

Avaliação nutricional de genótipos de Amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*) por técnicas multivariadas

Avaluation nutritional of forage peanut (*Arachis pintoi*) genotypes by multivariate techniques

Evaluación nutricional de los genotipos del maní forrajero (*Arachis pintoi*) mediante técnicas multivariantes

Recebido: 26/06/2020 | Revisado: 09/07/2020 | Aceito: 14/07/2020 | Publicado: 19/07/2020

Antônio Guedes Correa Gondim Filho

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7084-8694>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: antonio.ebserh@gmail.com

Guilherme Rocha Moreira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6344-1151>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: guirocham@gmail.com

Frank Gomes - Silva

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3481-3099>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: franksinatrags@gmail.com

Moacyr Cunha Filho

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3466-8143>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: moacyr2006@gmail.com

Diego Alves Gomes

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2108-4672>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: diegoalvesestatistica@gmail.com

Alexandre Lima Ferreira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4297-8889>

Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil

E-mail: axellfire@gmail.com

Maria Lindomárcia Leonardo da Costa

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1345-0169>

Universidade Federal da Paraíba, Brasil

E-mail: lindomarciacosta@gmail.com

Denise Stéphanie de Almeida Ferreira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5150-9331>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: denialmeida@gmail.com

Nélio Cunha Gonçalves

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2327-4795>

Universidade Federal de Minas Gerais, Brasil

E-mail: goncalvesveter@gmail.com

Silas Primola Gomes

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0577-1563>

Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Brasil

E-mail: silas.primola@unilab.edu.br

Patrícia Guimarães Pimentel

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6037-5232>

Universidade Federal do Ceará, Brasil

E-mail: pgpimentel@hotmail.com

André Luiz Pinto dos Santos

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7703-2102>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: andrefensor@hotmail.com

Lucas Silva do Amaral

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1096-3241>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: lucasihua@gmail.com

Resumo

Com o objetivo avaliar se o período (seco- chuvoso) interfere no valor nutricional e selecionar o melhor modelo que descrever os valores dos gases acumulados em dez genótipos de amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*): 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, cv. Itabela e cv. RIO em duas épocas (período seco e período chuvoso). O delineamento

experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com dez tratamentos (genótipos) e três repetições. Avaliou-se: a produção de matéria seca kg ha^{-1} ; os teores de proteína bruta, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, proteína insolúvel em detergente ácido e produção acumuladas de gases ajustadas aos modelos: Gompertz, Logístico, Brody, Von Bertalanffy e o Logístico Bicompartimental. A qualidade de ajuste dos modelos foi medida por meio do quadrado médio do resíduo (QMR), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e coeficiente de determinação ajustado (R_a^2). 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. O melhor modelo ajustado para ambos os genótipos foi o modelo Logístico Bicompartimental, por apresentar menor AIC e BIC.

Palavras-chave: Análise multivariada; *In Vitro*; Logístico bicompartimental; Modelos não lineares.

Abstract

In order to evaluate if the period (rainy season) interferes in the nutritional value and select the best model that describes the accumulated gas values in ten genotypes of fodder peanuts (*Arachis pintoi*): 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, cv. Itabela and cv. RIO in two seasons (dry season and rainy season). The experimental design used was that of random blocks, with ten treatments (genotypes) and three repetitions. It was evaluated: the production of dry matter kg ha^{-1} ; the contents of crude protein, fiber in neutral detergent, fiber in acid detergent, insoluble protein in acid detergent and accumulated production of gases adjusted to the models: Gompertz, Logístico, Brody, Von Bertalanffy and Logístico Bicompartimental. The fitting quality of the models was measured by means of the mean square of the residue (QMR), Akaike information criterion (AIC), Bayesian information criterion (BIC) and adjusted determination coefficient (R_a^2). The multivariate analysis used was the analysis of groupings with cofenetic correlation coefficient and the Rand index to check the quality of the fit and the quantity of groups. In the period of greater rainfall the genotypes 15121, 15598, 30333 and 31496 were considered those of better productivity and nutritional value. In the period of lower rainfall, genotypes 31828 and Itabela stood out as the best

genotypes. The best adjusted model for both genotypes was the Logistic Bicomportamental model, for presenting lower AIC and BIC.

Keywords: Multivariate analysis; *In Vitro*; Bicompartamental logistics; Non-linear models.

Resumen

Para evaluar si el período (estación de lluvias) interfiere en el valor nutritivo y seleccionar el mejor modelo que describa los valores de gas acumulados en diez genotipos de maní forrajero (*Arachis pintoi*): 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, cv. Itabela y cv. RIO en dos estaciones (estación seca y estación de lluvias). El diseño experimental utilizado fue el de bloques aleatorios, con diez tratamientos (genotipos) y tres repeticiones. Se evaluó: la producción de materia seca kg ha^{-1} ; el contenido de proteína bruta, fibra en detergente neutro, fibra en detergente ácido, proteína insoluble en detergente ácido y la producción acumulada de gases ajustada a los modelos: Gompertz, Logístico, Brody, Von Bertalanffy y Logístico Bicompartimental. La calidad de ajuste de los modelos se midió mediante el cuadrado medio del residuo (QMR), el criterio de información Akaike (AIC), el criterio de información Bayesiana (BIC) y el coeficiente de determinación ajustado (R_a^2). El análisis multivariado utilizado fue el análisis de agrupaciones con coeficiente de correlación cofinética y el índice Rand para comprobar la calidad del ajuste y la cantidad de grupos. En el período de mayores precipitaciones se consideraron los genotipos 15121, 15598, 30333 y 31496 como los de mayor productividad y valor nutritivo. En el período de menor precipitación, los genotipos 31828 e Itabela se destacaron como los mejores genotipos. El modelo mejor ajustado para ambos genotipos fue el modelo Logístico Bicomportamental, para presentar AIC y BIC inferiores.

Palabras clave: Análisis multivariado; *In Vitro*; Logística bicompartimental; Modelos no lineales.

1. Introdução

A principal fonte de alimento utilizada na alimentação de bovinos, nas condições brasileiras, são os pastos, forma prática e de menor custo que os pecuaristas encontram para alimentar seu rebanho. Um grande desafio à pecuária nacional é o da obtenção de estabilidade produtiva, de forma satisfatória, dos pastos, que sejam compatíveis com clima e condições físico-químicas do solo (Macedo & Araújo, 2019). Deste modo, alcançar uma produção sustentável das pastagens fica cada vez mais difícil. No período de seca, uma das formas de

amenizar a baixa produção de matéria seca e a queda do valor nutritivo das pastagens brasileiras é a incorporação de leguminosas nas pastagens (Bourscheidt et al., 2019).

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 fornecida aos bovinos (Terra et al., 2019).

A espécie *Arachis pintoi*, 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, Krapovickas, & Gregory, 1980).

No Brasil a leguminosa *Arachis pintoi* tem apresentado bons resultados nas avaliações agronômicas e nutricionais. As pesquisas são realizadas para identificar e escolher o melhor genótipo (Ferreira et al., 2012a; Ferreira et al., 2012b)

Modelos de regressão não lineares, desenvolvidos empiricamente, têm-se mostrado adequados para descrever curvas de crescimento. Esses modelos apresentam parâmetros com interpretação biológica e assim possibilitam maior entendimento a respeito do processo. A literatura apresenta vários modelos para descrever curvas de crescimento, entre estes modelos, os mais utilizados são, Logístico (Nelder, 1961), Von Bertalanffy (Von Bertalanffy, 1957), Gompertz (Laird, 1996), Brody (Brody, 1945), Logístico Bicompartimental e Richards (Richards, 1959). Sendo que cada um desses modelos apresenta suas vantagens e desvantagens sob o ponto 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 permitem indicar estatisticamente o melhor modelo.

Análises de agrupamentos têm sido empregadas com frequência e podem ser encontrados na literatura Silva et al. (2015) e Alves et al. (2015), na visualização e interpretação, com base em caracteres nutricionais e agronômicos de genótipos de leguminosas forrageira.

O presente estudo teve por objetivo avaliar o valor nutricional de genótipos de amendoim forrageiro utilizando as técnicas de regressão não linear e análise de agrupamentos.

2. Metodologia

Dados

De acordo com Pereira et al., (2018) a presente pesquisa se classifica como pesquisa exploratória de natureza quantitativa. Foram utilizados dez genótipos de *Arachis pintoi*: 13251, 15121, 15598, 30333, 31135, 31496, 31534, 31828, cv. Itabela e cv. RIO cultivados e colhidos na estação de Zootecnia da Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (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, 1350 mm de chuva e sem estação seca definida. As plantas foram colhidas em duas épocas (período seco - abril a setembro e período chuvoso - outubro a março) em canteiros com área total de 4 m² e área útil de 1 m² e pesados no local para a determinação da produção matéria seca por hectare, esses valores estão descritos na Tabela 1.

Tabela 1. Produção de matéria seca por hectare (PMS), matéria seca (MS), matéria mineral, proteína bruta, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido e proteína indigestível em detergente ácido.

Período	GEN	PMS	MS (%)	PB	FDN	FDA	PIDA
SECO	CVITA	2158,0	23,3	26,5	53,4	26,7	12,5
	CVRIO	1665,0	23,9	27,0	54,0	32,1	11,6
	13251	1234,0	24,0	23,8	50,5	30,9	11,6
	15121	994,0	26,4	23,7	51,3	27,4	9,3
	15598	1019,0	24,7	26,2	50,7	30,9	10,4
	30333	1948,0	21,8	24,6	54,7	28,8	9,1
	31135	1220,4	23,8	25,5	51,6	27,8	9,6
	31496	1524,9	24,4	25,2	54,5	26,9	11,1
	31534	1530,0	27,1	23,3	53,5	27,7	10,7
	31828	2094,0	23,9	25,3	53,7	27,9	11,2
CHUVA	CVITA	3439,0	16,9	23,5	53,0	36,7	12,5
	CVRIO	2345,0	18,0	23,7	54,2	38,8	12,2
	13251	1478,0	16,5	25,4	54,8	38,9	12,9
	15121	2865,0	15,9	24,6	53,2	41,1	12,9
	15598	3289,0	16,1	23,6	54,4	41,6	11,8
	30333	1807,0	16,8	26,4	52,6	36,3	12,7
	31135	1417,1	16,6	24,8	55,5	38,7	12,6
	31496	2436,0	16,1	26,0	50,2	38,2	13,4
	31534	2534,0	17,9	25,0	55,3	37,2	15,5
	31828	2381,0	17,0	25,1	53,8	38,2	13,7

Fonte: Autores.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com dez tratamentos (genótipos) e três repetições. Na fase laboratorial, amostras foram secas em estufa a 55 °C por 72 horas e processadas em moinho com peneira de crivos de 1 mm. Em seguida, se deu a determinação dos valores de matéria pré-seca, matéria seca (MS) a 105°C e proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e proteína insolúvel em detergente ácido (PIDA), segundo Silva & Queiroz (2002).

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 teor de PB de 220 g kg⁻¹ de MS. 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 como $V = 0,051P^2 + 4,43P - 0,004$ Em que V é Volume de gases (ml) e P é Pressão em polegadas por cm^2 .

Modelos não lineares

Um modelo é dito não linear quando este não é linear em relação aos seus parâmetros e mesmo utilizando transformações não é possível 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:

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

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, Mendes (2007); Silva, Lima, Silva & Muniz (2010), os modelos da família Richards (Brody, Von Bertalanffy,

Logístico, Gompertz e Logístico Bicompartimental) são os mais utilizados para descrever o crescimento, logo esses modelos serão utilizados para descrever os volumes acumulados de gases e são apresentados na Tabela 1.

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 versão 3.4.0.

Critério para seleção de modelo

Os critérios utilizados para selecionar o modelo que melhor descreve a curva de crescimento foram:

a. O quadrado médio do resíduo (QMR) é calculado dividindo-se a soma de quadrados do resíduo pelos graus de liberdade do resíduo $n - p$, isto é,

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

b. Critério de informação de Akaike (1974) – AIC e o Critério de Informação Bayesiano – BIC (Schwarz, 1978), definidos por:

$$AIC = n + n \log(2\pi) + n \log\left(\frac{SQ_{res}}{n}\right) + 2(p + 1) \quad (3)$$

$$BIC = n + n \log(2\pi) + n \log\left(\frac{SQ_{res}}{n}\right) + (\log n)(p + 1). \quad (4)$$

Segundo Albuquerque (2003), os critérios de AIC e BIC impõem penalidade de acordo com o número de parâmetros a serem estimados.

c. O coeficiente de determinação ajustado: Uma vez que o coeficiente de determinação R^2 aumenta à medida que se adiciona uma nova variável ao modelo matemático, uma alternativa

para corrigir esse problema quando se compara funções com diferentes números de parâmetros é utilizar como critério o coeficiente de determinação ajustado calculado na equação (4):

$$R_a^2 = R^2 - \frac{p-1}{n-p} (1 - R^2). \quad (5)$$

Para os itens anteriores nas equações (1.2) e (1.3): SQ_{res} é a soma de quadrados dos resíduos definida por $SQ_{res} = \sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - y_i)^2$; y_i é o peso observado; \hat{y}_i o peso estimado (previsão) de y_i ; n o número de observações e p o número de parâmetros livres do modelo. Adotou-se que o melhor modelo ajustado é aquele que apresenta menores valores para QMR, AIC, BIC e maior valor para R_a^2 .

Análise de agrupamento, Coeficiente de correlação Cofenética e Índice de Rand

Em uma etapa seguinte esses dados foram submetidos à análise de agrupamento, utilizando o software livre R versão 3.4.0 para obter os resultados. A maximizando a homogeneidade de objetos dentro dos grupos e ao mesmo tempo maximizar a heterogeneidade entre os grupos.

Para aplicação da análise de agrupamentos foram utilizadas as variáveis: produção de matéria seca kg ha^{-1} , proteína bruta, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido e proteína insolúvel em detergente ácido. Adicionalmente, foram utilizados os parâmetros do modelo que melhor se ajustou aos dados de produção acumulada de gases.

O processo de agrupamento foi realizado 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 (1963).

Foi calculado o coeficiente de correlação cofenético (CCC) 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, utilizou-se o índice de Rand ajustado (Hubert, & Arabie, 1985) para determinação do número de grupos, objetivando reunir os modelos de forma que exista

heterogeneidade entre e homogeneidade dentro dos grupos de acordo com os valores dos avaliadores.

3. Resultados e Discussão

A qualidade de ajuste dos modelos foi medida por meio de dois avaliadores de qualidade AIC e BIC, os avaliadores de qualidade QMR e R_a^2 não foram utilizados, pois não apresentaram uma diferença significativa, quando comparados os cinco modelos em estudo. Os valores de AIC e BIC utilizados para avaliar o modelo que melhor descreveu a curva cumulativa de gases estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Modelos de crescimento utilizados para ajustar os volumes acumulados de gases.

Modelos	
Logístico (NELDER, 1961)	$W(t) = \frac{\alpha}{1 + \beta e^{-kt}} + \varepsilon$
Von Bertalanffy (BERTALANFFY, 1957)	$W(t) = \alpha(1 - \beta e^{-kt})^3 + \varepsilon$
Brody (BRODY, 1945)	$W(t) = \alpha(1 - \beta e^{-kt}) + \varepsilon$
Gompertz (LAIRD, 1996)	$W(t) = \alpha e^{-\beta e^{-kt}} + \varepsilon$
Logístico Bicompartimental	$W(t) = \frac{\alpha_1}{1 + e^{[2-4k_1(t-\lambda)]}} + \frac{\alpha_2}{1 + e^{[2-4k_2(t-\lambda)]}} + \varepsilon$

Fonte: Autores.

Pode-se observar que, para os períodos seco e chuvoso, o modelo Logístico bicompartimental apresentou os menores valores dos avaliadores de qualidade (AIC e BIC), seguido pelos modelos Von Bertalanffy e Gompertz, logo foi selecionado como o melhor modelo para estimar a produção acumulada de gases dos genótipos de *Arachis pintoi*. Esses resultados estão de acordo com (Santos et al., 2019) os quais observaram que os modelos multicompartimentais ajustados, apresentam maior qualidade de ajuste que os modelos de cinética de primeira ordem.

Na Tabela 3, tem-se as estimativas dos parâmetros do modelo Logístico Bicompartimental nos dois períodos em estudo para os dez genótipos de *Arachis pintoi*. As estimativas dos parâmetros foram significativas ($p < 0,05$). Ainda na Tabela 3 é possível ver que os dados de produção acumulada de gases, nos dez genótipos, se ajustaram bem ao modelo Logístico Bicompartimental,

Tabela 3. Avaliadores de qualidade dos modelos para os dez genótipos de *Arachis pintoi* nos períodos de menor precipitação e maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

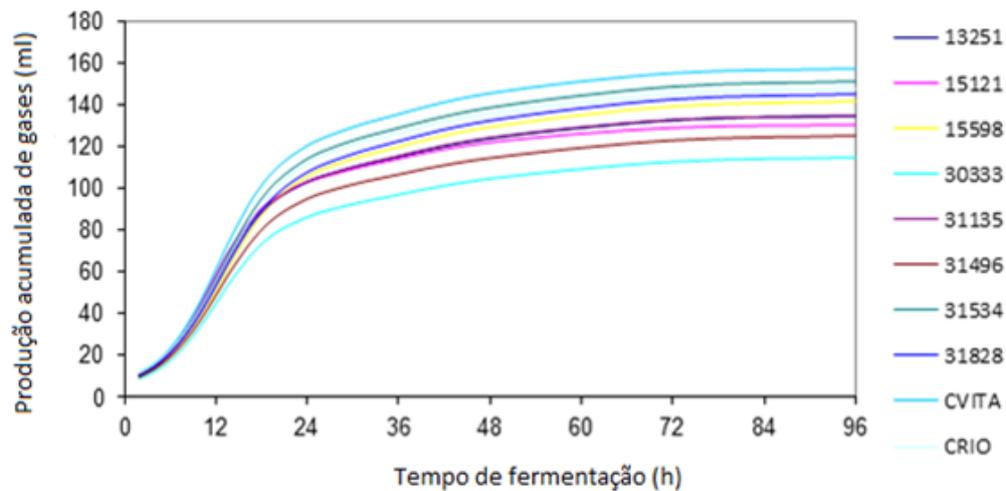
Genótipos		Gompertz		Logístico		Brody		Von Bertalanffy		Logístico Bicompartimental.	
		AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC	AIC	BIC
CHUVOSO	13251	88,48	91,32	101,43	104,26	96,51	99,34	84,07	86,91	63,32	67,57
	15121	85,79	88,62	98,79	101,62	97,47	100,31	82,42	85,25	58,92	63,17
	15598	86,19	89,02	100,44	103,28	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
	cv. ITA	88,02	90,86	102,57	105,40	104,72	107,55	85,28	88,11	65,05	69,30
	cv. RIO	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
	cv. ITA	90,43	93,26	106,57	109,41	95,23	98,06	82,44	85,27	71,94	76,19
	cv. RIO	85,61	88,44	103,48	106,31	94,83	97,66	76,80	79,63	72,51	76,76

Fonte: Autores.

Nas Figuras 1 e 2, observa-se a representação gráfica das curvas estimadas da produção cumulativa de gases (mL g^{-1} de MS) após 96 horas de inoculação no período de maior

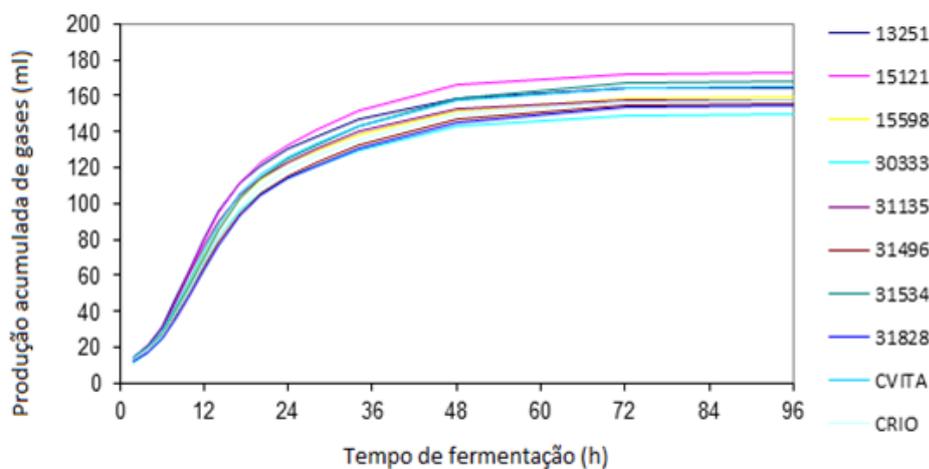
precipitação “período chuvoso” e menor precipitação “período seco” utilizando os parâmetros estimados do modelo Logístico Bicompartimental, para os dez genótipos de *Arachis pintoi*.

Figura 1. Curvas estimadas da produção cumulativa de gases (mL g^{-1} 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.



Fonte: Autores.

Figura 2. 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.



Fonte: Autores.

Nas Tabelas 4 e 5 estão os resultados obtidos com a análise do 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 4. Coeficiente de correlação cofenética no período de maior precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

Métodos de agrupamento	Medidas de pareceça		
	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

Fonte: Autores.

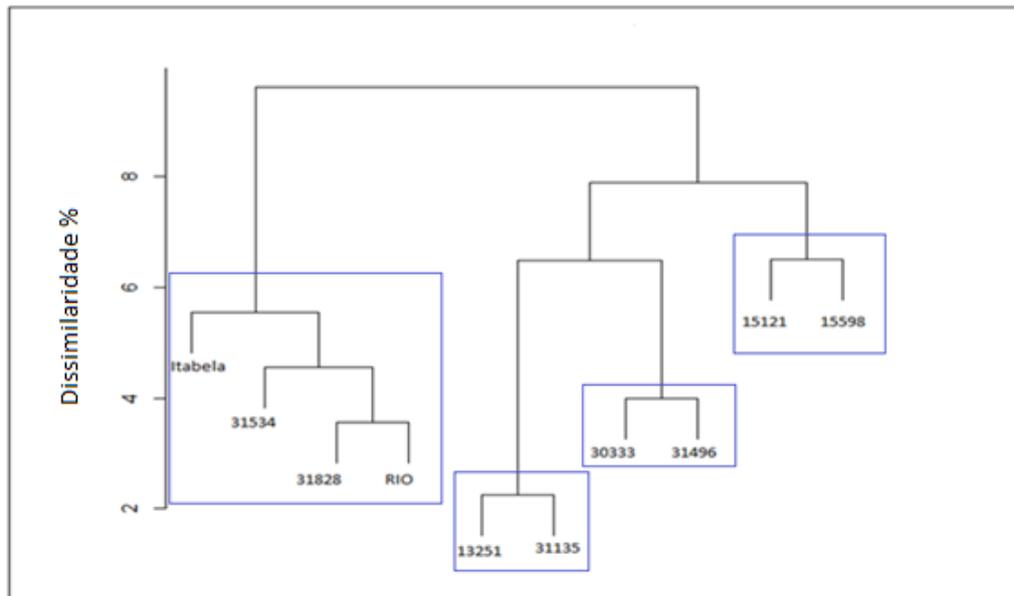
Tabela 5. Coeficiente de correlação cofenética no período de menor precipitação pluviométrica em Itabela – BA.

Métodos de agrupamento	Medidas de pareceça		
	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

Fonte: Autores.

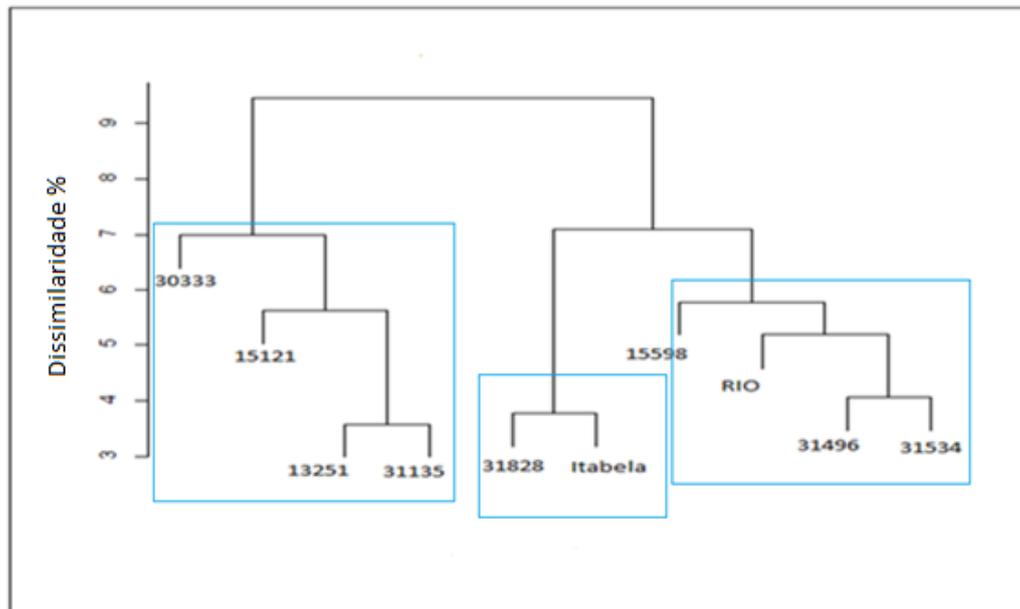
Nas Figuras 3 e 4, observam-se os resultados obtidos com a análise de agrupamento hierárquico realizado pelo método de Ward (1963), com base na distância euclidiana e utilização do índice de Rand (1971) para a determinação do número de grupos nos períodos chuvoso e seco para os dez genótipos de *Arachis pintoi*.

Figura 3. Dendrograma de dissimilaridade genética dos dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de maior precipitação em Itabela-BA.



Fonte: Autores.

Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade genética dos dez genótipos de *Arachis pintoi* no período de menor precipitação em Itabela-BA.



Fonte: Autores.

No período Chuvoso 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.

Já no período seco 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.

Pode-se verificar algumas características dentro dos grupos formados na Figura 3, em que o grupo formado pelos genótipos 13251 e 31135 foram aqueles que apresentaram a menor produção de matéria seca kg ha^{-1} . Já o grupo formado pelos genótipos 15121 e 15598 apresentaram a maior produção de matéria seca kg ha^{-1} entre os demais grupos (Tabela 1).

Em relação aos teores de fibra em detergente neutro o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 apresentaram os menores teores de FDN. Em relação aos teores de fibra em detergente ácido, o grupo formado pelos genótipos 15121 e 15598 apresentaram maiores teores desse componente (Tabela 1). Em relação a proteína bruta, o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 foram os que apresentaram maiores teores.

Em relação a produção acumulada de gases, o grupo formado pelos genótipos 30333 e 31496 foram os que apresentaram menor produção acumulada de gases após 96 horas de fermentação.

Já o grupo formado pelos genótipos cv. Itabela, 31534, 31828 e cv. RIO apresentaram maior produção acumulada de gases após 96 horas de fermentação (Tabela 1).

Na Figura 4, observam-se 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 CCC, comprovou-se que o método de agrupamento selecionado foi adequado, pois obtive valor de 0,71 de correlação.

Na Figura 4, observa-se que o grupo formado pelos genótipos 31828 e cv. Itabela apresentou maior produção média de matéria seca e proteína bruta em comparação aos demais grupos. Já o grupo formado pelos genótipos 30333, 15121, 13251 e 31135 apresentaram menor produção.

4. Considerações Finais

O modelo Logístico Bicompartimental apresenta 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*.

Os genótipos avaliados apresentaram diferentes características nutricionais o que acarreta diferentes agrupamentos. O período de avaliação (seco- chuvoso) influencia o valor nutricional e consequentemente a formação dos grupos.

Referências

Akaike, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19 (16), 716-723.

Albuquerque, L. G. (2003). Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore.

Alves, B. M., Cargnelutti Filho, A., Burin, C., Toebe, M., & da Silva, L. P. D. (2015). Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. *Ciência Rural*, 45(5), 884-891.

Bates, D. M., & Watts, D. G. (1988). *Nonlinear regression analysis and its applications. series in probability e mathematical statistics*. New York, NY: Wiley.

Bourscheidt, M. L. B., Pedreira, B. C., Pereira, D. H., Zanette, M. C., & Devens, J. (2019). Estratégias de fornecimento de nitrogênio em pastagens: fertilizante mineral, inoculante bacteriano e consórcio com amendoim forrageiro. *Scientific Eletronic Archives*, 12 (3), 137-147.

Draper, N. R., & Smith, H. (1998). *Applied regression analysis*. New York, NY: J. Wiley.

Santos C, Í., Azevêdo, J. A. G., dos Santos Pina, D., Pereira, L. G. R., Fernandes, H. J., de Almeida, F. M., Souza, L. L, de Lima, F. H., & Cirne, L. G. A. (2019).

Ferreira, A. L., Maurício, R. M., Pereira, L. G. R., Azevêdo, J. A. G., Oliveira, L. S., & Pereira, J. M. (2012) a. Nutritional divergence in genotypes of forage peanut. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 41(4), 856-863. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982012000400005>.

Ferreira, A. L., Maurício, R. M., Fernandes, F. D., Carvalho, M. A., Ramos, A. K. B., & Junior, R. G. (2012) b. Ranking contrasting genotypes of forage peanut based on nutritive value and fermentation kinetics. *Animal feed science and technology*, 175(1-2), 16-23.

Doi: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2012.03.024>

Gregory, W. C., Krapovickas, A., & Gregory, M. P. (1980). Structure, variation, evolution and classification in *Arachis*. England: Royal Botanical Garden. 468 - 481.

Hubert, L.J., & Arabie P. (1985). Comparing partitions, *Journal of Classification*, 2(1), 193–218. Doi: <https://doi.org/10.1007/BF01908075>.

Maurício, R. M., Pereira, L. G., Gonçalves, L. C., Rodriguez, N. M., Borges, A., Borges, I., ... & Jayme, C. G. (2001). 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. Anais da Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Piracicaba, SP, 38, 1340-1341.

Mauricio, R. M., Mould, F. L., Dhanoa, M. S., Owen, E., Channa, K. S., & Theodorou, M. K. (1999). A semi-automated in vitro gas production technique for ruminant feedstuff evaluation. *Animal Feed Science and Technology*, 79 (4), 321-330. Doi: [https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(99\)00033-4](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(99)00033-4).

Mendes, P. N. (2007). Curvas de crescimento difásicas de fêmeas hereford com erros auto regressivos e heterogeneidade de variâncias. Dissertação de mestrado em Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.

Pereira, A. S., Shitsuka, D. M., Parreira, F. J., & Shitsuka, R. (2018). Metodologia da pesquisa científica. Editora UAB/NTE/UFMS, Santa Maria/RS. Disponível em:
http://repositorio.ufsm.br/bitstream/handle/1/15824/Lic_Computacao_Metodologia-PesquisaCientifica.pdf?sequence=1

Purcino, H. M., Viana, M. C. M., freire, F. M., Macedo, G. A., Marriel, I. E., & Mendes, I. C. (2004). Avaliação da cobertura do solo com arachis pintoii como fonte de nitrogênio para produção de milho.

Rand, W. M. (1971). Objective criteria for the evaluation of clustering methods. *Journal of the American Statistical association*, 66(336), 846-850.

Schwarz, G. (1978). Estimating the dimension of a model. *The annals of statistics*, 6(2), 461-464.

Silva, D. J., & Queiroz, A. C. (2002). *Análise de alimentos (métodos químicos e biológicos)*. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa.

Silva, K. C. L., da Silva, K. P., de Carvalho, E. V., Rotilli, E. A., Afféri, F. S., & Peluzio, J. M. (2015). Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em

cobertura. Revista Agro@mbiente On-line, 9(2), 102-110. Doi: <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v9i2.2142>

Terra, A. B. C., Florentino, L. A., & de Rezende, A. V. (2019). Leguminosas forrageiras na recuperação de pastagens no Brasil. Revista de Ciências Agrárias, 42(2), 305-313. Doi: <https://doi.org/10.19084/rca.16016>.

Porcentagem de contribuição de cada autor no manuscrito

Antônio Guedes Correa Gondim Filho - 50%

Guilherme Rocha Moreira - 5%

Frank Gomes – Silva - 5%

Moacyr Cunha Filho - 4%

Diego Alves Gomes - 4%

Alexandre Lima Ferreira - 4%

Maria Lindomárcia Leonardo da Costa - 4%

Denise Stéphanie de Almeida Ferreira - 4%

Nélio Cunha Gonçalves - 4%

Silas Primola Gomes - 4%

Patrícia Guimarães Pimentel - 4%

André Luiz Pinto dos Santos - 4%

Lucas Silva do Amaral - 4%