

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA E ESTATÍSTICA APLICADA
ANTONIO GUEDES CORRÊA GONDIM FILHO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E AVALIAÇÃO DE MODELOS DE DEGRADAÇÃO EM
GENÓTIPOS DE AMENDOIM FORRAGEIRO (*ARACHIS PINTO*)

RECIFE-PE

2018



ANTONIO GUEDES CORRÊA GONDIM FILHO

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E AVALIAÇÃO DE MODELOS DE DEGRADAÇÃO EM
GENÓTIPOS DE AMENDOIM FORRAGEIRO (*ARACHIS PINTO*)**

Dissertação apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Biometria e Estatística
Aplicada como pré-requisito para obtenção
do título de Mestre.

Área de concentração: Estatística Aplicada e Experimental

Orientador: Prof. Dr. Guilherme Rocha
Moreira

RECIFE-PE

2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE
Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

G637d Gondim Filho, Antonio Guedes Correa.
Divergência genética e avaliação de modelos de
degradação em genótipos de amendoim forrageiro
(*Arachis pintol*) / Antonio Guedes Correa Gondim Filho. –
Recife, 2018.
44 f.: il.

Orientador: Guilherme Rocha Moreira.
Dissertação (Mestrado) Universidade Federal Rural de
Pernambuco, Pós-Graduação em Biometria e Estatística
Aplicada, Recife, 2018.
Inclui referências e apêndices.

1. Amendoim forrageiro. 2. Análise multivariada 3. Modelos
Não lineares I. Moreira, Guilherme Rocha, orient. II. Título.

CDD 310

ANTONIO GUEDES CORRÊA GONDIM FILHO

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA E AVALIAÇÃO DE MODELOS DE DEGRADAÇÃO EM
GENÓTIPOS DE AMENDOIM FORRAGEIRO (*ARACHIS PINTO*)**

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Biometria e Estatística Aplicada da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como pré-requisito para obtenção do grau de mestre.

COMISSÃO EXAMINADORA

Prof. Dr. Guilherme Rocha Moreira (Orientador)

Prof^a. Dra. Maria Lindomárcia Leonardo da Costa
Universidade Federal da Paraíba

Dr. Alexandre Lima Ferreira
Universidade Federal de São João Del Rei/Embrapa

Aprovado em: ___/___/___

Dedico este trabalho a toda a minha família,
minha mãe Edlene, minha esposa Flavia, meu
filho Antonio Neto, aos meus irmãos José,
Felipe e Natália e em especial ao meu pai
Antonio Guedes (*in memoriam*)

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus por ter me dado a oportunidade de realizar mais esse sonho;

A minha mãe Edlene, ao meu pai Antonio, que me apoiaram em tudo;

A minha esposa Flávia e ao meu filho Antonio Neto, que estão sempre ao meu lado, nos momentos mais difíceis me apoiando e não me deixando desistir dos nossos sonhos;

Aos meus irmãos José, Natalia e Felipe por fazerem parte desse sonho;

A minha sogra Rejane e meu sogro Flávio por toda ajuda que me deram nessa caminhada;

Aos meus sobrinhos José Filho, Maria Alice e Maria Antonieta;

Aos meus cunhados Rodrigo, Flavio Júnior e minha cunhada Juliene;

Aos meus demais parentes por todo o apoio, em especial a minha Tia Edna, Tia Maria Eugênia e meu primo Ricardinho por toda a ajuda;

Aos meus professores que de forma direta e indireta me ajudaram a realizar esse sonho, em especial ao meu orientador, Prof. Dr. Guilherme Rocha Moreira por ter acreditado e confiado em mim.

Aos meus colegas do programa de pós-graduação em Biometria e Estatística Aplicada;

Ao programa de pós-graduação em Biometria e Estatística Aplicada;

RESUMO

Foram avaliados o valor nutricional de dez genótipos de amendoim forrageiro (*Arachis pinto*): 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, Itabela e RIO. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos ao acaso com dez tratamentos (genótipos) e três repetições. Na estação de Zootecnia do Extremo Sul (ESSUL) da CEPLAC, em Itabela-BA e foram cultivados e colhidos e em duas épocas (período seco, ou seja, com menor precipitação e período chuvoso, referente ao período com maior precipitação). Avaliou-se: a produção de matéria seca (kg/ha); a produção de matéria verde (kg/ha); os teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido e proteína insolúvel em detergente ácido (% PB e % MS); a produção acumulada de gases ajustados aos modelos de Gompertz, Logístico, Brody, Von Bertalanffy e o Logístico Bicompartimental. Os modelos foram avaliados em relação aos seguintes parâmetros: R², QMR, AIC e BIC. A análise multivariada utilizada foi a análise de agrupamentos com coeficiente de correlação cofenética e o índice de Rand para verificar a qualidade do ajuste e a quantidade de grupos. No período de maior precipitação pluviométrica os genótipos 15121, 15598, 30333 e 31496 foram considerados os de melhor produtividade e de valor nutricional. Já no período de menor precipitação os genótipos 31828 e Itabela se destacaram como os melhores genótipos para a alimentação de ruminantes. O melhor modelo ajustado para ambos os genótipos foi o modelo Logístico Bicomportamental por apresentar menor AIC e BIC. Portanto, esse modelo, por apresentar ajuste superior pode ser utilizado para descrição de curvas cumulativas de gases em amendoim forrageiro (*Arachis pinto*).

Palavras-chave: Amendoim forrageiro, Análise multivariada, Modelos não lineares.

ABSTRACT

The nutritional value of ten genotypes of forage peanut (*Arachis pintoi*): 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, Itabela and RIO were evaluated. The statistical design used was a randomized block design with ten treatments (genotypes) and three replicates. At the CEPLAC Zootecnia station, in Itabela-BA, they were cultivated and harvested in two seasons (dry period, with lower rainfall, and rainy season, referring to the period with higher rainfall). The dry matter production (kg / ha), the production of green matter (kg / ha), crude protein, neutral detergent fiber, acid detergent fiber, insoluble protein of acid detergent from crude protein (% PB), insoluble protein of acid detergent from dry matter (% DM) and accumulated gas production adjusted to the Gompertz, Logistic, Brody, Von Bertalanffy and Bicompartamental Logistic models and evaluated by R², QMR, AIC and BIC were evaluated. The multivariable analysis used was the analysis of clusters with cophenetic correlation coefficient and the Rand index to verify the quality of adjustments and the number of groups. In the period of greatest rainfall, genotypes 15121, 15598, 30333 and 31496 stood out as the ones with best productivity and nutritional value. In the period of lower precipitation, genotypes 31828 and Itabela stood out as the best genotypes for feeding ruminants. The best model adjusted for both genotypes was the Logistic Bicomportamental model because it presented lower AIC and BIC. Therefore, it has superior adjustment and should be used to describe cumulative curves of gases in forage peanut (*Arachis pintoi*).

Key Words: Forage peanuts, Multivariate analysis, Nonlinear models.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Produção cumulativa de gases (ml/g de MS) em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba.....35

Figura 2 - Produção cumulativa de gases (ml/g de MS) em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba.....35

Figura 3 - Curvas estimadas da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) utilizando o modelo Logístico Bicompartimental em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba.....38

Figura 4 - Curvas estimadas da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) utilizando o modelo Logístico Bicompartimental em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba38

Figura 5 - Dendrograma de dissimilaridade genética de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba40

Figura 6 - Dendrograma de dissimilaridade genética de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba41

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Produção de matéria verde (PMV, kg/ha) e produção de matéria seca (PMS kg/ha) de dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....30
- Tabela 2** - Teores da matéria seca (MS, %), proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da MS) de dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.32
- Tabela 3** - Proteína bruta (PB, % MS), proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da PB) de dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....33
- Tabela 4** -Teores de fibra insolúvel em detergente neutro (FDN, % da MS), teores de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA, % da MS) dos dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....34
- Tabela 5** - Avaliadores de qualidade dos modelos para dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA..... 36
- Tabela 6** - Estimativa dos parâmetros do modelo Logístico Bicompartimental para dez genótipos de *Arachis pinto* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....37
- Tabela 7** - Coeficiente de correlação cofenética no período de maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....39
- Tabela 8** - Coeficiente de correlação cofenética no período de menor precipitação pluviométrica em Itabela – BA.....39

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1 Amendoim Forrageiro	14
2.2 Modelos não lineares.....	16
2.3 Avaliadores de qualidade dos modelos	17
2.4 Estatística Multivariada	19
2.4.1 Técnicas Multivariada	19
2.4.1.1 Análise de agrupamento	20
2.5 Coeficiente de correlação cofenética.....	24
2.6 Índice de Rand (1971)	25
2.7 Dendrograma	25
3. METODOLOGIA	26
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
5. CONCLUSÕES.....	42
6. REFERÊNCIAS	43

1. INTRODUÇÃO

Para os pecuaristas brasileiros, a principal fonte de alimento para os bovinos são os pastos, sendo ainda a forma mais prática e de menor custo que os pecuaristas encontram para alimentar seu rebanho. Um grande desafio na pecuária nacional encontra-se na produção satisfatória dos pastos, compatíveis com clima e condições físico-químicas do solo, fazendo, assim, a produção sustentável de pastagens ficar cada vez mais difícil. No período de seca uma das formas de contornar e solucionar a baixa produção de matéria seca (MS) e a queda do valor nutritivo das pastagens brasileiras seria a incorporação de leguminosas nas pastagens.

A produção de leguminosas forrageira em conjunto com gramíneas, constituem uma importante prática para a suplementação proteica de bovinos, bem como para o fornecimento de nitrogênio ao solo e plantas, assim, levando a melhoria da dieta fornecidas aos bovinos (MEIRELLES; MOCHIUTTI, 2002). Dessa forma, a leguminosa forrageira tem papel importante na produção animal, pois sua participação nas pastagens, além de possibilitar a redução dos efeitos negativos na atividade pecuarista sobre a qualidade do solo e da água, impulsiona também, a melhoria da expressão do potencial genético dos animais, permitindo um melhor desenvolvimento do rebanho e aumentando a lucratividade do produtor rural com a implementação das leguminosas forrageiras no ecossistema.

A espécie *Arachis pintoii*, conhecida como amendoim forrageiro é uma leguminosa nativa do Brasil, cuja principal área de dispersão é a região Central do país (PURCINO et al., 2004). O gênero *Arachis* pertence à família *Fabaceae*, sub-família *Papilionoideae*, tribo *Stylosanthinae* e sub-tribo *Aeschynomeneae* (GREGORY et al., 1980; KRAPOVICKAS; EGREGORY, 1994).

Visando melhoria na qualidade das pastagens cultivadas para alimentar bovinos, a leguminosa forrageira *Arachis pintoii*, nativa do sul da Bahia, tem sido utilizada por apresentar boa produtividade de matéria seca (MS), bom valor nutritivo, grande facilidade de cobertura do solo, e, ainda, possuir fácil adaptação às diferentes condições climáticas e aos solos com drenagem deficientes, fazendo dessa leguminosa uma boa opção forrageira para os pecuaristas brasileiros alimentarem seus rebanhos nos períodos de escassez de água (PEREIRA et al., 1996).

Em diversos países da América Latina a leguminosa *Arachis pintoi* tem apresentado bons resultados nas avaliações agronômicas. As pesquisas que são realizadas para identificar e escolher o melhor genótipo utilizam basicamente características agronômicas e pouco se conhece sobre a qualidade nutricional e energética dessa forrageira.

Modelos de regressão não linear, desenvolvidos empiricamente, têm-se mostrado adequados para descrever curvas de crescimento. Esses modelos apresentam parâmetros com interpretação biológica e assim possibilitam ter um maior entendimento a respeito do processo. A literatura apresenta vários modelos sendo que cada um desses modelos apresenta suas vantagens e desvantagens sob pontos de vista estatístico. Dessa forma, pesquisadores podem se questionar qual desses modelos é o mais apropriado. A resposta para tal questionamento pode ser dada mediante informações provenientes de avaliadores da qualidade de ajuste, os quais nos permite indicar estatisticamente o melhor modelo.

Análises de agrupamentos têm sido empregadas, com frequência, na visualização e interpretação da divergência genética, com base em caracteres nutricionais e agronômicos em genótipos de leguminosas forrageira.

O presente estudo tem por objetivo avaliar a divergência nutricional de genótipos de amendoim forrageiro utilizando as técnicas de regressão não linear e análise de agrupamentos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Amendoim Forrageiro

O amendoim forrageiro é uma leguminosa herbácea, com 20 a 60 cm de altura, hábito de crescimento rasteiro com densa camada de estolões com entrenós curtos e os pontos de crescimento bem protegidos do pastejo. O sistema radicular é pivotante e 82% das raízes são encontrados até a profundidade de 80 cm do solo. As folhas são alternadas, com dois pares de folíolos, glabros, mas com pelo sedosos nas margens. O caule é ramificado, cilíndrico, ligeiramente achatado, com entrenós curtos e estolões que podem chegar a 1,5 m de comprimento. As flores apresentam cálice bilabiado pubescente, com lábio inferior simples e um superior amplo, com quatro dentes pequenos no ápice resultante da fusão de quatro sépalas, corola formada por um estandarte de cor amarela, com asas também amarelas, quilha pontiaguda curvada e aberta ventralmente na base muito delgada e cor amarela-clara (VALENTIM et al., 2001).

O *Arachis pintoi* é uma leguminosa perene de grande capacidade de produção de forragem de boa qualidade, possui alto grau de adaptação à baixa fertilidade, resistente a baixas temperaturas e podem ser implantadas tanto por sementes e por mudas (MACHADO et al., 2004). Desenvolve-se bem em áreas com precipitação pluviométrica superior a 1200 mm, apresentando excelente desempenho em áreas com precipitação entre 2000 e 3500 mm bem distribuídos durante o ano, adapta-se a diversos tipos de solos, com texturas variando de argiloso a arenosa, cresce bem em solos ácidos, de baixa a média fertilidade, tem exigência moderada a fósforo (ARGEL; PIZARRO, 1992).

O *Arachis pintoi* é indicado tanto para formação de pastagens quanto para cobertura do solo em culturas perenes, podendo ainda ser utilizada como planta ornamental (PEREIRA et al., 1996).

As leguminosas constituem componentes que valorizam as pastagens. Suas propriedades incorporadoras de nitrogênio ao sistema solo-planta-animal e valor nutritivo, especialmente pelo elevado conteúdo de proteínas e minerais, as colocam como elementos interessante na produção de forragem. O *Arachis pintoi* apresenta boa qualidade forrageira, por isso vem sendo cultivado em diversos países, tanto para produção de feno como para pastoreio.

2.2 Modelos não lineares

Na literatura, temos que um modelo é dito não linear quando este não é linear em relação aos seus parâmetros e mesmo utilizando transformações não vamos conseguir linearizar o modelo, visto que admite uma estrutura de erros aditivos.

Segundo Draper e Smith (1998) e Bates e Watts (1988), um modelo não linear é aquele em que pelo menos uma das derivadas parciais da variável dependente, com relação a algum parâmetro presente no modelo, dependa de algum parâmetro. Seja o modelo de regressão não linear, a sua forma é:

$$Y_i = f_i(\beta; x) + \epsilon_i, \quad i = 1, 2, 3, \dots, n$$

onde:

Y_i representa a observação da variável dependente;

$f_i(\beta; x)$ é uma função diferenciável;

$\beta = (\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_p)^T$ possui parâmetros desconhecidos a serem estimados;

$x = (X_1, X_2, \dots, X_q)^T$ representa os valores das q variáveis exploratórias;

ϵ_i representa uma distribuição normal, com média zero e variância constante σ^2 .

Existem na literatura vários modelos de regressão não linear que podem ser utilizados para descrever curvas de crescimento. Mas segundo alguns autores, entre estes, Fitzhugh Jr (1976), Oliveira et al. (2000), Mazzini et al. (2003), Freitas (2005), Mendes (2007) e Silva et al. (2010), os modelos da família Richards (Brody, Von Bertalanffy, Logístico e Gompertz), são os mais utilizados para descrever o crescimento.

Em razão das diferenças entre os modelos de regressão não-linear, quando estes são ajustados a um mesmo conjunto de dados, torna-se necessário utilizar metodologias estatísticas com o intuito de compará-los e indicar o melhor modelo (SILVEIRA et al., 2009). Tais técnicas são denominadas de avaliadores da qualidade de ajuste.

Segundo Silveira et al. (2009), quanto maior o número de avaliadores considerados, mais adequada é a indicação dos melhores modelos. Porém, quando grande número de avaliadores é considerado, a escolha dos modelos se transforma em um processo complexo, uma vez que um mesmo modelo pode apresentar maior representação para um avaliador e menor para outro. Uma proposta para minimizar

esse problema, seria utilizar métodos multivariados de classificação, como análise de agrupamento, com o intuito de agrupar modelos, cujos resultados fossem semelhantes simultaneamente em relação a todos os avaliadores considerados. Assim, seria possível escolher um modelo que se encontra dentro do grupo definido como de maior representatividade, ou seja, escolher aquele modelo que apresentou melhor ajuste, para todos os avaliadores considerados simultaneamente.

2.3 Avaliadores de qualidade dos modelos

- O coeficiente de determinação (R^2), descrito por Schabenberger (2002), representa a medida da capacidade do modelo de se ajustar as observações. A tendência do R^2 é aumentar de acordo com o número de parâmetros incluídos no modelo, ou seja, quanto mais parâmetros no modelo maior é o valor de R^2 . Nesse sentido, em modelos muito parametrizados, não se deve adotar esse coeficiente como único avaliador de qualidade de ajuste. Mas de forma geral, deve-se adotar o critério de que quanto maior o R^2 , melhor será o modelo. Sua expressão é dada por:

$$R^2 = 1 - \frac{SQR}{SQT_C} \quad (2.1)$$

em que, SQR é a soma de quadrado dos resíduos e SQT_C é a soma de quadrado total corrigida para o número de parâmetros do modelo.

- Quadrado médio do resíduo (QMR): representa a estimativa da variância residual. Quanto menor o seu valor, melhor será considerado o modelo. é dado por:

$$QMR = \sum_{i=1}^n \frac{(y_i - \hat{y}_i)^2}{n-p} \quad (2.2)$$

em que, y_i são os valores observados e \hat{y}_i são os volumes estimados, sendo n o número de observações e p o número de parâmetros do modelo.

- Critérios de informação de Akaike – AIC – (AKAIKE 1974), permite utilizar o princípio da parcimônia na escolha do melhor modelo, ou seja, de acordo com este critério nem sempre o modelo mais parametrizado é melhor (BURNHAM e ANDERSON, 2004). O AIC é usado para comparar modelos não-aninhados ou quando estão sendo comparados três ou mais modelos. Menores valores de AIC refletem um melhor ajuste. Sua expressão é dada por:

$$AIC = -2\ln L + 2(P + 1) \quad (2.3)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas e p é o número de parâmetros livres.

- Critério de informação bayesiano – BIC – (SCHWARZ 1978), assim como o AIC, também leva em conta o grau de parametrização do modelo, e da mesma forma, quanto menor for o valor de BIC, melhor será o ajuste do modelo. É um critério assintótico, cuja adequação está fortemente relacionada com a magnitude do tamanho de amostra. Em relação a penalização aplicada na quantidade de parâmetros, esta será mais pesada do que a do AIC para amostras pequenas. Sua expressão é dada por:

$$BIC = -2\ln L + (P + 1)\ln(n) \quad (2.4)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas, n é o tamanho da amostra e p é o número de parâmetros livres.

2.4 Estatística Multivariada

A estatística multivariada é definida como um conjunto de métodos estatísticos que são utilizados quando temos uma grande quantidade de variáveis e queremos estudar simultaneamente essas variáveis. Os métodos de análise de dados multivariados permitem um estudo global dessas variáveis, colocando em evidência as ligações, semelhanças ou diferenças entre elas, perdendo assim o mínimo de informação possível. Temos que, de fato, nenhuma variável consegue por si só caracterizar de maneira fidedigna a unidade experimental. Essa é a principal justificativa para o pesquisador utilizar diversas variáveis em cada unidade experimental para realizar o seu estudo.

A necessidade que se tem de obter relações entre diversas variáveis ao mesmo tempo faz com que as análises multivariadas sejam complexas ou até mesmo difíceis de serem utilizadas, embora seja de grande utilidade para os pesquisadores, podendo ser muito informativa e podendo facilitar a discussão dos resultados. De certa forma, as variáveis estudadas na mesma unidade experimental estão relacionadas entre si, e quanto maior o número de variáveis mais complexo fica o estudo e se torna menos apropriado utilizar métodos univariados na análise, Mingoti (2005).

Como a análise multivariada necessita de grande quantidade de cálculos para a realização de suas análises, a utilização dessas técnicas só foi possível graças ao avanço tecnológico computacional e aos softwares estatísticos que dispõem de módulos de análise multivariada implementados como, por exemplo: SAS, MINITAB, STATISTICA, SYSTAT, R, entre outros.

2.4.1 Técnicas Multivariada

As técnicas multivariadas podem ser classificadas de diversas maneiras. De acordo com Mingoti (2005), a estatística multivariada pode ser dividida em:

Técnicas Exploratórias: são técnicas que independem do conhecimento da forma matemática da distribuição de probabilidade geradora dos dados amostrais e não podemos realizar inferência sobre os resultados obtidos. Algumas das técnicas exploratórias são: Análise de Correspondência (AC), Análise de Componentes Principais (ACP), Análise de Correlação Canônica (ACC), Análise de Agrupamento (AA), Análise Fatorial (AF) e Análise Discriminante (AD).

Técnicas de Inferência Estatística: permite que conclusões possam ser tiradas a respeito da população usando informações de uma amostra multivariada. Entre as mais conhecidas estão: Análise de Variância Multivariada (MANOVA) e a Análise de Regressão Multivariada.

Segundo Hair Jr. et al. (2006), podemos dividir as técnicas multivariadas em:

Técnicas de Dependências: são aquelas que uma variável ou conjunto de variáveis é identificado como a variável dependente a ser predita ou explicada por outras variáveis independentes. Nesse caso temos MANOVA e AD

Técnicas de Interdependência: são aquelas que nenhuma variável ou grupo de variável é definida como independente ou dependente. Assim, o procedimento envolve a análise simultânea de todas as variáveis no conjunto. Nesse caso temos ACP, ACC e AF.

2.4.1.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamentos é uma importante técnica exploratória multivariada que tem o objetivo de encontrar nos dados uma estrutura natural de agrupamento. Segundo Cruz e Regazzi (1994), a análise de agrupamento tem por finalidade juntar, por algum critério as unidades amostrais em vários grupos seguindo critérios de classificação pré-determinado, de modo que exista homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos. A ideia é maximizar a homogeneidade de objetos dentro dos grupos e ao mesmo tempo maximizar a heterogeneidade entre os grupos (Hair Jr. et al;2006), ou seja, os objetos dentro dos mesmos grupos serão mais semelhantes uns com os outros do que com objetos de outros grupos.

O processo de agrupamento segue duas etapas essenciais. A primeira leva em consideração a estimativa de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre as unidades amostrais. Já a segunda baseia-se na a escolha de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos. A estimação das medidas de similaridade ou dissimilaridade para um conjunto de n indivíduos e p variáveis consiste na conversão de uma matriz de observações indivíduos (n) x variáveis (p) em uma matriz quadrada e simétrica de ordem n , de similaridades ou dissimilaridades individuais, que são medidas da distância entre pares de indivíduos. Segundo Barroso e Artes (2003) as distâncias são as medidas de dissimilaridade mais utilizadas no estudo de banco de dados com variáveis quantitativas.

As técnicas de análise de agrupamento admitem duas abordagens, a hierárquica e a não hierárquica. A hierárquica considera que de início cada indivíduo se encontra isolado e o processo segue aproximando estes indivíduos de acordo com suas similaridades até que se atinja uma estabilidade relativa, que varia em função dos objetivos do trabalho. A não hierárquica segue o sentido contrário ao da hierárquica, particionando um agrupamento já estabelecido inicialmente.

Medidas de parença

As medidas de parença têm um papel central nos algoritmos de agrupamentos. Considere que para cada elemento amostral tem-se informações de p variáveis armazenadas em um vetor, essas medidas (que são métricas matemáticas) são definidas para avaliar se dois pontos quaisquer estão próximos e se podem fazer parte de um mesmo grupo, ou não. Assim, podem ser definidas para variáveis quantitativas e qualitativas (JOHNSON; WICHERN, 2002). Existe dois tipos de medidas de parença:

- Medidas de Similaridade: quanto maior o valor observado, mais parecidos são os indivíduos (ou objetos).
- Medidas de Dissimilaridade: quanto maior o seu valor, mais diferentes são os indivíduos (ou objetos).

- **Distância Euclidiana**

A distância Euclidiana é, a medida de distância mais utilizada para análise de agrupamento, considerando a média no i -ésimo indivíduo para a j -ésima característica, considerando o par de indivíduo, em que a distância entre elas é dada por:

$$d_{(ii')} = \sqrt{\sum_j^p (x_{ij} - x_{i'j})^2} ; j=1,2,\dots,p. \quad (2.5)$$

onde:

x_{ij} representa a característica do indivíduo i ;

$x_{i'j}$ representa a característica do indivíduo i' ;

p é o número de parcelas na amostra;

j é o número de indivíduos na amostra.

- **Distância Euclidiana Média**

A distância euclidiana apresenta problemas de escala métrica e não leva em consideração a correlação entre as diversas características avaliadas (CRUZ et al., 2012). Cruz et al., (2012) recomendam a padronização dos dados para contornar o problema de escala, e utiliza-se a distância euclidiana média para contornar a influência do número de caracteres. A distância é dada por:

$$d = \sum_{j=1}^p \left\{ \frac{(x_{ij} - x_{i'j})^2}{x_{ij}} \right\} \quad (2.6)$$

onde:

x_{ij} representa a característica do indivíduo i ;

$x_{i'j}$ representa a característica do indivíduo i' ;

p é o número de parcelas na amostra;

j é o número de indivíduos na amostra.

- **Distância de Mahalanobis - D^2**

A distância de Mahalanobis - D^2 , é a medida mais utilizada para testar as distâncias multivariadas de duas ou mais populações, caso exista repetição de dados. (cujo princípio básico é manter a homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os grupos). A distância - D^2 entre os indivíduos i e i' é dada por:

$$D^2_{ii'} = (\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'})' S^{-1} (\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'}) \quad (2.7)$$

onde:

$D^2_{ii'}$ é a distância generalizada de Mahalanobis entre os acessos i e i' $i=1,2,\dots,g$;

S é a matriz de variância e covariância amostral comum a todos os indivíduos;

$\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'}$ são os vetores p -dimensionais de médias i e i' onde $i=1,2,\dots,n$ e com $i \neq i'$.

Métodos de Agrupamento

Como no caso das medidas de parença, existem vários métodos de agrupamento e a escolha exige o conhecimento de suas propriedades e dos objetivos da pesquisa. Contudo, Barroso e Artes (2003) recomendam que, na medida do possível, deve-se utilizar mais de um método sobre um mesmo conjunto de dados e através da comparação dos grupos formados, pode-se adotar a solução que representa a melhor situação em estudo.

A maioria dos algoritmos utilizados na formação dos agrupamentos podem ser classificados em duas grandes famílias de métodos: os hierárquicos e os não hierárquicos.

Métodos Hierárquicos

Nos métodos Hierárquicos os indivíduos são classificados em grupos em diferentes etapas, de modo ordenado (hierárquico), produzindo uma árvore de classificação chamado de dendrograma, que é um gráfico bidimensional que combina a ocorrência da fusão com a estimativa da distância das unidades agrupadas. Estes agrupamentos podem ser utilizados tanto para agrupar indivíduos como para agrupar variáveis. Quando o dendrograma construído é das variáveis, a similaridade entre duas variáveis aponta forte correlação entre elas. Os dendrogramas de indivíduos são mais comuns do que os de variáveis (MOITA NETO, 2004). Os métodos Hierárquicos de agrupamentos utilizados foram:

a) Método do vizinho mais próximo (*ligação simples, mínima distância, ou single linkage*): baseia-se na menor distância entre um objeto de G_1 e um objeto de G_2 .

- b) Método do vizinho mais distante** (*ligação completa, máxima distância, ou complete linkage*): baseia-se na maior distância entre um objeto de G_1 e um objeto de G_2 .
- c) Método das médias das distâncias** (*ligação média ou average linkage*): baseia-se na média das distâncias entre todos os objetos de G_1 e os de G_2 .
- d) Método do centroide** (*ou centroid method*): baseia-se na distância entre os centroides dos grupos G_1 e G_2 , que são definidos como a média das coordenadas de todos os objetos de um mesmo grupo.
- e) Método de Ward**: Ward (1963) propôs um método de agrupamento que baseia-se na mudança de variação dentro dos grupos em formação e entre eles a cada passo do processo de agrupamento. Nesse método a formação dos grupos se dá pela maximização da homogeneidade dentro dos grupos, em que soma de quadrados dentro dos grupos é usada como medida de homogeneidade, onde os grupos formados em cada estágio são resultantes de grupo solução com a menor soma de quadrados dentro dos agrupamentos.

2.5 Coeficiente de correlação cofenética

Calcula-se o Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC) entre a matriz de dissimilaridades genéticas e a matriz dos valores cofenéticos, a fim de verificar a consistência do agrupamento. Esse coeficiente traduz a relação momento-produto, calculado entre os elementos da matriz original e os da matriz cofenética, resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento, depois da construção do dendrograma. Valores de CCC acima de 0,7 indicam boa representatividade entre as distâncias (Bussad et al., 1990), é dada por:

$$ccc = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2}} \quad (2.8)$$

onde:

c_{ij} = valor de dissimilaridade entre os indivíduos i e j , obtidos a partir da matriz cofenética;

d_{ij} = valor de dissimilaridade entre os indivíduos i e j , obtidos a partir da matriz de dissimilaridade.

2.6 Índice de Rand (1971)

O índice de Rand (IR) permite comparar duas partições, por exemplo, sejam A e B duas partições com i, j grupos cada, respectivamente, tal que i pode ser igual ou diferente de j , e $i, j \in N$. Este índice baseia-se no número de pares de parcelas que foram atribuídos de mesmo modo em cada uma das partições. O índice de Rand (IR) é obtido por:

$$IR = \frac{a+d}{a+b+c+d} = \frac{A}{\binom{n}{2}} \quad (2.9)$$

O índice Rand situa-se entre 0 e 1. Atribui-se o valor 0 quando as duas partições não tiverem qualquer semelhança e o valor 1 quando estas concordarem perfeitamente.

2.7 Dendrograma

Segundo Albuquerque (2005), o dendrograma é uma representação gráfica bidimensional em forma de árvore. Também chamada de "diagrama de árvore" é utilizada para ilustrar a análise de agrupamentos feitas sobre um conjunto de dados. Ainda que não exista um critério objetivo para determinar um ponto de corte no dendrograma, se for feito um corte em um determinado nível do gráfico, este corte representará o número de grupos e dos indivíduos que os formam.

3. METODOLOGIA

A base de dados foi formada por dez genótipos de *Arachis pintoi*: 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, cv. Itabela e cv. RIO. Esses foram cultivados e colhidos na estação de Zootecnia da CEPLAC, em Itabela-BA, região com 100 m de altitude, 16° 36' de latitude e a 39° 30' de longitude oeste, temperatura média anual de 23,3° C, 1350mm de chuva e sem estação seca definida. As plantas foram colhidos em duas épocas (período seco, ou seja, com menor precipitação e período chuvoso, referente ao período com maior precipitação).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com dez tratamentos (genótipos) e três repetições.

Os genótipos foram plantados em canteiros com área total de 4m² e área útil de 1m². Para a obtenção da produção, nas duas épocas, de matéria verde (MV) e matéria seca (MS) por hectare os genótipos foram pesados no local. Na colheita os genótipos foram cortados a 5cm do solo. Após a pesagem da forragem verde colhida da área útil, esta foi levada ao laboratório de Nutrição Animal da Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC, onde foi seca em estufa com circulação de ar forçada a uma temperatura média de 55° C por 48 horas e posteriormente moída em moinho de facas tipo Willey dotado de peneira com crivos de 1mm.

Foi determinado o teor de matéria seca (MS) a 105°, pela secagem até o peso constante. Pelo método de Kjeldahl segundo AOAC (1990) foram determinados os teores de proteína bruta (PB) e proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA). O conteúdo da parede celular: fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) foram obtidos segundo Van Soest et al. (1991).

Pela técnica “*in vitro*” semiautomática de produção de gases (Maurício et al., 1999) foram obtidos os parâmetros cinéticos da degradação ruminal. Para esta avaliação, o inóculo ruminal foi coletado de um novilho Jersey canulado no rúmen, mantido sob dieta com silagem de milho *ad libitum* e o fornecimento diário de 1Kg de concentrado comercial com 22% de PB. As leituras da pressão foram tomadas às 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72 e 96 horas após inoculação. Para o cálculo do volume de gases foram utilizados os resultados da pressão, seguindo a equação desenvolvida por Maurício et al. (2001), descrita abaixo, a técnica *in vitro* foi realizada na Universidade Federal de Minas Gerais – UFMG.

$$V = 0,051P^2 + 4,43P - 0,004$$

Onde:

$V = \text{Volume de gases (ml)}$ e $P = \text{Pressão em polegadas por cm}^2$

Os volumes acumulados de gases foram ajustados aos modelos não lineares:

- Gompertz:

$$V_t = \alpha e^{-\beta e^{-kt}} + \varepsilon \quad (3.1)$$

- Logístico:

$$V_t = \frac{\alpha}{1+e^{[-(\beta+kt)]}} + \varepsilon \quad (3.2)$$

- Brody:

$$V_t = \alpha[1 - \beta e^{-kt}] + \varepsilon \quad (3.3)$$

- Von Bertalanffy:

$$V_t = \alpha(1 - \beta e^{-kt})^3 + \varepsilon \quad (3.4)$$

- Logístico Bicompartimental:

$$V_t = \frac{\alpha_1}{1+e^{[2-4k_1(t-\lambda)]}} + \frac{\alpha_2}{1+e^{[2-4k_2(t-\lambda)]}} + \varepsilon \quad (3.5)$$

em que:

$V(t)$ = Volume acumulado (ml) no tempo t ;

α = Volume total de gases produzidos (ml);

α_1 = Volume de gases produzido pela degradação da fração $A + B_1$ do sistema de Cornell (CNF);

α_2 = Volume de gases produzido pela degradação da fração B_2 do sistema de Cornell (CNF);

k = Taxa específica de produção de gases;

K_1 = Taxa específica de produção de gases pela degradação da fração $A + B_1$ do sistema de Cornell (CNF);

K_2 = Taxa específica de produção de gases pela degradação da fração B_2 do sistema de Cornell (CF);

t = Tempo de fermentação;

λ = Fase de latência;

β = Parâmetro de forma, sem interpretação biológica;

e = Exponencial;

ε = Erro experimental associado a cada observação;

Os parâmetros dos modelos foram estimados pelo método iterativo de Gauss-Newton por meio da técnica dos modelos não-lineares utilizando-se o procedimento “nls” do software livre R.

Os avaliadores da qualidade de ajuste dos modelos utilizados foram:

1. Critérios de informação de Akaike – AIC – (AKAIKE 1974): sua expressão é dada por:

$$AIC = -2\ln L + 2(P + 1) \quad (3.6)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas e p é o número de parâmetros livres.

2. Critério de informação bayesiano – BIC – (SCHWARZ 1978): sua expressão é dada por:

$$BIC = -2\ln L + (P + 1)\ln(n) \quad (3.7)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas, n é o tamanho da amostra e p é o número de parâmetros livres.

Para aplicação da análise de agrupamentos foram utilizadas as variáveis: produção de matéria seca (kg/ha), produção de matéria verde (kg/ha), proteína bruta, fibra insolúvel em detergente neutro, fibra insolúvel em detergente ácido e proteína insolúvel em detergente ácido (em % PB e em % MS). Adicionalmente, foram utilizados os parâmetros do modelo que melhor se ajustou aos dados de produção acumulada de gases

O processo de agrupamento realizou-se em duas etapas: a primeira levou em consideração a estimativa de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre as unidades amostrais, utilizando-se as distâncias euclidiana, euclidiana média ou Mahalanobis; a segunda foi a escolha das técnicas de agrupamento hierárquicos, dentre os quais foram avaliados os seguinte: Método do vizinho mais próximo, Método do vizinho mais distante, Método das médias das distâncias, Método do centroide e o Método de Ward.

Foi calculado o coeficiente de correlação cofenética a fim de verificar a consistência do agrupamento e identificar a melhor combinação entre as medidas de similaridade ou dissimilaridade utilizadas junto com as técnicas de agrupamento em estudo.

Posteriormente foi utilizado índice de Rand (1971) para identificar o número de grupos formados.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1 encontram-se os dados referente a produção de matéria verde (PMV) e matéria seca (PMS), em quilos por hectare, dos dez genótipos de amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*) nas duas épocas de corte, referente aos meses de maior precipitação (período chuvoso, outubro a março) e outro aos meses de menor precipitação (período seco, abril a setembro).

Tabela 1 - Produção de matéria verde (PMV, kg/ha), produção de matéria seca (PMS kg/ha) de dez genótipos de *Arachis pintoi* nos períodos de menor e maior precipitação pluviométrica, em Itabela – BA.

GENÓTIPOS	PERÍODOS	
	SECO	CHUVOSO
PMV		
13251	5254	9786
15121	4028	18283
15598	4335	20633
30333	9266	10830
31135	5166	8235
31496	6230	15233
31534	5944	14603
31828	8746	14243
CVITA	9306	20000
CVRIO	7366	13710
Média	6564,60	14555,83
Desvio padrão	1994,24	4194,22
Coefficiente de variação	30,38	28,81
PMS		
13251	1233	1477
15121	994	2864
15598	1019	3288
30333	1948	1806
31135	1220	1417
31496	1524	2435
31534	1529	2533
31828	2093	2381
CVITA	2157	3439
CVRIO	1664	2345
Média	1538,70	2399,04
Desvio padrão	426,34	689,41
Coefficiente de variação	27,71	28,74

Observou-se uma grande diferença na produção de matéria verde quando comparados os dois períodos em estudo. A produção em kg/ha de matéria verde no período chuvoso foi aproximadamente 120% maior que no período seco. Tem-se que

a produção de matéria verde no período chuvoso variou de 8235 kg/ha para o genótipo 31135 a 20633 kg/ha para o genótipo 15598. No período seco essa produção variou de 4028 kg/ha genótipo 15598 a 9306 kg/ha para o genótipo (Itabela). Para a produção de matéria seca, a diferença entre os períodos seco e chuvoso foi de aproximadamente 56%, em que a PMS no período seco variou de 994 kg/ha para o genótipo 15121 a 2157 kg/ha para o genótipo Itabela. No período chuvoso a produção variou de 1417 kg/ha a 3439,48 kg/ha para os genótipos 31135 e cv. Itabela, respectivamente. Estes resultados estão próximos ou superiores a dados comumente encontrado na literatura, (Valentim et al.,2001; Cavali et al., 2002).

Na tabela 2 visualiza-se os resultados referente aos teores de matéria seca (MS, %) e de proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da MS). Observa-se que os teores de MS variaram de 21,76% a 26,37% no período seco para os genótipos 30333 e 15121, respectivamente. Já para o período chuvoso, o maior teor de MS foi obtido para o cv. RIO, com teor de 17,99%. Em contrapartida, o genótipo 15121 apresentou o menor valor, de 15,88%. A proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da MS) no período chuvoso variou de 12,17%, para o genótipo RIO a 15,53%, para o genótipo 31534. No período de menor precipitação encontramos uma variação de 9,07% a 12,45% para os genótipos 30333 e cv. Itabela respectivamente.

Tabela 2 - Teores da matéria seca (MS, %), proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da MS) de dez genótipos de *Arachis pintoi* nos períodos de menor e maior precipitação pluviométrica, em Itabela – BA.

GENÓTIPOS	PERÍODOS	
	SECO	CHUVOSO
MS		
13251	24,01	16,46
15121	26,37	15,88
15598	24,69	16,07
30333	21,76	16,83
31135	23,80	16,55
31496	24,44	16,10
31534	27,10	17,91
31828	23,94	16,98
CVITA	23,31	16,91
CVRIO	23,86	17,99
Média	24,33	16,77
Desvio padrão	1,51	0,72
Coefficiente de variação	6,19	4,32
PIDAMS	SECO	CHUVOSO
13251	11,60	12,88
15121	9,28	12,91
15598	10,41	11,82
30333	9,07	12,66
31135	9,62	12,59
31496	11,12	13,39
31534	10,66	15,53
31828	11,16	13,72
CVITA	12,45	12,45
CVRIO	11,64	12,17
Média	10,70	13,01
Desvio padrão	1,11	1,04
Coefficiente de variação	10,35	8,01

Encontra-se na tabela 3 os dados de proteína bruta (PB, % MS) e de proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da PB). Observou-se que não houve grande variação quanto aos teores médios de proteína bruta nos dois períodos em estudo. No período seco o valor médio foi de 25,1% e no período chuvoso de 24,81%. Tem-se, assim, que os dez genótipos apresentaram altas porcentagens de PB nos dois períodos, confirmando que essa leguminosa apresenta alto conteúdo proteico em relação às gramíneas. No período seco o genótipo que apresentou a maior porcentagem de proteína bruta foi o cv. RIO, com 26,99%, já no período chuvoso, com 26,4%, se destacou o genótipo 30333. Para a PIDA observou-se que no período chuvoso os resultados variaram de 47,64% a 55,2% para os genótipos 15598 e 15121, respectivamente. No período seco, o genótipo 30333 apresentou os menores valores com 36,05%, em contrapartida, com 48,76% o cv. RIO apresentou a maior resultado.

Tabela 3 - Proteína bruta (PB, % MS), proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA, % da PB) de dez genótipos de *Arachis pintoi* nos períodos de menor e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

GENÓTIPOS	PERÍODOS	
	SECO	CHUVOSO
PB		
13251	23,80	25,41
15121	23,69	24,63
15598	26,19	23,57
30333	24,61	26,40
31135	25,47	24,82
31496	25,16	26,02
31534	23,29	24,96
31828	25,29	25,12
CVITA	26,49	23,55
CVRIO	26,99	23,67
Média	25,10	24,81
Desvio padrão	1,25	1,00
Coefficiente de variação	4,99	4,02
PIDAPB	SECO	CHUVOSO
13251	46,10	51,32
15121	38,59	55,20
15598	46,64	47,64
30333	36,05	50,84
31135	41,30	49,30
31496	41,98	52,75
31534	40,79	58,26
31828	41,28	51,87
CVITA	48,76	51,35
CVRIO	47,43	51,10
Média	42,89	51,96
Desvio padrão	4,15	2,97
Coefficiente de variação	9,68	5,71

Os valores referentes aos teores de fibra em detergente neutro (FDN, % da MS) e fibra em detergente ácido (FDA, % da MS) são encontrados na tabela 4. Pode-se observar que para a FDN, quando comparados os dois períodos em estudo, não houve grande variação apresentando valor médio de 52,79% para o período seco e de 53,7% para o período chuvoso. Em relação a FDA notou-se variação de 26,67% a 32,15% no período seco, referente aos genótipos cv. Itabela e cv. RIO, respectivamente. No período de maior precipitação houve uma variação de 36,31%, para o genótipo 30333, a 41,61% para o genótipo 15598. Segundo Van Soest (1991), os valores de FDN das forragens estão negativamente correlacionados com o seu consumo e digestibilidade, indicando que os genótipos de amendoim forrageiro com menores proporções desses componentes podem ser mais bem consumidos e melhor aproveitados nutricionalmente pelo animal.

Tabela 4 - Teores de fibra em detergente neutro (FDN, % da MS), Teores de fibra em detergente ácido (FDA, % da MS) de dez genótipos de *Arachis pintoi* nos períodos de menor e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

GENÓTIPOS	PERÍODOS	
	SECO	CHUVOSO
FDN		
13251	50,53	54,81
15121	51,26	53,20
15598	50,73	54,39
30333	54,66	52,59
31135	51,64	55,47
31496	54,50	50,20
31534	53,46	55,29
31828	53,66	53,80
CVITA	53,44	53,02
CVRIO	53,99	54,24
Média	52,79	53,70
Desvio padrão	1,58	1,56
Coefficiente de variação	3,00	2,90
FDA	SECO	CHUVOSO
13251	30,92	38,90
15121	27,42	41,06
15598	30,93	41,61
30333	28,80	36,31
31135	27,78	38,67
31496	26,94	38,23
31534	27,73	37,24
31828	27,85	38,21
CVITA	26,67	36,66
CVRIO	32,15	38,82
Média	28,72	38,57
Desvio padrão	1,92	1,71
Coefficiente de variação	6,69	4,44

Na figura 1 observa-se a representação gráfica da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) após 96 horas de inoculação, no período de maior precipitação “período chuvoso” para os dez genótipos de *Arachis pintoi*. Os genótipos cv. Itabela, cv. RIO e 31534 apresentaram as maiores produções de gases, enquanto os genótipos 30333 e 31496 apresentaram as menores produções cumulativa de gases após 96h de incubação. Na figura 2 os genótipos 15121, 31534 e cv. Itabela apresentaram as maiores produções de gases no período seco e os genótipos 30333 e 31828 apresentaram as menores produções de gases após 96h de incubação.

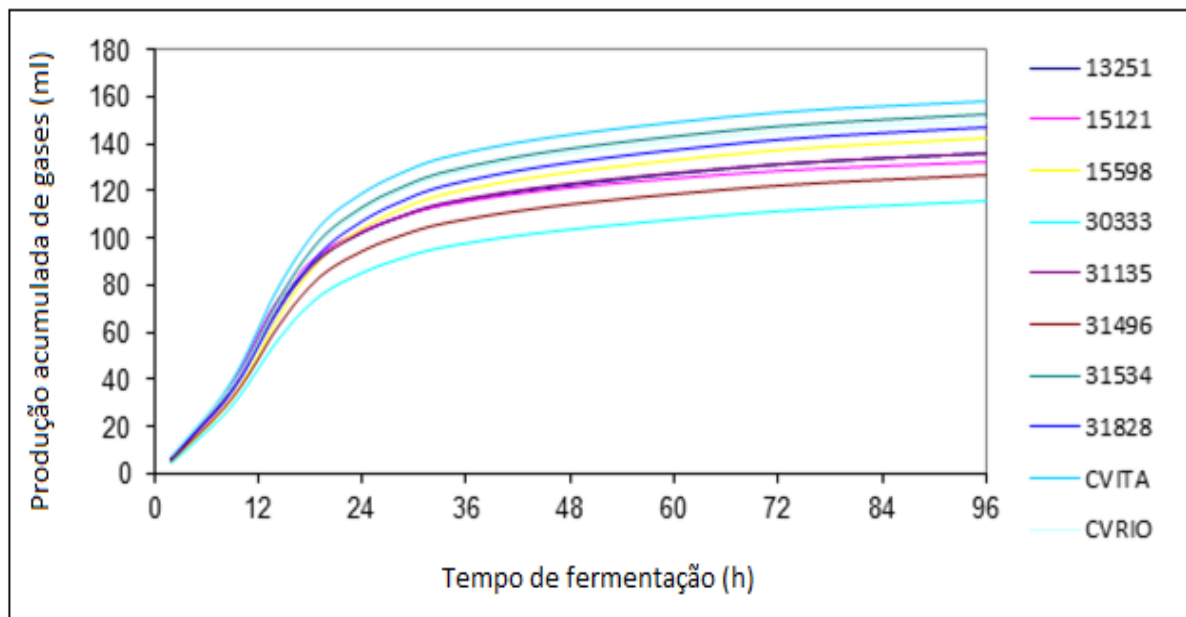


Figura 1 - Produção cumulativa de gases (ml/g de MS) em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba.

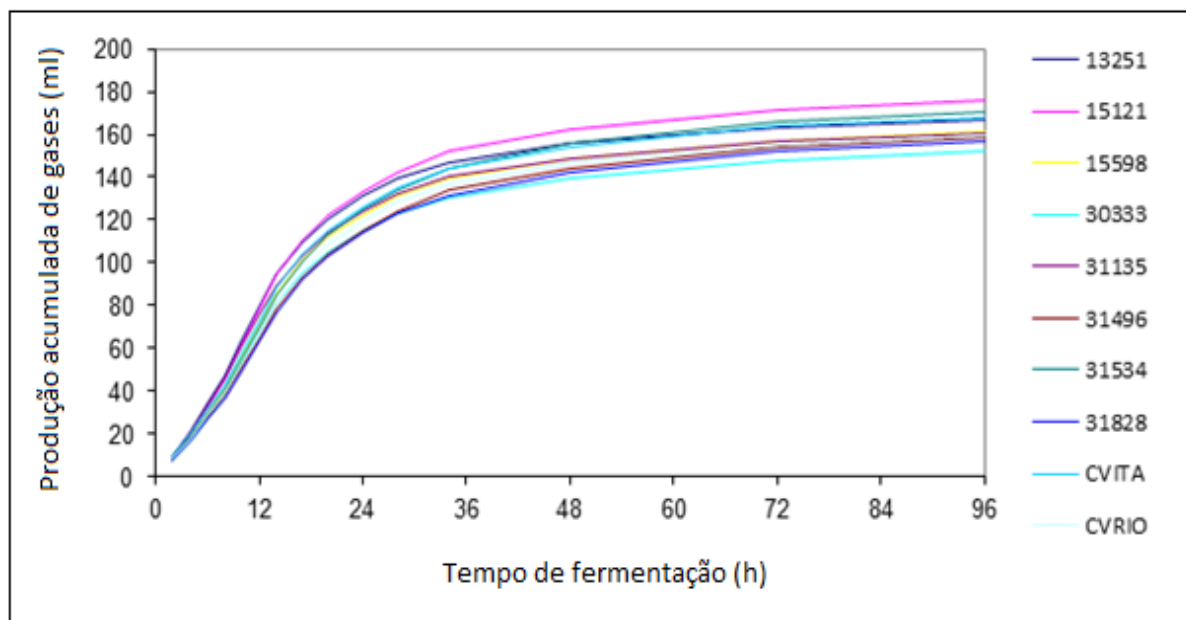


Figura 2 - Produção cumulativa de gases (ml/g de MS) em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba.

Comparando-se as duas épocas, nota-se que as maiores produções de gases por hora foram encontradas no período de menor precipitação.

Na tabela 5 encontra-se para as duas épocas em estudo os avaliadores de qualidade dos modelos para os dez genótipos, o Critério de informação de Akaike (AIC) e o Critério de informação de bayesiano (BIC). Pode-se observar que para os períodos seco e chuvoso o modelo Logístico Bicompartimental foi o que apresentou os menores valores dos avaliadores de qualidade (AIC e BIC), logo foi selecionado como o melhor modelo para estimar a produção acumulada de gases dos genótipos de *Arachis pintoii*. Esses resultados estão de acordo com Schofield et al. (1994); Groot et al. (1996); Pell et al. (2000) e Fondevila e Barrios(2001) os quais observaram que os modelos multicompartimentais ajustados, feitos com grande número de leituras mais frequentes na fase inicial de produção de gases, apresentam maior qualidade de ajuste que os modelos de cinética de primeira ordem.

Tabela 5 - Avaliadores de qualidade dos modelos para os dez genótipos de *Arachis pintoii* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

GENÓTIPOS		GOMPERTZ		LOGÍSTICO		BRODY		VON BERTALANFFY		LOGÍSTICO BICOMP.	
		AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC
CHUVOSO	13251	88,48	91,32	101,43	104,26	96,51	99,34	84,07	86,91	63,32	67,57
	15121	85,79	88,62	98,79	101,62	97,47	100,31	82,42	85,25	58,92	63,17
	15598	86,19	89,02	100,44	103,28	102,90	105,74	83,38	86,22	63,56	67,81
	30333	82,24	85,07	95,95	98,78	92,20	95,03	77,70	80,54	59,75	64,00
	31135	86,54	89,37	100,09	102,92	98,78	101,61	82,87	85,70	62,27	66,52
	31496	83,04	85,88	96,94	99,78	96,27	99,10	79,53	82,36	60,78	65,03
	31534	87,17	90,00	101,48	104,31	103,25	106,08	84,49	87,32	64,06	68,31
	31828	86,48	89,31	101,27	104,10	100,58	103,41	82,55	85,38	65,83	70,07
	CVITA	88,02	90,86	102,57	105,40	104,72	107,55	85,28	88,11	65,05	69,30
	CVRIO	84,33	87,16	99,34	102,18	101,92	104,75	81,97	84,80	65,06	69,31
SECO	13251	89,29	92,12	105,78	108,61	93,97	96,80	80,81	83,64	71,98	76,23
	15121	92,82	95,65	109,10	111,93	94,97	97,81	83,68	86,51	75,66	79,91
	15598	88,04	90,87	104,57	107,40	95,95	98,79	80,49	83,33	70,22	74,47
	30333	89,25	92,08	104,93	107,76	92,84	95,67	81,15	83,99	70,81	75,06
	31135	89,25	92,08	105,60	108,44	88,15	90,98	79,55	82,38	73,52	77,76
	31496	87,37	90,21	104,56	107,39	91,14	93,97	77,75	80,59	73,16	77,41
	31534	90,08	92,92	107,16	109,99	94,40	97,23	80,65	83,48	75,09	79,34
	31828	89,05	91,88	105,38	108,21	92,96	95,79	80,32	83,15	73,32	77,57
	CVITA	90,43	93,26	106,57	109,41	95,23	98,06	82,44	85,27	71,94	76,19
	CVRIO	85,61	88,44	103,48	106,31	94,83	97,66	76,80	79,63	72,51	76,76

Na tabela 6 tem-se as estimativas dos parâmetros do modelo Logístico Bicompartimental nos dois períodos em estudo para os dez genótipos de *Arachis pintoii*.

As estimativas dos parâmetros foram significativas ($p < 0,05$), ou seja, os dados de produção acumulada de gases nos dez genótipos se ajustaram bem ao modelo Logístico Bicompartimental.

Tabela 6 - Estimativa dos parâmetros do modelo Logístico Bicompartimental para os dez genótipos de *Arachis pintoii* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

PERÍODO	GENÓTIPOS	ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS				
		$\hat{\alpha}_1$	$\hat{\alpha}_2$	k_1	k_2	λ
CHUVOSO	13251	45,731	89,128	0,018	0,071	4,529
	15121	41,420	89,290	0,019	0,074	4,360
	15598	48,291	93,443	0,018	0,067	5,462
	30333	39,746	75,023	0,017	0,069	4,839
	31135	45,339	89,690	0,018	0,070	4,779
	31496	41,211	84,642	0,017	0,066	4,773
	31534	50,155	101,625	0,018	0,065	4,913
	31828	50,843	94,779	0,018	0,066	5,008
	CVITA	51,341	105,965	0,018	0,068	4,882
	CVRIO	47,620	100,992	0,017	0,063	4,675
SECO	13251	67,154	97,185	0,025	0,080	3,578
	15121	77,519	95,027	0,025	0,082	4,040
	15598	63,686	95,435	0,023	0,074	3,947
	30333	63,647	85,877	0,023	0,080	4,159
	31135	70,564	86,962	0,025	0,082	3,482
	31496	70,254	85,856	0,022	0,072	3,995
	31534	75,817	92,391	0,023	0,074	4,133
	31828	67,157	87,468	0,022	0,073	4,313
	CVITA	68,701	97,033	0,022	0,074	3,881
	CVRIO	65,739	91,393	0,023	0,072	4,032

$\hat{\alpha}_1$ = Volume de gases produzido pela degradação da fração $A + B_1$ do sistema de Cornell (CNF);

$\hat{\alpha}_2$ = Volume de gases produzido pela degradação da fração B_2 do sistema de Cornell; K_1 = Taxa específica de produção de gases pela degradação da fração $A + B_1$ do sistema de Cornell (CNF); K_2 = Taxa específica de produção de gases pela degradação da fração B_2 do sistema de Cornell (CF); λ = Fase de latência.

Nas figuras 3 e 4 observa-se a representação gráfica das curvas estimadas da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) após 96 horas de inoculação no período de maior precipitação “período chuvoso” e menor precipitação “período seco” utilizando os parâmetros estimados do modelo Logístico Bicompartimental, para os dez genótipos de *Arachis pintoii*.

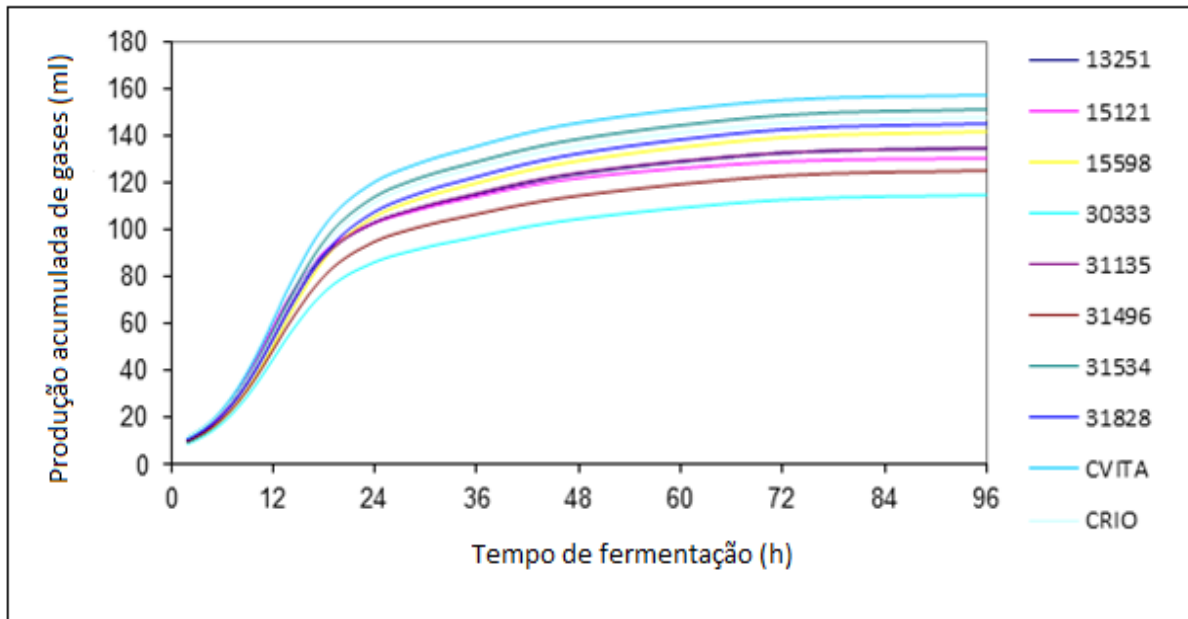


Figura 3 - Curvas estimadas da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) utilizando o modelo Logístico Bicompartimental em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba.

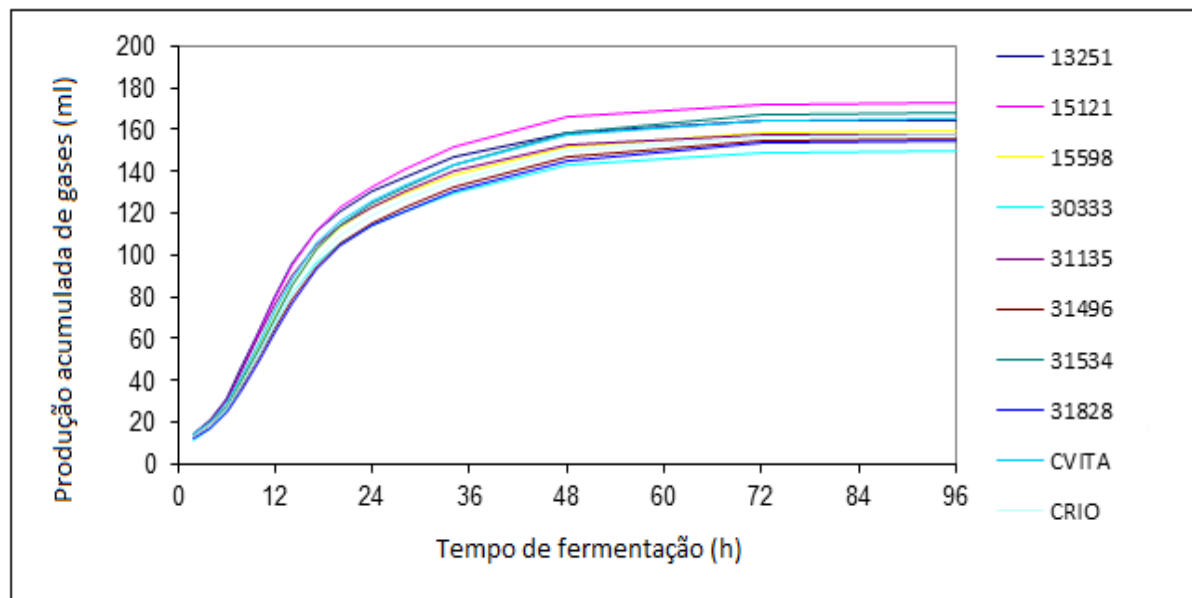


Figura 4 - Curvas estimadas da produção cumulativa de gases (ml/g de MS) utilizando o modelo Logístico Bicompartimental em diferentes tempos de fermentação (2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 34, 48, 72, 96 horas) de dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba.

Nas tabelas 7 e 8 são observados os resultados obtidos com a análise do coeficiente de correlação cofenética (CCC) entre a matriz de dissimilaridades genéticas e a matriz de valores cofenéticos nos dois períodos em estudo. Pode-se

observar que a maior correlação foi encontrada quando se utilizou o método de agrupamento de Ward com a distância euclidiana nos dois períodos, em que apresentou CCC de 0,79 no período de maior precipitação e CCC de 0,71 naquele de menor precipitação.

Tabela 7 - Coeficiente de correlação cofenética no período de maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

MÉTODOS DE AGRUPAMENTO	MEDIDAS DE PARECENÇA		
	DISTÂNCIA EUCLIDIANA	DISTÂNCIA EUCLIDIANA MÉDIA	DISTÂNCIA MAHALANOBIS
VIZINHO MAIS PRÓXIMO	0,67	0,66	0,69
VIZINHO MAIS DISTANTE	0,77	0,75	0,76
MÉDIAS DAS DISTÂNCIAS	0,77	0,73	0,76
CENTROIDE	0,57	0,65	0,73
WARD	0,79	0,72	0,77

Tabela 8 - Coeficiente de correlação cofenética no período de menor precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

MÉTODOS DE AGRUPAMENTO	MEDIDAS DE PARECENÇA		
	DISTÂNCIA EUCLIDIANA	DISTÂNCIA EUCLIDIANA MÉDIA	DISTÂNCIA MAHALANOBIS
VIZINHO MAIS PRÓXIMO	0,48	0,52	0,53
VIZINHO MAIS DISTANTE	0,62	0,58	0,61
MÉDIAS DAS DISTÂNCIAS	0,69	0,65	0,61
CENTROIDE	0,55	0,57	0,58
WARD	0,71	0,65	0,61

Na figura 5 são observados os resultados obtidos com a análise de agrupamento hierárquico realizado pelo método de Ward (1963), com base na

distância euclidiana e utilização do índice de Rand (1971) para a determinação do número de grupos no período chuvoso para os dez genótipos de *Arachis pintoi*. Através do índice de Rand (1971) foram estimados 4 grupos. O primeiro grupo foi formado pelos genótipos cv. Itabela, 31534, 31828 e cv. RIO; o segundo pelos genótipos 13251 e 31135; o terceiro pelos genótipos 30333 e 31496 e o quarto pelos genótipos 15121 e 15598. Através da análise do coeficiente de correlação cofenética (ccc) comprovamos que o método de agrupamento selecionado é adequado, pois obtivemos um valor de 0,79 de correlação.

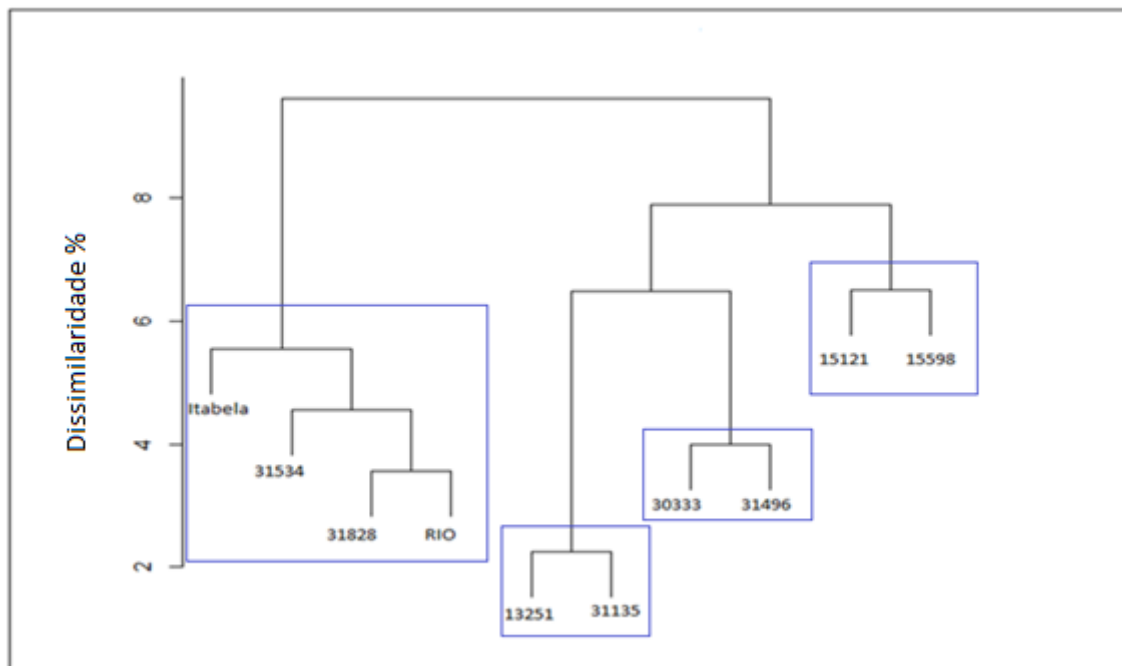


Figura 5 - Dendrograma de dissimilaridade genética dos dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-Ba

Podemos verificar algumas características dentro dos grupos formados na figura 5, em que o grupo formado pelos genótipos 13251 e 31135 foram aqueles que apresentaram a menor produção média de matéria verde e matéria seca. Já o grupo formado pelos genótipos 15121 e 15598 apresentaram a maior produção média de matéria verde e matéria seca entre os demais grupos. Em relação aos teores de fibra em detergente neutro o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 apresentaram os menores teores de FDN. Analisando os teores de fibra em detergente ácido, o grupo formado pelos genótipos 15121 e 15598 apresentaram os maiores teores desse componente. Em relação a proteína bruta, o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 foram os que apresentaram os maiores teores. Em relação a produção acumulada de gases, o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 foram os que

apresentaram a menor produção acumulada de gases após 96 horas de fermentação. Já o grupo formado pelos genótipos cv. Itabela, 31534, 31828 e cv. RIO apresentaram a maior produção acumulada de gases após 96 horas de fermentação.

Na figura 6 são observados os resultados obtidos com a análise de agrupamento hierárquico realizado pelo método de Ward (1963), com base na distância euclidiana e utilização do índice de Rand (1971) para a determinação do número de grupos no período seco para os dez genótipos de *Arachis pintoi*. Através do índice de Rand (1971) foram estimados 3 grupos. O primeiro grupo foi formado pelos genótipos 30333, 15121, 13251 e 31135; o segundo pelos genótipos 31828 e cv. Itabela e o terceiro pelos genótipos 15598, cv. RIO, 31496 e 31534. Através da análise do coeficiente de correlação cofenética (ccc) comprovou-se que o método de agrupamento selecionado foi adequado, pois obtive-se um valor de 0,71 de correlação.

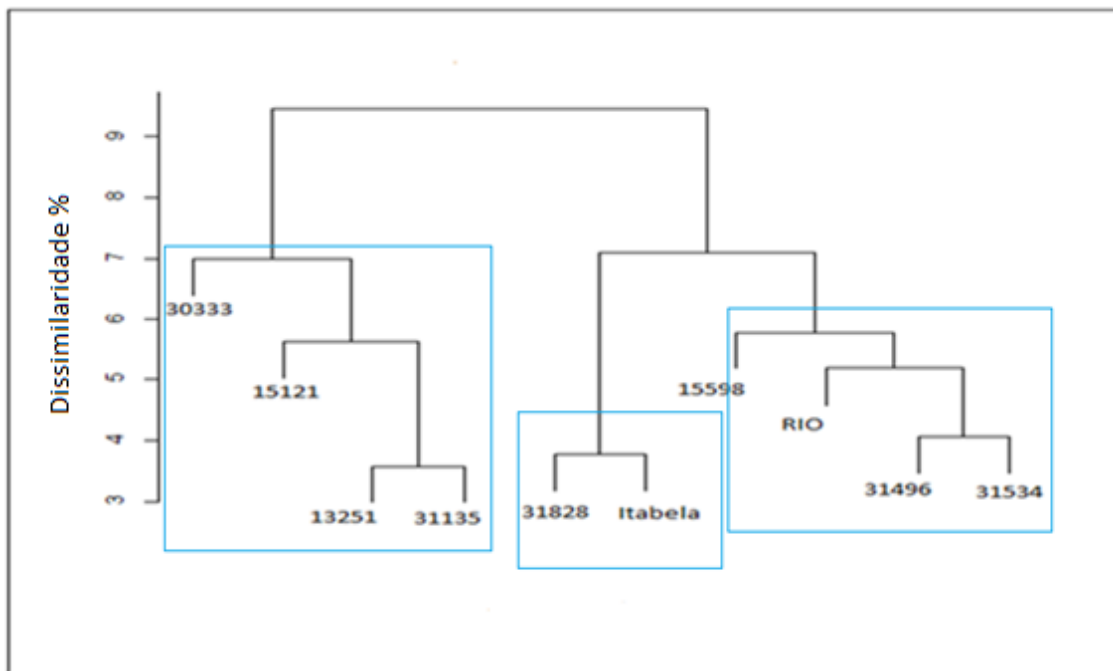


Figura 6 - Dendrograma de dissimilaridade genética dos dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-Ba.

Na figura 6, o grupo formado pelos genótipos 31828 e cv. Itabela foi o que apresentou a maior produção média de matéria verde, matéria seca e proteína bruta em comparação aos demais grupos. Já o grupo formado pelos genótipos 30333, 15121, 13251 e 31135 foi o que apresentou a menor produção média de matéria verde e matéria seca entre os grupos, além de apresentarem os menores teores de proteína bruta.

5. CONCLUSÕES

- O modelo Logístico Bicompartimental apresentou o melhor ajuste em relação aos demais modelos em estudo, sendo assim recomendado para descrever as curvas cumulativas de produção de gases nos genótipos de amendoim forrageiro *Arachis pintoi*.
- No período de maior precipitação pluviométrica os genótipos 15121 e 15598 apresentaram a maior produção média de matéria verde e matéria seca entre os demais genótipos. Em relação a proteína bruta os genótipos 30333 e 31496 foram os que apresentaram os maiores teores, sendo considerados de maior produtividade e de melhor valor nutritivo dentre os demais genótipos.
- No período de menor precipitação pluviométrica os genótipos 31828 e cv. Itabela foram os que apresentaram a maior produção média de matéria verde, matéria seca e proteína bruta dentre os genótipos avaliados, sendo considerados de maior produtividade e de melhor valor nutritivo para alimentação de ruminantes, dentre os genótipos avaliados.

6. REFERÊNCIAS

- ABREU, V.M.N.; SILVA, M. de A. e; CRUZ C.D.; FIGUEIREDO, É.A.P. de; ABREU, P.G. de. Desempenho e Predição de Híbridos e Análise de Agrupamentos de características de Matrizes de Frangos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 2, p. 617-626, 2002.
- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, Boston, v.19, n.16, 1974. 716-723p.
- ALBUQUERQUE, M. A. **Estabilidade em análise de agrupamento (cluster analysis)**. 2005. 65f. Dissertação (Mestrado em Biometria) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE.
- ARGEL, P. J., PIZARRO, E. A. Germplasm case study: *Arachis pintoi*. In: **Pasture for the Tropical Lowlands: CIAT's Contribution**. Cali, Colombia: CIAT, 1992. p.57-73.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS – AOAC. 1990. **OFFICIAL METHODS OF ANALYSIS**. 15. ed., Arlington, Virginia. 1117p.
- BARROSO, L.P.; ARTES, R. Análise multivariada. In: SEAGRO – SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA A EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 10., RBRAS – REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 48., 2003, Lavras. **Minicurso** ... Lavras: UFLA, 2003. 156p.
- BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. New York: Wiley series in probability e mathematical statistics, p. 365, 1988.
- BURNHAM, K.P.; ANDERSON, D.R. Multimodel Inference: Understanding AIC and BIC in Model Selection. **Sociological methods & research**, v.33, n.2, p.261-304, Nov. 2004.
- BUSSAD, W. de O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: ABE, 1990. 105p.
- CAVALI J.; VALENTIM, J. F.; GOMES, S. E. S.; ANDRADE, C. M. S. de. Produção de matéria seca de amendoim forrageiro sob diferentes alturas e intervalos de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, PE. **Anais...**Recife, SBZ, 2002. CD-ROM.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 4 ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1.
- DRAPER, N. R.; SMITH, H. **Applied regression analysis**. 3. ed. New York: J. Wiley, 1998. 697 p.
- FITZHUGH Jr., H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shapes. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.42, n.4, p.1036-1051, Apr.1976.
- FONDEVILA, M.; BARRIOS, A. The gas production technique and its application to the study of the nutritive value of forages. **Cuban Journal of Agricultural Science**, v. 35, p. 187-196, 2001.

FREITAS, A.R.de. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.

GREGORY, W. C.; KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, M. P. Structure, variation, evolution and classification in *Arachis*. In: SUMMERFIELD, R.J.; BUNTING, A.H. (eds.). **Advances in Legume Science**. Surrey, England: Royal Botanical Garden 1980. p. 468-481.

GROOT, J.C.J. et al. Multiphasic analysis of gas production kinetics for in vitro fermentation of ruminant feeds. **Animal Feed Science and Technology**, v. 64, p. 77-89, 1996.

HAIR JR.. J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK W.C. **Análise Multivariada de Dados**. Tradução de A.S. Sant'anna e A. Cloves Neto, 5. ed. Porto Alegre: Bookman, 2006. 593 p.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, 2002. 767p.

KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. **Taxonomy of the genus Arachis (leguminosa)** Bonplandia 8, 1994. p.1-186.

MACHADO, A. N.; SIEWERDT, L.; FERREIRA, O. G. L.; AFFONSO, A. B. Níveis de fósforo e potássio na produção de amendoim forrageiro (*Arachis pintoï*) em campo natural, RS. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41, Campo Grande, MS. **Anais...Campo Grande, SBZ**, 2004. CD-ROM.

MAURICIO, R. M.; MOULD, F. L.; DHONOA, M. S. A semi-automated in vitro gas production technique for ruminants feedstuff evaluation. **Animal feed science technology**, v.79, p.321-330, 1999.

MAURÍCIO, R. M., PEREIRA, L. G.R.; GONÇALVES, L. C.; et al. Obtenção da equação quadrática entre volume e pressão para a implantação da técnica "in vitro" semi-automática de produção de gás para avaliação de forrageiras tropicais. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38, Piracicaba, SP. **Anais...Piracicaba, SBZ**, 2001. p.1345-1346.

MAZZINI, A. R. A.; MUNIZ, J. A.; SILVA, F. F.; AQUINO, L. H. Análise da curva de crescimento de machos Hereford. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 5, p. 1105-1112, set./out. 2003.

MEIRELLES, P. R. de L.; MOCHIUTTI, S. Avaliação agronômica de *Arachis* spp. para produção de forragem no Amapá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39, Recife, PE. **Anais...Recife, SBZ**, 2002. CD-ROM.

MENDES, P. N. **Curvas de crescimento difásicas de fêmeas hereford com erros auto regressivos e heterogeneidade de variâncias**, 2007. 98p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MINGOTI, S.A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 295p.

MOITA NETO, J.M. **Estatística multivariada - uma visão didática-metodológica**. 2004. Disponível em: <http://criticanarede.com/cien_estatistica.html>. Acesso em: 15 jun. 2016.

OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1843-1851, set. 2000.

PEREIRA, L. V.; ANDRADE, R. P. de; KARIA, C. T. Efeitos do pericarpo e do tratamento de sementes no estabelecimento de *Arachis pintoi*. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, Fortaleza, CE. **Anais...Fortaleza, SBZ**, 1996. p.392-394.

PELL, A.N.; MOLINA, D.O.; SCHOFIELD, P. Measurement of gas production in vitro. In: DEAVILLE, E.; WILLIAMS, B.A.; CONE, J.; TAMMINGA, S.; GIVENS, D.I. (Ed.). **Gas production: fermentation kinetics for feed evaluation and to assess microbial activity**. Wageningen: BSAS, 2000, p. 1-12.

RAND, W. M.. Objective criteria for the evaluation of clustering methods. **Journal of the American Statistical Association**, v. 66, n. 336, p. 846-850, 1971.

SCHABENBERGER, O.; F.J. **Contemporary Statistical Models for the Plant and Soil Sciences**. Boca Raton: CRC Press, 2002. 738p.

SCHOFIELD, P.; PITT, R. E.; PELL, A. N. Kinetics of fiber digestion from in vitro gas production. **Journal of Animal Science**, v. 72, n. 11, p. 2980-2991, 1994.

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

SILVA, N. A. M., LIMA, R. R., SILVA, F. F. E., AQUINO, L. H., MUNIZ, J. A. Modelo Hierárquico Bayesiano aplicado na avaliação genética de curvas de crescimento de bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e zootecnia.**, v.62, n.2, p.647-654, 2010.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F. F.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PETERNELLI, L.A.; SOUZA Jr, A.A.O. Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte. In: 54ª RBRAS (Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria) e 13º SEAGRO (Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agrônômica), 2009, São Carlos-SP. Anais da 54ª RBRAS e 13º SEAGRO. São Carlos-SP: UFScar, 2009.

VALENTIM, J. F.; CARNEIRO, J. da C.; VAZ, F. A.; SALES, M. F. L. Velocidade de estabelecimento de acesso de amendoim forrageiro nas condições ambientais do Acre. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38, Piracicaba, SP. **Anais...Piracicaba, SBZ**, 2001. CD-ROM.

VAN SOEST, P.J.; ROBERTSON, J. B.; LEWIS, B. A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarter polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal of dairy science**, v.74, n.10, p.3583-3597, 1991.

WARD, J. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.