia (multiplicación celular); hipertrofia (aumento del tamaño de las células) y metaplasma (transformación de las células). Por lo tanto, el crecimiento animal es una respuesta celular a diferentes factores que pueden ser inherentes al animal o ajenos a éste (13). Si el proceso de crecimiento no tiene ningún factor inhibitor, normalmente el organismo sigue un mecanismo de multiplicación constante de las células, y una vez producida la multiplicación suficiente se produce la hipertrofia. Sin embargo, es posible que aparezcan factores inhibidores que detengan el proceso de hiperplasia y así el crecimiento se anula. Si bien los diferentes sistemas se desarrollan en forma paralela, la velocidad a la que lo hacen es distinta, existiendo un orden estricto para su desarrollo; el primero en terminar el desarrollo es el nervioso, seguido del esqueleto, luego los músculos y por último se realiza la acumulación de tejido adiposo.

La evolución del aumento de peso vivo a lo largo de la vida de un animal es un fenómeno complejo que depende del genotipo del animal, de factores ambientales como la alimentación, el manejo, el estado de salud y efectos climatológicos, que tienen mayor impacto en las épocas iniciales del crecimiento (13); algunos de estos factores

persisten en el tiempo y generan un efecto variable con la edad y el desarrollo del animal; otros por el contrario pueden afectar sólo periodos cortos de tiempo. Los factores genotípicos inciden sobre el desarrollo fetal y se manifiestan desde el nacimiento hasta la adultez; la cría crece en forma lenta durante el primer mes posparto, pero después inicia una fase de un rápido crecimiento hasta alcanzar la pubertad, después de la cual disminuye la velocidad de crecimiento hasta llegar a la estabilización en la edad adulta. Debe tenerse en cuenta al comparar diferentes lotes de animales que las condiciones a las que fueron sometidos sean las mismas, que pertenezcan al mismo grupo genético así mismo se recomienda realizar grupos contemporáneos, las mediciones deben ser tomadas con los mismos intervalos de tiempo, también se recomienda tener lotes testigos; lo anterior está encaminado a la obtención de resultados y análisis más precisos (2, 14).

En la figura 1 se puede observar la evolución del peso del animal en el tiempo, así como la velocidad de crecimiento. Inicialmente la ganancia de peso es mayor que en la edad adulta, observándose una curva de evolución cóncava hacia arriba; a medida que se desarrolla el individuo la velocidad de crecimiento disminuye, y se presenta un cambio en la curvatura, identificando un punto de inflexión que corresponde con el valor máximo de la curva de crecimiento corriente. A partir de ese momento, el crecimiento es más lento haciendo que la curva de ganancia de peso disminuya paulatinamente y la curva de la evolución aumenta cada vez más despacio. Esta tendencia continúa hasta que cesa el crecimiento y se estabiliza el peso del individuo, hecho que corresponde matemáticamente con la asíntota horizontal (16). La edad es uno de los factores más decisivos en el peso vivo de los animales, pues experimenta cambios progresivos desde el nacimiento hasta la adultez. La alimentación es el principal factor exógeno a considerar en el conjunto de particularidades ambientales gravitantes sobre el crecimiento. Para obtener efectos positivos, es necesario garantizar un suministro constante de alimento en la cantidad adecuada y de un valor nutricional que cumpla con las exigencias metabólicas de los animales (16).

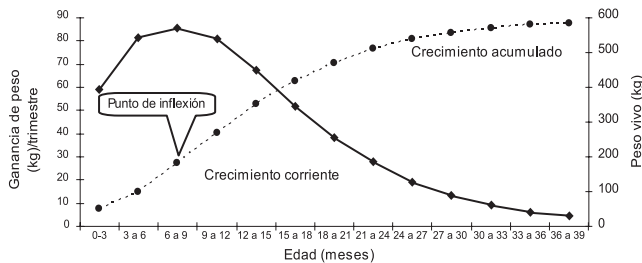


Figura 1. Características fundamentales de la curva de crecimiento y ganancia de peso en ganado vacuno (Adaptado de: 14, 15).

El crecimiento a lo largo de la vida de los animales se ha estudiado teniendo en cuenta la relación edad-peso, en los últimos años los estudios han hecho uso de los modelos no lineales, generándose diferentes modelos de crecimiento (1). Los modelos han sido evaluados según su bondad de ajuste, la interpretación biológica de los parámetros, la dificultad de aplicación informática y la evaluación de los parámetros ambientales sobre la curva de crecimiento (4). Un modelo apropiado de crecimiento debe suministrar información sobre parámetros que pueden ser interpretados biológicamente; además, si se hace un buen uso del modelo se pueden obtener características que son de importancia en el crecimiento animal (18, 26, 29). Las funciones no lineales han sido usadas para describir el crecimiento en peces, aves, y mamíferos (16, 29). A pesar que la mayoría de funciones de crecimiento usadas explican las curvas de crecimiento no logran realizar una explicación clara sobre las tasas medias de crecimiento en la curva, pues en la muchos casos el comportamiento del crecimiento varía de acuerdo a la etapa fisiológica en que se encuentre el animal viéndose afectada entre otros aspectos la ganancia diaria de peso, se hace necesario obtener funciones que se ajusten a todos los datos observados (18, 25).

Las funciones que normalmente se usan para evaluar el crecimiento son elegidas en forma empírica y su elección se hace con base a la habilidad de la función de ajustarse a los datos, y en ocasiones los parámetros obtenidos en dichas funciones no tienen una interpretación biológica. Sin embargo, las funciones de crecimiento pueden ser caracterizadas mediante el conocimiento de algunos delineamientos fisiológicos o mecanismos biológicos según lo propuesto por Von Bertalanffy, permitiendo que los parámetros obtenidos puedan

ser analizados desde el punto de vista productivo. (18, 23, 24). Las curvas de crecimiento permiten evaluar parámetros biológicamente importantes: como es el tamaño del animal, evaluado como el peso al alcanzar la madurez sexual; otro es la relación entre la tasa de crecimiento con respecto a la tasa de maduración sexual. Estos parámetros sólo pueden ser evaluados una vez se haya completado el crecimiento. La estimación temprana de los factores puede servir para proponer programas de selección y mejoramiento pues son asociadas a otras características de importancia económica (11, 15, 23).

Las funciones o ecuaciones de crecimiento describen las variaciones que experimenten el tamaño de un organismo o una población con la edad. El crecimiento biológico es el resultado de un gran número de procesos complejos, puede ser descrito exponiendo la evolución del peso, sin que sea necesario realizar ajustes a las medidas tomadas. Un segundo paso es ajustar un polinomio a los datos, bien sea una ecuación cúbica o de potencias superiores; sin embargo, lo anterior no es aconsejable por tres razones: la primera, porque no siempre los coeficientes no siempre tienen una interpretación biológica; la segunda, porque el comportamiento de la ecuación puede ser ilógico al quedar fuera de la nube de puntos. Por ejemplo, la predicción del peso adulto podría disminuir con el tiempo, lo anterior no ocurre con las ecuaciones de las curvas de crecimiento. La tercera razón, es que el ajuste del polinomio es arbitrario; se supone que se va aumentando el grado del polinomio hasta que el ajuste sea satisfactorio, de hecho el polinomio de grado n^{-1} , que describe la línea que une todos los puntos, tiene el ajuste más satisfactorio, aunque sea de poca utilidad para futuras aplicaciones (2, 22).

Otros limitantes que presentan los polinomios ordinarios son los siguientes: exhiben multicolinealidad, desuniformidad a lo largo de la curva, dependencia del comportamiento de la función en las áreas de mayor concentración de los puntos, además, los polinomios de grados elevados son de difícil interpretación biológica (22).

Son múltiples las funciones que han sido usadas para representar los cambios en las medidas de los

pesos con respecto a la edad, las funciones más usadas son:

$$\Psi = \beta_0 \varepsilon^{-\beta_1 \varepsilon - \beta_2 \tau} \quad \text{Gompertz (12)}$$

$$\Psi = \beta_0 (1 - \varepsilon^{-\beta_1 t})^{-1} \quad \text{Logística (35)}$$

$$\Psi = \beta_0 (1 - \beta_1 \varepsilon^{-\beta_2 t})^3 \quad \text{Von Bertalanffy (36)}$$

$$\Psi = \beta_0 (1 - \beta_1 \varepsilon^{-\beta_2 t}) \quad \text{Brody (3)}$$

$$\Psi = \beta_0 (1 - \beta_1 \varepsilon^{-\beta_2 t})^\mu \quad \text{Richards (31)}$$

Donde: “Y” representa el peso; “β₀” es el peso asintótico cuando “t” tiende a infinito, generalmente es interpretado como porcentaje de madurez con respecto al peso adulto; “β₁” es un parámetro de ajuste cuando “Y ≠ 0” o “t ≠ 0”; “β₂” es un índice de madurez expresado como una proporción de porcentaje del máximo crecimiento con respecto al peso adulto del animal, y el parámetro “m” en la función de Richards se refiere al punto de inflexión (31).

Los modelos mixtos incorporan tanto los parámetros fijos que son asociados a la población y los parámetros aleatorios, que están relacionados con los datos de las unidades experimentales (29). Estos modelos se han empleado para describir las relaciones entre las variables respuesta y algunas covariables que son agrupadas de acuerdo con la estructura de los datos. El número de parámetros aleatorios que se puede analizar en cada modelo puede ser solamente uno o tantos como parámetros fijos tenga el modelo, ya que a cada uno de estos se le puede asociar un efecto aleatorio.

A modo de ejemplo se presenta el modelo de Gompertz: $Y_t = \beta_0 e^{-\beta_1 e^{-\beta_2 t}} + \varepsilon$, este mismo modelo con tres efectos aleatorios asociados a cada parámetro fijo, queda convertido en un modelo mixto que se expresa de la siguiente forma:

$$Y_{ij} = (\beta_0 + b_{0i}) e^{-(\beta_1 + b_{1i}) e^{-(\beta_2 + b_{2i}) t_{ij}}} + \varepsilon_{ij}$$

Donde β₀, β₁ y β₂ son coeficientes de la función (efectos fijos) que definen los valores esperados de las observaciones y b_{0i}, b_{1i} y b_{2i} son los efectos aleatorios que definen la varianza y la covarianza de las observaciones para cada efecto fijo del i-ésimo

animal, y ε_{ij} representa el residuo asociado i-ésimo animal en el j-ésimo tiempo.

Tanto el residuo como los efectos aleatorios se asumen como independientes, con distribución normal, media cero y varianza constante.

$$\varepsilon \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2) \text{ y } \begin{bmatrix} b_0 \\ b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} \sim N \left[\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{b_{0i}}^2 & & \\ \sigma_{b_{0i}} \sigma_{b_{1i}} & \sigma_{b_{1i}}^2 & \\ \sigma_{b_{0i}} \sigma_{b_{2i}} & \sigma_{b_{1i}} \sigma_{b_{2i}} & \sigma_{b_{2i}}^2 \end{bmatrix} \right]$$

Además, la incorporación de efectos aleatorios en los modelos permite contemplar la variabilidad de las diferentes curvas entre los individuos de una misma población (6, 9).

Cuando se trata de la estimación de modelos resulta de utilidad el concepto de modelo saturado. Un modelo se denomina saturado cuando utiliza tantos parámetros como observaciones se hayan efectuado y por tanto se ajusta perfectamente a los datos, pudiendo comparar el modelo actualmente estimado con el modelo teórico perfecto o modelo saturado mediante la expresión:

$D = -2 \ln \left(\frac{\log \text{lik mod actual}}{\log \text{lik mod saturado}} \right)$, o se pueden comparar modelos cuando en uno de ellos se incluye una variable adicional:

$D = -2 \ln \left(\frac{\log \text{lik mod 1}}{\log \text{lik mod 2}} \right)$, si en el modelo 2 se adiciona una variable más que en el modelo 1, y si el contraste resulta ser no significativo, se asume que la incorporación de la variable en el modelo 2 no mejora sensiblemente la verosimilitud del modelo y por tanto no merece ser tenida en cuenta (20).

Parámetros para evaluar el crecimiento

Los parámetros que pueden ser empleados para evaluar o describir el crecimiento se describen a continuación:

1. $y=y(t)$. Donde “y” es el peso o variable dependiente y “t” es el tiempo o variable independiente. Esta ecuación es la representación de una o más medidas en el tiempo.
2. dy / dt . La velocidad del crecimiento tiene gran importancia económica, ya que podría ser usada para fijar el momento de sacrificio y poder realizar

el aprovechamiento del animal cuando haya alcanzado la máxima velocidad de crecimiento. Después de éste momento la ganancia de peso es más lenta, sin embargo, por razones comerciales el sacrificio debe hacerse en otros momentos buscando características especiales en la canal. La información que suministra se limita a la tasa de crecimiento de un momento dado (17).

3. El punto de inflexión es otro parámetro usado para evaluar el crecimiento, se localiza en los sitios en que se presentan cambios de incremento o decrecimiento del peso con respecto a la edad. La máxima velocidad de crecimiento coincide con uno de los puntos de inflexión que se pueden hallar en las curvas de crecimiento (16, 17).

4. $d^2 y / dt^2$. La aceleración del crecimiento que indica la tasa absoluta de la ganancia de peso con respecto al tiempo. Cuando el resultado de esta ecuación es cero se dice que allí se localiza el punto de inflexión (18).

5. $(1/y)(dy/dt)$. La tasa relativa de crecimiento, también llamada tasa específica de crecimiento o velocidad relativa de crecimiento, corrige los efectos de escala debidos al formato del animal. Es útil para comparar líneas o especies. Proporciona datos que no dependen de la dimensión. Indica la variación del crecimiento cuando éste se expresa en coordenadas logarítmicas. Decece con la edad.

6. $A = \lim_{t \rightarrow \infty} m(t)$ Donde "A" es el peso adulto cuando el tiempo "t" tiende a infinito. El peso adulto es un parámetro un poco más difícil de definir, no sólo porque se alcanza a una edad tardía desde el punto de vista comercial, sino también por depender de la cantidad de tejido graso, que es muy variable a lo largo del estado adulto del animal. En la práctica es complicado estimar el peso adulto ya que las hembras varían de peso según el tamaño, el número de partos, y porque la aproximación asintótica al peso adulto final es muy lenta, por lo que no es frecuente encontrar animales en las explotaciones que lo hayan alcanzado. En la práctica el "peso casi-adulto" es suficiente para la mayor parte de usos de este parámetro (2).

7. $v_t = y_t / A$. Otro parámetro que se tiene en cuenta en las explotaciones pecuarias es la tasa de madurez sexual propuesto por Taylor en 1971 (34) con respecto al peso adulto (1, 17).

8. $v = A^{-1} dy/dt$. Donde "v" es el grado de madurez. Esta ecuación hace referencia al grado de madurez absoluta.

9. El momento óptimo de sacrificio se ha intentado definir, procurando que se produzca antes de que la velocidad de crecimiento descienda demasiado, existiendo intentos de situarlo cerca del punto de inflexión (donde se logra la máxima velocidad de crecimiento). Sin embargo, el momento de sacrificio está determinado por el mercado y no es fácil modificarlo (2).

Una vez que se ha determinado el o los modelos que mejor ajustan se debe analizar los parámetros de crecimiento antes descritos, para determinar el desempeño productivo de los animales, poder realizar ajustes de producción, de alimentación y de programación general del hato, pues se puede calcular la edad a la que alcanzan el punto de inflexión o la edad a la que alcanzan la mayor velocidad de crecimiento, la edad a la que alcanzan el peso adulto y el grado de madurez en los diferentes momentos de la vida del animal.

El objetivo de este trabajo fue someter a prueba la programación teórica para la aplicación de la modelación a las funciones de crecimiento animal y proporcionar una matriz de procedimiento para la simulación aplicadas a diferentes aspectos de la investigación animal. Por consiguiente, se presentan varios procedimientos para analizar una base de datos que contiene información sobre crecimiento animal, cuyo objetivo es estimar los parámetros y comparar los resultados obtenidos en las diferentes metodologías empleadas. Los datos son procesados con el programa estadístico (32).

Materiales y métodos

Tipo de estudio

El estudio de tipo teórico experimental, consistió de la elaboración de procedimientos para el análisis de medidas repetidas en el estudio del crecimiento animal.

Modelación de los datos

Aplicación del modelo fijo. Por medio del modelo de Brody, $Y = \beta_0 (1 - \beta_1 e^{-\beta_2 t})$ se analizó la información simulada de 500 animales, en donde se tomó como referencia los valores de los parámetros encontrados por Fonseca y Aquino (8), en ganado Nelore (hembras y machos). Los valores de los parámetros encontrados por los autores se pueden observar en la tabla 1.

Tabla 1. Parámetros de ajuste con el modelo de Brody en ganado nelore (machos y hembras).

Parámetro	Hembras y machos nelore (grupo1)
β_0 (peso adulto)	370 ± 41
β_1 (parámetro de ajuste)	0.9205 ± 0.0116
β_2 (parámetro de precocidad)	0.00020 ± 0.0003

Fuente: adaptado de (7).

Para desarrollar la modelación se simuló una base de datos que contenía información sobre el peso de los animales. En la programación β_0 se definió como *sem0*, β_1 como *sem1* y β_2 como *sem2*; además, se tuvo en cuenta un tiempo (*t*) total de 2160 días con intervalos de 90 días entre pesajes y *Y* se consideró como la variable respuesta expresada en kg. Luego se procedió a efectuar la programación para la generación de los dato simulados con el procedimiento IML del paquete estadístico SAS para crear la base de datos con la información del los animales que fue llamada grupo1 (véase Tabla 2).

Tabla 2. Programación para crear la base de datos de los animales del grupo 1.

```
data grupo1;
do animal=1 to 500;
  sem0= (rannor(6)*41)+370;
  sem1= (rannor(4)*0.0116)+0.9205;
  sem2= (rannor(5)*0.0003)+0.0020;
  do t=0 to 2160 by 90;
    y= sem0*(1-sem1*exp(-sem2*t));
    output;
  end;
end;
```

Con el comando *rannor* se generaron los valores aleatorios para *sem0*, *sem1* y *sem2*, con media cero y varianza uno, los cuales se multiplicaron por el valor del desvío y se sumaron a la media del

parámetro. El valor entre paréntesis después del comando *rannor*, indica el valor de la semilla de arranque Ej: *rannor (5)* (véase Tabla 2).

Para observar la base de datos con la información de los animales se ejecutó la siguiente programación:

```
proc print data=grupo1;
run;
```

Para realizar la caracterización de la población y las curvas de crecimiento para cada individuo para obtener los valores medios, la desviación estándar y los valores mínimos y máximos de la variable respuesta en un momento determinado, además para observar la figura de crecimiento de los individuos, se realizó la programación indicada en la tabla 3. Inicialmente los parámetros de la función se estimaron por mínimos cuadrados, procedimiento realizado con el comando *proc nlin* que es usado en regresiones no lineales, el procedimiento primero requiere los valores iniciales o de arranque, para luego evaluar los residuos y la suma de cuadrados para cada combinación de los valores y así determinar los mejores valores para realizar la interacción algorítmica. Para realizar lo anterior existen cuatro métodos: Gauss-Newton, Marquardt, método del gradiente o steepest y secante multivariada o posición falsa. Si en la programación no se especifica una de las anteriores metodologías el programa por defecto aplica Gauss-Newton.

Tabla 3. Programación para realizar la caracterización de la población.

```
proc sort;
proc means ;
var y;
by t;
proc plot; plot y*t;
run;
```

En la programación se incluyó un rango en el que se puede ubicar el parámetro, en este caso fue: *beta0 = 220 to 550* para el peso adulto, *beta1 = 0.7 to 0.98* para el factor de ajuste y *beta2 = 0.001 to 0.0019* para el índice de precocidad. Lo anterior se realizó aplicando el comando *parms*. Además, se indicó el modelo de la regresión que se utilizó, en este caso es el modelo de Bordy, con el comando *model* (véase Tabla 4).

Tabla 4. modelo de la regresión utilizado (modelo de Bordy)

```
proc nlin data=grupo1 noitprint;
parms
  beta0= 220 to 550
  beta1=0.7 to 0.98
  beta2=0.001 to 0.0019;
model y=beta0*(1-beta1*exp(-beta2*t));
run;
```

El anterior procedimiento realiza el análisis a la población en general, sin embargo, no se tiene en cuenta la relación existente dentro de cada individuo, para ello se aplica el comando *by* que permite realizar la análisis por individuo, donde se obtendrán las estimativas de los parámetros por individuo. Con el procedimiento *means* se obtuvieron las medias y la varianzas para cada parámetro en todos los individuos. La programación se presenta en la tabla 5.

Tabla 5. Procedimiento para la obtención de las medias y las varianzas

```
proc sort data=grupo1; by animal;
proc nlin data=grupo1 noitprint noprint;
parms
  beta0= 220 to 550
  beta1=0.7 to 0.98
  beta2=0.001 to 0.0019;
model y=beta0*(1-beta1*exp(-beta2*t));
by animal;
output out= brody parms= beta0 beta1 beta2 p=y r=resid;
data brody ; set brody;
if time>0 then delete;
proc means n var mean ; var beta0 beta1 beta2 sem0
sem1 sem2 resid;
run;
```

Para revisar si los parámetros estaban o no correlacionados, dado que en la simulación de los datos se parte de la base que estos presentan una baja o nula correlación, se realizó un análisis numérico con el comando *proc corr*, y un análisis gráfico con el comando *proc plot*. La programación que permite hacer lo anterior se muestra en la tabla 6.

Tabla 6. Procedimiento para revisar la correlación entre los parámetros

```
proc corr data= brody cov; var beta0 beta1 beta2;
proc plot data= brody;
plot beta0*beta1="." beta0*beta2="." beta1*beta2=".";
run;
```

Aplicación del modelo mixto. Para realizar el análisis de la misma base de datos aplicando el modelo mixto, se incluyó un sólo parámetro β_0 , el componente aleatorio b_0 con $N(0, \sigma_{b_0}^2)$. El modelo aplicado fue el siguiente:

$$Y_{ij} = \beta_0 + b_{i0}(1 - \beta_1 e^{-\beta_2 t_{ij}}) + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

Y_i = la j -ésima medida ($j=1, \dots, 25$) del i -ésimo individuo ($i=1, \dots, 500$)

β_1 = un parámetro de ajuste

β_2 = un parámetro relacionado a la precocidad o índice de madurez del animal

t_{ij} = el tiempo medido en días (tomado desde el nacimiento $t_{ij}=0$ hasta $t_{ij}=2160$, con mediciones cada 90 días)

ε_{ij} es el error residual con $N(0, \sigma_{\varepsilon}^2)$ y considerado independiente de b_0 .

Los efectos fijos del modelo fueron: β_0 , β_1 y β_2 .

Para la estimación de los parámetros del modelo bajo la metodología de modelos mixtos se utilizó el procedimiento *nlmixed*. La programación con un efecto aleatorio se presenta en la tabla 7.

Tabla 7. Programación para la aplicación de la metodología de modelos mixtos.

```
proc sort data=grupo1; by animal;
proc nlmixed data=grupo1 gconv=0.0000000000001;
parms beta0= 370 beta1=0.9205 beta2=0.0020 s0=41 sigma=0.2;
bounds s0> 0, sigma> 0, beta0 >280, beta0 <400, beta1>0;
model y~normal ((beta0+b0)*(1-((beta1)*exp(-(beta2)*t))), sigma**2);
random b0 ~ normal (0, s0**2) subject=animal;
run;
```

El comando *data* permitió llamar la base de que se ha simulado con la información de los animales del grupo1; *gconv* se empleó para especificar el criterio que hace referencia al gradiente de convergencia; *parms* identifica los parámetros que se desean calcular e igualmente permite adjudicarle los valores iniciales o de arranque ($\beta_0=370$ $\beta_1=0.9205$ $\beta_2=0.0020$ $s_0=41$ y $\sigma=0.2$); y *bounds* se empleó para condicionar a los parámetros a que estén dentro de un rango de valores determinado o como en el caso de la varianza del error s_0 y su desvío σ , a que sean positivos.

El modelo que se desea analizar se indicó después del comando *model*, y la orden *random* permitió definir el efecto aleatorio, que en este caso fue b_0 asociado al peso adulto; además, se especificó que este tenía una distribución normal, con media 0 y varianza $s0^{**2}$, *subject=animal*, lo que permite asegurar que se genere un efecto aleatorio asociado a cada medición de los animales.

El mismo modelo de Brody con dos parámetros aleatorios b_0 y b_2 asociados el primero al peso adulto β_0 , y el otro al índice de precocidad β_2 , dio lugar al modelo mixto:

$Y = \beta_0 + b_0(1 - (\beta_1)e^{-(\beta_2 + b_2)t}) + \varepsilon_{ij}$ al igual que en el caso anterior debe aplicarse el procedimiento *nlmixed*, indicar el valor de los parámetros *beta0*, *beta1* y *beta2*, así como el de “*s0*” y “*s2*” que representan las varianzas de β_0 y de β_2 respectivamente y “*sigma*” que es el desvío del error, aclarando en la programación que “*s0*”, “*s2*” y “*sigma*” deben ser positivos y que b_0 y b_2 tienen una distribución normal, con media cero y varianzas $s0^{**2}$ y $s2^{**2}$, respectivamente, y covarianza cero. Se eligió trabajar con éstos dos parámetros aleatorios por que son los que presentan mayor facilidad de interpretación biológica aplicados al crecimiento animal. La programación se presenta en la tabla 8. Al igual que en la programación del modelo mixto con un parámetro aleatorio, el programa genera la información general que hace referencia a las dimensiones, especificaciones del modelo, el valor de los parámetros de arranque y el histórico de las iteraciones realizadas antes de hacer convergencia.

Tabla 8. Programación para el modelo mixto

```
proc nlmixed data=grupo1 gconv=0.000000000001 method=firo
itdetails;
parms beta0= 400 beta1=0.917 beta2=0.0019 s0=25 s2=0.0006
sigma=0.2;
bounds s0>0, s2>0, sigma>0, beta0>280, beta0<460, beta1>0,
beta2<1;
model y~normal ((beta0+b0)*(1-((beta1)*exp(-(beta2+b2)*t))),
sigma**2);
random b0 b2 ~ normal ([0,0], [s0**2,0,s2**2]) subject=animal;
run;
```

La siguiente programación se realizó para incluir la relación existente entre los dos parámetros (cov02=0.000009) que es el valor inicial de la covarianza entre los dos parámetros (véase Tabla 9).

Tabla 9. Modelación para la inclusión de la relación existente entre los parámetros

```
proc nlmixed data=grupo1 gconv=0.000000000001 method=firo
itdetails;
parms beta0=400 beta1=0.917 beta2=0.0019 s0=25 s2=0.0006
sigma=0.2 cov02=0.000009; bounds s0>0, s2>0, sigma>0 ,
beta0>280, beta0<460, beta1>0, beta2<1 ;
model y~normal ((beta0+b0)*(1-((beta1)*exp(-(beta2+b2)*t))),
sigma**2);
random b0 b2 ~ normal ([0,0], [s0**2,cov02,s2**2])
subject=animal ;
run;
```

Resultados

En la figura 2 se presenta la salida en la que se identifica la siguiente información: *Obs* (es el número de cada pesaje, 1,2,3,.....,12500), *animal* (número de cada individuo, 1,2,3,.....,500), *sem0*, *sem1*, *sem2* (son los valores aleatorios que se generan para cada parámetro), *t* (es la edad o el tiempo al que se realiza el pesaje a cada animal, 0,90,180,.....,2160), *Y* es el peso en kg. que se ha observado en cada observación para cada animal a un tiempo determinado, aplicando la curva de Brody.

Obs	animal	sem0	sem1	sem2	t	y
1	1	406.956	0.90575	.002135627	0	38.355
2	1	406.956	0.90575	.002135627	90	102.810
3	1	406.956	0.90575	.002135627	180	155.994
4	1	406.956	0.90575	.002135627	270	199.878
5	1	406.956	0.90575	.002135627	360	236.089
6	1	406.956	0.90575	.002135627	450	265.967
.
12496	500	330.212	0.92946	.001458658	1800	307.992
12497	500	330.212	0.92946	.001458658	1890	310.726
12498	500	330.212	0.92946	.001458658	1980	313.123
12499	500	330.212	0.92946	.001458658	2070	315.226
12500	500	330.212	0.92946	.001458658	2160	317.070

Figura 2. Salida con la información general de la base de datos creada.

El resultado de la caracterización de la población y las curvas de crecimiento para cada individuo se presenta en la figura 3.

t=0				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	29.3014323	5.3218073	15.1539064	47.1583324
t=90				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	85.5791257	12.6359427	50.1406519	125.2736813
t=180				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	132.4408148	19.6128971	79.4173576	192.8861773
-				
-				
-				
t=1980				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	363.8402244	40.3256057	244.3661611	474.2921881
t=2070				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	365.0061931	40.3771155	244.9017785	475.0709685
t=2160				
The MEANS Procedure				
Analysis Variable : Y				
N	Mean	Std Dev	Minimum	Maximum
500	365.9910901	40.4218346	245.3419438	475.7006200

Figura 3. Información de los valores medios, de la variable respuesta Y (peso) en cada momento de medición.

En la figura 4, se puede observar el aumento de peso de los animales e identificar claramente que con el aumento de la edad aumenta la

variación de los pesos, así como la tendencia de los animales a alcanzar la asíntota (cuando llegan al peso adulto).

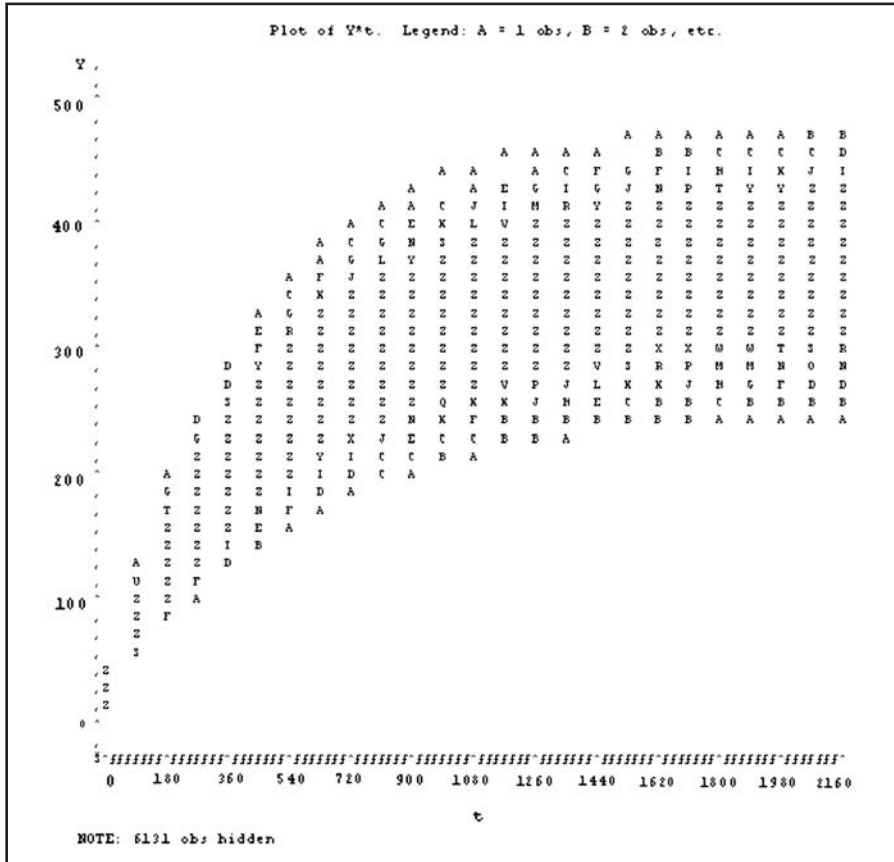


Figura 4. Crecimiento de la población simulada.

La salida de la modelación de la regresión se presenta en la figuras 5, 6, 7 y 8.

```

The NLIN Procedure
NOTE: Convergence criterion met.

Estimation Summary
Method Gauss-Newton
Iterations 5
Subiterations 1
Average Subiterations 0.2
R 1.484E-8
PPC 3.93E-9
RPC(beta0) 1.905E-6
Object 1.92E-10
Objective 15879132
Observations Read 12500
Observations Used 12500
Observations Missing 0
    
```

Figura 5. Información general del análisis realizado.

Source	DF	Sum of Squares	Mean Square	F Value	Approx Pr > F
Regression	3	1.1451E9	3.817E8	300400	<.0001
Residual	12497	15879132	1270.6		
Uncorrected Total	12500	1.161E9			
Corrected Total	12499	1.241E8			

Figura 6. Análisis de regresión no lineal.

Parameter	Estimate	Approx Std Error	Approximate 95% Confidence Limits	
beta0	370.2	0.7045	368.9	371.6
beta1	0.9195	0.00321	0.9132	0.9258
beta2	0.00199	0.000017	0.00195	0.00202

Figura 7. Valor estimado de los parámetros estimados bajo la metodología *nlin*.

Approximate Correlation Matrix			
	beta0	beta1	beta2
beta0	1.0000000	-0.2833342	-0.7970215
beta1	-0.2833342	1.0000000	0.5982541
beta2	-0.7970215	0.5982541	1.0000000

Figura 8. Matriz de correlación entre los parámetros.

La salida de la programación indicada en la tabla 5 se presenta en la figura 9.

The MEANS Procedure			
Variable	N	Variance	Mean
BETA0	12500	1653.02	371.5008915
BETA1	12500	0.000131615	0.9211233
BETA2	12500	8.3966341E-8	0.0019995
Sem0	12500	1653.02	371.5008915
Sem1	12500	0.000131615	0.9211233
Sem2	12500	8.3966341E-8	0.0019995
RESID	12500	1.180322E-15	4.7457953E-9

Figura 9. Valor calculado para los parámetros Vs valores de arranque.

Las salidas para evaluar si los parámetros están o no correlacionados se presentan en las figuras 10, 11 y 12.

The CORR Procedure

3 Variables: BETA0 BETA1 BETA2
Covariance Matrix, DF = 12499

	BETA0	BETA1	BETA2
BETA0	1653.023939	0.001328	0.000232
BETA1	0.001328	0.000132	0.000000
BETA2	0.000232	0.000000	0.000000

Figura 10. Matriz de covarianza entre parámetros.

Pearson Correlation Coefficients, N = 12500
Prob > |r| under H0: Rho=0

	BETA0	BETA1	BETA2
BETA0	1.00000	0.00285	0.01967
BETA1	0.00285	1.00000	0.00349
BETA2	0.01967	0.00349	1.00000

Figura 11. Coeficientes de correlación entre parámetros.

En la figura 12 se puede observar que no existe ningún tipo de correlación entre los parámetros.

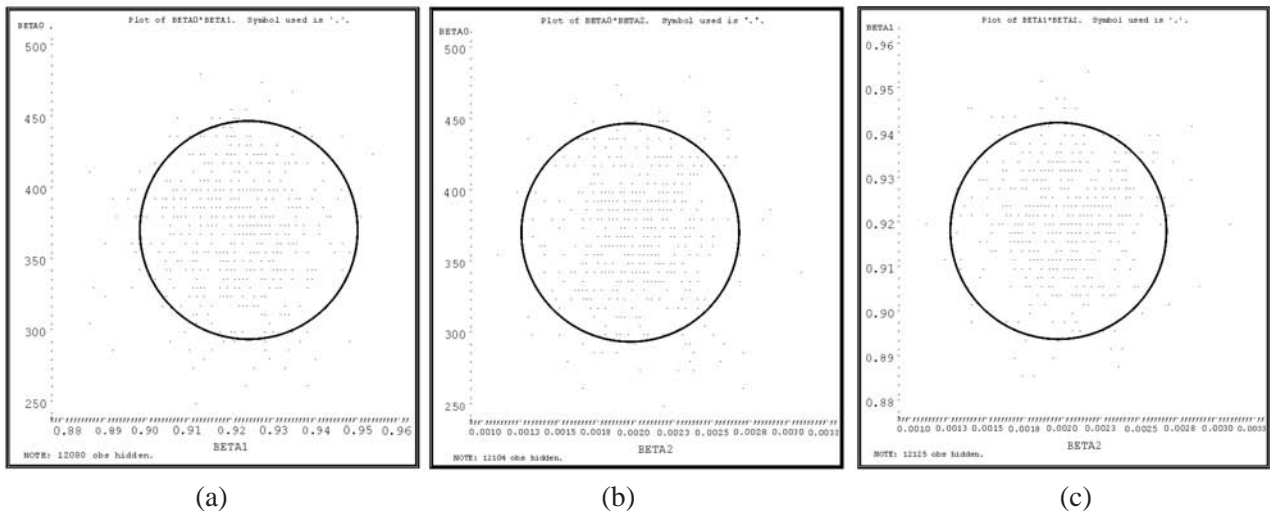


Figura 12. Correlación entre los parámetros beta0 y beta1 (a), beta0 y beta2 (b) y beta1 y beta2 (c).

Los anteriores procedimientos se realizaron con todos los parámetros fijos.

En la figura 13 se observa la lista del modelo mixto que han sido especificadas, incluye la base de datos, la variable dependiente, el efecto aleatorio, las distribuciones como las técnicas de optimización;

estas últimas no es necesario programarlas, además, se puede observar las dimensiones de la base de datos: cantidad total y por individuo de observaciones realizadas y cuanta de esta no ha sido usada. Esta salida sirve para chequear que los datos especificados y que el modelo está corriendo apropiadamente.

The NLMIXED Procedure	
Specifications	
Data Set	WORK.GRUP01
Dependent Variable	Y
Distribution for Dependent Variable	Normal
Random Effects	b0
Distribution for Random Effects	Normal
Subject Variable	animal
Optimization Technique	Dual Quasi-Newton
Integration Method	Adaptive Gaussian Quadrature
Dimensions	
Observations Used	12500
Observations Not Used	0
Total Observations	12500
Subjects	500
Max Obs Per Subject	25
Parameters	5
Quadrature Points	1

Figura 13. Información general sobre la base de datos.

En la figura 14 se observa la lista de parámetros con los respectivos valores de arranque, así como el *Negloglike* que evaluó el modelo. Además, se puede observar el número de iteraciones que debió realizar el sistema para encontrar la convergencia de los parámetros y el listado de criterios que sirven para evaluar el modelo o compararlo con otros (véase Figura 15). Estos valores luego fueron tenidos en cuenta para ser comparados con los valores obtenidos cuando la base de datos sea procesada con dos parámetros aleatorios. Igualmente, se observan los valores estimados para cada uno de los parámetros y de

sus respectivos errores estándar, además se ven los grados de libertad que es igual al número de individuos menos el número de parámetros aleatorios, en la última columna (véase Figura 14) se puede observar el gradiente de optimización, indicando una cifra lo suficientemente pequeña que puede ser interpretada como un punto inmóvil para cada parámetro (véase Figura 16). Al comparar la información obtenida con la información de la figura 7, se puede ver que se obtiene más información (*lower; upper*), que puede ser utilizada para realizar un mejor análisis sobre la base de datos, además se obtienen los valores de los parámetros (*s0* y *sigma*).

Parameters					
beta0	beta1	beta2	s0	sigma	NegLogLike
370	0.9205	0.002	41	0.2	7205356.15

Iteration History					
Iter	Calls	NegLogLike	Diff	MaxGrad	Slope
1	9	7205239.58	116.5678	1.6746E8	-6.16E13
2	15	391793.608	6813446	37092750	-3.35E14
3	27	324056.934	67736.67	51830189	-1.98E11
4	28	315979.705	8077.229	50459786	-11741.
.
.
31	70	43553.5003	0.013986	4011.956	-0.02296
32	72	43553.4996	0.000653	291.305	-0.00107
33	74	43553.4996	9.838E-7	45.22644	-1.74E-6
34	76	43553.4996	1.868E-8	0.222911	-3.22E-8
35	78	43553.4996	4.37E-11	0.311953	-964E-14

NOTE: GCONV convergence criterion satisfied.

Figura 14. Salida con el valor de arranque de los parámetros e historial de las iteraciones para hacer convergencia.

Fit Statistics	
-2 Log Likelihood	87107
AIC (smaller is better)	87117
AICC (smaller is better)	87117
BIC (smaller is better)	87138

Figura 15. Valores para evaluar el modelo, logaritmo de máxima verosimilitud y AIC y BIC, bajo la metodología de modelos no lineales mixtos con un parámetro aleatorio.

En la figura 17 se identifican los métodos de evaluación del modelo, pudiendo ver que el valor del *BIC* es mucho menor que el valor calculado

en el modelo de un sólo parámetro aleatorio véase figura 15, lo que indica que el modelo mixto con dos parámetros aleatorios es un mejor modelo.

Parameter Estimates									
Parameter	Estimate	Standard Error	DF	t Value	Pr > t	Alpha	Lower	Upper	Gradient
beta0	369.83	1.9153	499	193.09	<.0001	0.05	366.07	373.59	-4.29E-7
beta1	0.9195	0.000623	499	1475.93	<.0001	0.05	0.9183	0.9207	-0.00208
beta2	0.001997	3.321E-6	499	601.29	<.0001	0.05	0.001990	0.002003	0.311953
s0	42.7199	1.3531	499	31.57	<.0001	0.05	40.0614	45.3784	3.115E-6
sigma	6.9324	0.04475	499	154.92	<.0001	0.05	6.8445	7.0204	0.00002

Figura 16. Valores estimados de los parámetros bajo la metodología de modelos mixtos no lineales con un parámetro aleatorio.

Fit Statistics	
-2 Log Likelihood	50734
AIC (smaller is better)	50746
AICC (smaller is better)	50746
BIC (smaller is better)	50772

Figura 17. Valores para evaluar el modelo, logaritmo de máxima verosimilitud y AIC y BIC, bajo la metodología de modelos mixtos no lineales con dos parámetros aleatorios.

En la figura 18, se ve claramente que los valores estimados de los parámetros son similares a los valores que se simularon en la base de datos grupo1, lo que indica que se está realizando un buen ajuste y otorga además, los valores calculados para los parámetros “beta0,

beta1 y beta2”; 370.24, 0.9195 y 0.002001, respectivamente y las varianzas “s0” = 40.6916 y “s2” = 0.000287 asociadas al primer y tercer parámetro. Por su parte, en la figura 19 se puede ver que la covarianza entre los dos parámetros fue de 0.000506.

Parameter Estimates									
Parameter	Estimate	Standard Error	DF	t Value	Pr > t	Alpha	Lower	Upper	Gradient
beta0	370.24	1.8094	498	204.62	<.0001	0.05	366.68	373.79	-0.00081
beta1	0.9195	0.000116	498	7935.54	<.0001	0.05	0.9193	0.9198	-0.60348
beta2	0.002001	4.469E-6	498	447.66	<.0001	0.05	0.001992	0.002009	135.1377
s0	40.6916	1.2869	498	31.62	<.0001	0.05	38.1632	43.2201	0.000075
s2	0.000287	8.722E-6	498	32.95	<.0001	0.05	0.000270	0.000305	-113.907
sigma	1.2902	0.008530	498	151.25	<.0001	0.05	1.2734	1.3070	-0.04137

Figura 18. Valores estimados de los parámetros bajo la metodología de modelos mixtos no lineales con dos parámetros aleatorios.

Discusión

Los estudios comparativos con los modelos matemáticos se han hecho para describir las relaciones peso-edad en bovinos (4, 5, 7), en donde se observó que los modelos de Von Bertalanffy, Gompertz y logístico, sobrestimaban los pesos a edades tempranas, mientras que el logístico subestimaba el peso a la madurez. El modelo de

cuatro parámetros de Richards tiene un ajuste más preciso y requiere más cálculos para su ajuste que los modelos de tres parámetros, mientras que el modelo de Brody tiene un buen ajuste cuando se aplica a datos de bovinos con edades superiores a seis meses, ya que durante los primeros días de vida subestima el peso (30).

Parameter Estimates									
Parameter	Estimate	Standard Error	DF	t Value	Pr > t	Alpha	Lower	Upper	Gradient
beta0	370.34	1.8099	498	204.61	<.0001	0.05	366.78	373.89	0.00312
beta1	0.9195	0.000116	498	7935.50	<.0001	0.05	0.9193	0.9198	-22.7989
beta2	0.002000	4.47E-6	498	447.54	<.0001	0.05	0.001992	0.002009	1398.473
s0	40.6836	1.2871	498	31.61	<.0001	0.05	38.1549	43.2124	-0.00435
s2	0.000287	8.706E-6	498	33.01	<.0001	0.05	0.000270	0.000304	181.6563
sigma	1.2902	0.008530	498	151.25	<.0001	0.05	1.2735	1.3070	0.027629
cov02	0.000506	0.000524	498	0.97	0.3344	0.05	-0.00052	0.001535	0.185366

Figura 19. Valores estimados de los parámetros bajo la metodología de modelos mixtos no lineales con dos parámetros aleatorios.

Los modelos de crecimiento deben poseer características para poder ser usados en los sistemas de producción: deben tener un punto de inflexión, presentar una asíntota horizontal, tener un comportamiento lógico y no permitir valores anormales desde el punto de vista biológico; además, tener una base biológica, es decir, que la ecuación debe derivarse del conocimiento teórico que se tenga de la variable dependiente que se analiza, lo que permite que al incorporar esta base teórica en el desarrollo de la ecuación se obtengan resultados más exactos (16). Además, otra característica deseable es la flexibilidad, entendida como la capacidad de ajuste con precisión a diferentes conjuntos de datos.

Los modelos no lineales cuando no son elegidos en forma empírica y se incorporan en ellos información sobre los procesos físicos o biológicos, como valores de las asíntotas, permiten una mejor interpretación y asociación de los parámetros obtenidos a procesos o fenómenos físicos. Estos modelos usan menos parámetros que los modelos lineales permitiendo obtener predicciones más fidedignas con mayor facilidad de interpretación de los parámetros que determinan la variable respuesta (29).

En los últimos años se ha implementado el uso de modelos mixtos, los cuales permiten analizar tanto efectos fijos como aleatorios y relacionarlos con la variable respuesta. Estos modelos pueden tomar varias formas, pero la más común es la que indica una distribución condicionada para la variable respuesta dada por los efectos aleatorios. Los primeros reportes que se tienen sobre la teoría y aplicación de los modelos mixtos fueron

realizados por Pinheiro y Rebaja (6), generando una buena sustentación teórica sobre su aplicación (29). La implementación de modelos mixtos brinda la posibilidad de analizar datos con estructuras de dependencia, no balanceados y en ocasiones con falta de normalidad y modelar, de manera flexible, complicadas estructuras de datos.

El avance en las metodologías estadísticas y la mejora de las herramientas computacionales han permitido una mejora sustancial en los sistemas análisis de datos en las empresas pecuarias, pudiendo estas informaciones ser empleadas para realizar proyecciones y programaciones en los sistemas de producción.

El uso de modelos mixtos es una metodología rigurosa, al momento de analizar datos que estén correlacionados, pero su implementación requiere que los datos a analizar tengan una estructura de medidas repetidas. Su uso en los últimos años ha abarcado áreas del conocimiento como lo son la medicina (farmacocinética de droga), la producción agropecuaria (curvas de crecimiento en plantas, curvas de crecimiento animal, curvas de producción láctea y curvas de respuesta fotosintética), entre otros, lo que hace pensar que esta metodología tiene una amplia gama de posibilidades en los sistemas de producción animal, con esta metodología se tienen sistemas para comparar modelos que son más estrictos como el AIC y BIC que son más rigurosos que las metodologías tradicionales (28).

El análisis de medidas repetidas de un mismo individuo a través del tiempo implica una dependencia

entre las observaciones tomadas en el individuo, esta situación hace que dichas observaciones estén correlacionadas. Por tanto, el análisis estadístico de estas debe tener en cuenta la variación entre el mismo individuo. Una ventaja de los modelos mixtos es que permiten una aproximación flexible para el modelamiento de los errores correlacionados mediante un modelo de covarianza que registre de forma adecuada la variación dentro de los animales (10, 33, 36).

Al aplicar varios modelos de ajuste a una misma base de datos, es necesario decidir cual de todos es el que mejor ajusta y que, además pueda ser empleado para pronosticar resultados en los sistemas de producción. En este sentido, existe una serie de pruebas que pueden aplicarse a los modelos y ser usadas como herramienta de apoyo para decidir cual modelo es el que mejor ajusta.

Algunas pruebas son: la función de autocorrelación, la cual se aplica a los residuos, se pueden analizar los valores estimados y sus varianzas; el coeficiente de determinación, la prueba de lack of fit (bondad de ajuste) que tiene la característica de separar la suma de cuadrados del residuo (SCR) en dos partes: la suma de cuadrados atribuida a la bondad de ajuste (SSF) y la suma de cuadrados atribuida al error puro (SSE). Otra herramienta usada para la selección de modelos es el porcentaje de curvas en que los parámetros de las funciones son significativos y el porcentaje de curvas atípicas para cada función (19).

Otra metodología usada para comparar modelos que evalúan una misma base de datos es la función de máxima verosimilitud (*likelihood*), que usualmente es empleada para estimar los coeficientes de un modelo matemático de regresión, en el que se calcula la probabilidad de que ocurra un suceso determinado.

Para poder aplicar la función de máxima verosimilitud los datos deben ser tomados en forma aleatoria, e independientes entre sí, además, que la probabilidad que un individuo muestre un suceso o un evento determinado (para nuestro caso que tenga un peso cualquiera) sea independiente de la probabilidad que otro individuo tenga el mismo u

otro resultado; por lo que la probabilidad conjunta se calcula como el producto de las probabilidades individuales y de esa forma se obtiene la función de verosimilitud, que tiene en cuenta todos los datos de forma global, y será función únicamente de los coeficientes. De igual manera, se calcula la derivada de la función, se iguala a cero y se obtienen los valores de los coeficientes que maximizan esa función (20).

Al combinar observaciones independientes en el cálculo de la función de verosimilitud interviene el producto de las probabilidades individuales, por lo que se utiliza la función logarítmica, ya que esta transforma los productos en sumas y los cocientes en restas (20).

En las salidas de los programas de análisis estadístico aparece el término *Log-likelihood* o *loglik*, que es el logaritmo de la verosimilitud. Al tratarse de productos de probabilidades la función de verosimilitud será siempre menor que 1 y por tanto su logaritmo es negativo, en la práctica para eliminar el signo negativo del *loglik* se multiplica por -2. La función de verosimilitud permite comparar modelos que incluso tengan diferente número de parámetros, por ejemplo si a un modelo se le adiciona una variable adicional con respecto al otro modelo. Las diferencias en la función de verosimilitud se alteran arbitrariamente con la escala de medida, por lo que la forma adecuada de compararlas es mediante cocientes. Es por eso que cuando se comparan modelos que han sido estimados mediante este procedimiento se hable de razón de verosimilitud (*likelihood ratio*) (20).

En las salidas de los programas suele aparecer el término *likelihood ratio* o cociente de verosimilitud para un modelo, sin que se especifique que se esté contrastando con otro diferente. En estos casos el contraste es frente al modelo que sólo incluye el término constante y por tanto no se consideran las variables o los factores de riesgo, y se compara con el modelo que sí incluye las variables, por lo que ahora esa cantidad se distribuye según una χ^2 con grados de libertad igual al número de variables incluidas en el modelo, que es la diferencia frente al modelo con sólo la constante. Al igual que antes, si el contraste resulta no significativo quiere decir que

incluir el conocimiento de las variables no mejora significativamente la verosimilitud del modelo y por lo tanto se trata de un modelo sin utilidad (20).

Cada que se adicionan más variables a un modelo la función de verosimilitud mejorará y si la muestra es grande es difícil distinguir mediante el contraste del cociente de verosimilitud entre una mejora “real” y un aporte insignificante. Ya que el modelo perfecto no existe, puesto que todos constituyen simplificaciones de la realidad siempre es preferible trabajar con modelos que tengan menos variables, porque además de ser más sencillos, son más estables y presentan menos sesgo. Por ello se han propuesto otras medidas de contraste entre modelos, que penalizan en alguna medida el hecho de tener más o menos parámetros. Es el caso del criterio de información Akaike (AIC) y el criterio de información Bayesiano (BIC) que incluyen en su fórmula el *loglik*. (10).

$$AIC = -2\log lik + 2n_{par}$$

$$BIC = -2\log lik + n_{par} + \log(N)$$

Donde n_{par} es el número de parámetros del modelo y N es el número *total* de observaciones que se usaron en el modelo. Bajo los conceptos planteados anteriormente es mejor el criterio que presente el menor valor. Esto es, si se usa el *BIC* para comparar dos o más modelos con los mismos datos, se debe preferir el modelo que presente un menor BIC (29).

Finalmente, la base de datos creada para las simulaciones del presente trabajo, llamada *grupo1*, también podría ser analizada con tres parámetros aleatorios. Sin embargo, consideramos que es suficiente el análisis con los dos parámetros aleatorios que tienen una interpretación biológica. Además, con tres o más parámetros aleatorios se presentan dificultades computacionales que dificultan el procesamiento de los datos. El trabajo representa un gran esfuerzo por presentar a la comunidad científica una aplicación específica en la modelación de una función de crecimiento, como ejemplo de las bondades del modelo estadístico aplicado.

Referencias

1. Beltran JJ, Butts WT, Olson TA, Koger M. Growth patterns of two lines of angus cattle selected using predicted growth parameters. *J Anim Sci* 1992; 70:734-741.
2. Blasco A. XIV Curso internacional sobre mejora genética animal. Universidad Politécnica de Valencia; 2004. 21 p.
3. Brody S. Bioenergetics and growth. New Cork: Reinhold Publishing Corporation; 1945. 1023p.
4. Brown J, Fitzhugh, H, Cartwright T. Comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. *J Anim Sci* 1976; 42:810-818.
5. Denise RS, Brinks JS. Genetic and environmental aspects of the growth curve parameters in beef cows. *J Anim Sci* 1985; 61:1431-1440.
6. El Halimi R. Nonlinear mixed-effects models and nonparametric inference. Tesis de doctorado, Departamento de estadística, Universidad de Barcelona, Barcelona, 2005. 246 p.
7. Fitzhugh JH. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. *J Anim Sci* 1976; 42:1036-1051.
8. Fonseca F, Aquino LH, Gomes AI. Estimativas de parámetros genéticos de curva de crecimiento de gado nelore (*Bos indicus*). *Cienc Agrotec* 2002; Suppl 1562-1567.
9. France J, Dijkstra J, Dhanoa M. Growth functions and their application in animal sciences. *Ann Zootech* 1996; 45:165-174.
10. Gaona B. Matrices de covarianza estructuradas en modelos con medidas repélicas. Tesis de maestría, Universidad de Puerto Rico, Mayagüez, 2005. 127 p.
11. Gómez LH. Estadística experimental aplicada a las ciencias Agrícolas. Universidad Nacional de Colombia. Sede Medellín; 1997. 571 p.
12. Gompertz B. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new Mode of determining the value of life Contingencies. *Phil Trans Royal Soc London* 1925; 1825; 115:513-585.
13. Hammond J. Avances en fisiología zootécnica. Zaragoza: Acribia; 1959. 1330 p.
14. Helman MB. Cebutecnia. 2nd ed. Buenos Aires: El Ateneo; 1984. 538 p.
15. Joander G, Cartwright T. Estimation of efficiency of beef production. *J Anim Sci* 1969; 29:862-868.
16. Kiviste A, Álvarez G, Rojo A, Ruiz G. Funciones de crecimiento de aplicación en el ámbito forestal. Madrid: Instituto nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria; 2002.

17. Kratochvilova M, Hyanková L, Knizetová H, Fólder F. Growth curve análisis in cattle from early maturity and mature body size viewpoints. *Czech J Anim Sci* 2002; 47:125-132.
18. López SJ, France EJ, Gerrits MS, Dhanoa DJ, Humphries, et al. Ageneralized michaelis-menten equation for the analysis of growth. *J Anim Sci* 2000; 78:1816-1828.
19. Ministry of forests research program. Biometrics information. British Columbia: The institute; 1990.
20. Molinero LM. ¿Qué es el método de estimación de máxima verosimilitud y cómo se interpreta? [marzo, 2006] URL: <http://www.seh-lilha.org/maxverosim.htm>
21. Moore AJ. A mathematical equation for animal growth from embryo to adult. *Anim Prod* 1985; 40:441-453.
22. Muñoz BM, Tonhihati H. Uso de polinomios segmentados para el estudio de la curva de lactación en búfalos murrah y sus mestizos. Asociación peruana de producción animal 2002; [noviembre, 2005] URL: <http://www.appaperu.org/appa2002/invpdf/prod/71Prosocie.pdf>
23. Nobre PR, Misztal I, Tsuruta S, Bertrand JK, Silva LO, et al. Analysis of growth curves of nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J Anim Sci* 2003; 81:918-926.
24. Nobre PR, Rosa AN, Euclides FK. Interações reprodutor x estação de nascimento e reprodutor x fazenda sobre o crescimento de bezerras Nelore. *Rev Bras Zootec* 1988; 17:120-181.
25. Oliveira HN, Lobo RB, Pereira CS. Relationships among growth curve parameters, weights and reproductive traits in guzera beef cows. World congress on genetics applied to livestock production, Guelph; 1994.
26. Oliveira JA, Alemcar MM, Llima R. Causas de variação não genética sobre características de peso de animais de um rebanho nelore. Reunião anual da sociedade brasileira de zootecnia; 1994. 157 p.
27. Parks JA. Theory of feeding and growth of animals. Berlin: Springer-Verlag; 1982. 451p.
28. Peek SM, Cohen ER, Wait DA, ForsethIn. Physiological response curve analysisi using nonlinear mixed models. *Oecologia* 2002; 132:175-180.
29. Pinheiro JC, Bates D. Mixed effects models in S and S-PLUS. Berlin: Springer-Verlag; 2000. 528p.
30. Pereda ME, González SS, Arjona E, Bueno G, Mendoza GD. Ajuste de modelos de crecimiento y cálculo de requerimientos nutricionales para bovinos Brahman en Tamaulipas, Mexico. *Agrotecnia* 2005; 39:19-27.
31. Richards FJ. A flexible growth function for empirical use. *J Exp Bot* 1959; 10:290-300.
32. Sherchand L, McNew RW, Kellogg DW, Jonson ZB. Selection of mathematical model to generate lactation curves using daily milk yields of Holstein cows. *J dairy Sci* 1995; 78:2507-2513.
33. Statistical Analysis Systems. SAS®, versión 9.1 para Windows,. User's Guide. Statistics. Statistical Analysis Systems Institute. Inc., Cary, North Carolina; 2005.
34. Taylor St CS. A relation between mature weight and time taken to mature in mammals. *Anim Prod* 1965; 7:203-220.
35. Verhulst PF. Notice sur la loi que la population poursuit dans son accroissement. *Corresp Math Phys* 1838; 10:113-121.
36. Von Bertalanffy L. A quantitative theory of organic growth. *Hum Biol* 1938; 10:181-213.