

André Luiz Pinto dos Santos

**Divergência genética e avaliação de modelos de
degradação em genótipos de mandioca**

RECIFE-PE - FEV/2015



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA E ESTATÍSTICA APLICADA

Divergência genética e avaliação de modelos de degradação em genótipos de mandioca

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Biometria e Estatística Aplicada como exigência parcial à obtenção do título de Mestre.

Área de Concentração: Estatística Aplicada e Experimental

Orientador: Prof. Dr. Guilherme Rocha Moreira
Co-orientadora: Profa. Dra. Maria Lindomárcia Leonardo da Costa
Co-orientador: Dr. Alexandre Lima Ferreira

RECIFE-PE - FEV/2015.

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOMETRIA E ESTATÍSTICA APLICADA

**Divergência genética e avaliação de modelos de degradação em genótipos de
mandioca**

André Luiz Pinto dos Santos

Dissertação julgada adequada para obtenção do título de mestre em Biometria e Estatística Aplicada, defendida e aprovada por unanimidade em 20/02/2015 pela Comissão Examinadora.

Orientador:

Prof. Dr. Guilherme Rocha Moreira
Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE
Departamento de Estatística e Informática - DEINFO

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Cícero Carlos Ramos de Brito
Instituto Federal de Pernambuco - IFPE
Campus Recife

Profa. Dra. Maria Lindomárcia Leonardo da Costa
Universidade Federal da Paraíba - UFPB
Centro de Ciências Agrárias - CCA
Campus Areia

Profa. Dra. Tatijana Stošić
Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE
Departamento de Estatística e Informática - DEINFO

Dedico este trabalho aos meus pais Luiz Carlos e Ilma, as minhas irmãs Karla e Patrícia, aos meus sobrinhos Matheus e Klarinha e ao meu cunhado Pedro.

Agradecimentos

Agradeço, primeiramente, à Deus, por ter me dado a capacidade para realizar mais um sonho.

A toda a minha família: meu pai Luiz Carlos, minha mãe Ilma e minhas irmãs Karla e Patrícia, que foram e continuarão sendo o meu porto seguro. Obrigado por tudo o que fizeram e continuam fazendo por mim, nunca teria chegado aqui sem o amor e carinho de todos vocês.

Agradeço também aos professores, especialmente ao meu orientador Guilherme pelo empenho, paciência e credibilidade em tão pouco tempo e pela confiança em mim depositada, obrigado por tudo.

Agradeço a professora Eloísa Saliba (UFMG) e, a discente Marianne Oliveira, pelo material cedido para realização desse trabalho.

Gostaria de agradecer também a todos os meus colegas de Mestrado e Doutorado: Antônio, Carlos Renato, Cícero Carlos, Diego, Djalma, Edneide, Evelyn, Ewerton, Fernando Henrique, Hérica, Karla, José, Leda, Luisa, Luiz Henrique, Maria das Vitórias, Neilson, Oseas, Pedro Ferreira, Rivelino, Samuel, Sílvio, Syntia, Thaíze e que jamais teria terminado sem vocês do meu lado.

Ao programa de pós-graduação em Biometria e Estatística Aplicada - DEINFO, pela oportunidade de realização do Mestrado.

A CAPES, pelo apoio financeiro, através da concessão da bolsa de mestrado.

Enfim, a todos que colaboraram, diretamente ou indiretamente para a realização deste trabalho.

"A mente que se abre a uma nova idéia jamais volta ao seu tamanho original."

Albert Einstein

"Algumas das maiores façanhas do mundo foram feitas por pessoas que não eram suficientemente espertas, para saber que elas eram impossíveis."

Doug Larson

Resumo

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência nutricional de genótipos de mandioca, visando identificar os genótipos de melhores valores nutricionais para alimentação de ruminantes. Foram utilizados nove genótipos: Amansa Burro (BGM 549), Aramaris (BGM 116), Brasília, Cambadinha (BRS Guaíra), Curvelinha, Engana Ladrão (BGM 1269), Trouxinha (BGM 1468), BRS Gema de Ovo e BRS Dourada. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com nove tratamentos (genótipos) e três blocos (canteiros). Analisou-se nas raízes a: produção de matéria seca (PMS) em toneladas por hectare, proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FND), fibra em detergente ácido (FDA), amido e a digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS). A análise multivariada foi efetuada utilizando-se agrupamento hierárquico, com base na distância Euclidiana Média. Os grupos formados foram avaliados pelo teste Scott-Knott e, os genótipos do grupo de melhor valor nutricional avaliados pela técnica *in vitro* de produção de gases. Os volumes acumulados de gases foram ajustados aos modelos Gompertz, Logístico, Brody, Von Bertalanffy, Logístico Bicompartimental, e os avaliadores da qualidade dos modelos foram: R^2 , QMR, AIC e BIC. O grupo formado pela (Engana Ladrão e Trouxinha) foi escolhido, pois apresentou maior PMS t/ha, menor teor de FDN, FDA e maior DIVMS. O melhor modelo ajustado para ambos os genótipos foi o Logístico Bicompartimental, pois apresentou o maior R^2 e menores QMR, AIC e BIC. O volume de gases produzido pela degradação da fração açúcares solúveis, amido e pectina, e sua taxa de degradação foram semelhantes entre os genótipos. A fase de latência foi superior no genótipo Engana Ladrão quando comparado ao genótipo Trouxinha. Os volumes de gases produzidos pela degradação da fração celulose e hemiceluloses foram semelhantes entre os genótipos, entretanto o genótipo Engana Ladrão obteve maior taxa de degradação. O modelo Logístico Bicompartimental apresenta ajuste superior e, portanto, deve ser utilizado para descrição de curvas cumulativa de gases em mandioca. O genótipo Engana Ladrão é considerado o de melhor valor nutricional para alimentação de ruminantes.

Palavras-chave: Dissimilaridade genética; identidade de modelos; *Manihot esculenta*; modelos de crescimento.

Abstract

The objective of this study was to evaluate the nutritional divergence of the nine cassava genotypes: Amansa Burro (BGM 549), Aramaris (BGM 116), Brasília, Cambadinha (BRS Guaíra), Curvelinha, Engana Ladrão (BGM 1269), Trouxinha (BGM 1468), BRS Gema de Ovo e BRS Dourada, in order to identify the genotypes of best nutritional value for ruminant nutrition. The experimental design implemented was a randomized block with nine treatments (genotypes) and three blocks. We analyzed for the roots: the dry matter production (PMS) in tones per hectare, crude protein (CP), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF), starch and *in vitro* dry matter digestibility (IVDMD). Multivariate analysis was performed using hierarchical clustering based on average Euclidean distance. The formed groups were evaluated by the Scott-Knott test, and the genotypes of the best nutritional value assessed by the technical group *in vitro* gas production. The accumulated volumes of gas were adjusted to the Gompertz, Logistic, Brody, Von Bertalanffy, Logistic bicompartimental, and the quality of evaluators the models were: R^2 , QMR, AIC and BIC. The group formed by the (mistaken Thief and bundle) has been select, as it showed higher PMS t/ha, lower NDF, ADF and higher IVDMD. The best fit model for both genotypes was the Logistics bicompartimental because had the highest R^2 and lower QMR, AIC and BIC. The volume of gases generated by degradation of fraction soluble sugars, starch and pectin, and their degradation rates were similar between genotypes. The lag phase was higher in genotype Engana Ladrão compared to Trouxinha genotype. The gas volumes produced by degradation of cellulose and hemicellulose fraction were similar between genotypes, however mistaken the thief genotype had a higher rate of degradation. The model Logistics bicompartimental feature superior fit and therefore should be used for description of cumulative curves of gases in cassava. The Engana Ladrão genotype is considered the best nutritional value for feeding to ruminants.

Key words: *Manihot esculenta*, Crantz; dissimilarity genetic; growth models; identity models.

Lista de Figuras

- 1 Dendograma de dissimilaridade genética dos genótipos de mandioca. . . p. 14
- 2 Representação gráfica do ajuste dos modelos estudados para os genótipos. p. 18

Lista de Tabelas

1	Dados meteorológicos do período experimental (parte 1).	p. 9
2	Dados meteorológicos do período experimental (parte 2).	p. 9
3	Produção de raízes em toneladas de matéria seca por hectare (PMS), teores de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), amido e digestibilidade <i>in vitro</i> da matéria seca (DIVMS) dos grupos formados.	p. 15
4	Correlação entre digestibilidade <i>in vitro</i> da matéria seca (DIVMS) com amido, fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA).	p. 17
5	Estimativas dos parâmetros e avaliadores de qualidade de acordo com os modelos estudados e genótipos avaliados.	p. 17
6	Teste de identidade de modelos.	p. 19

Sumário

1	Introdução	p. 1
2	Revisão de Literatura	p. 3
2.1	Divergência Genética	p. 3
2.2	Análise de Agrupamento	p. 3
2.2.1	Alguns coeficientes de medidas de dissimilaridade.	p. 4
2.2.1.1	Distância Euclidiana	p. 4
2.2.1.2	Distância Euclidiana Média	p. 4
2.2.1.3	Distância de Mahalanobis - D^2	p. 5
2.3	Método de agrupamento de Ward (1963)	p. 5
2.4	Índice de Rand (1971)	p. 5
2.5	Dendrograma	p. 6
2.6	Teste de Scott-Knott	p. 6
2.7	Modelos Não-Lineares	p. 6
3	Material e Métodos	p. 8
4	Resultados e Discussão	p. 14
5	Conclusões	p. 21
6	Referências Bibliográficas	p. 22

1 Introdução

A mandioca é cultivada em todos os estados brasileiros, mas tem especial importância no Nordeste, pois apresenta características que facilitam sua difusão, pois além de poder ser cultivada em solos pobres, é resistente a secas e consegue sobreviver junto a plantas daninhas e pragas tendo como resultado alta eficiência biológica (WHEATLEY e GÓMEZ, 1985). Daí o seu cultivo ocorrer em toda a região do semiárido do Nordeste, onde a maioria das culturas não conseguem alta produtividade (CAVALCANTI e ARAÚJO, 2000).

A utilização de raiz de mandioca *in natura* é parcialmente limitada pelos teores de ácido cianídrico, por isso a forma mais utilizada das raízes na alimentação de ruminantes é na forma de raspa que é uma forma de conservação simples, baseada na desidratação e picagem das raízes frescas ao seca ao sol, forma essa que elimina o ácido cianídrico por se tratar de composto volátil (CAVALCANTI, 1994).

O conhecimento detalhado da composição química e energética dos alimentos determina tanto o seu valor quanto as suas limitações nutricionais, e as características nutricionais de cada alimento devem ser conhecidas para que se possa empregá-los adequadamente. A raspa de mandioca possui 87,67% de matéria seca, 2,47% de proteína bruta, 68,85% de amido, 11,75% de fibra em neutro e 4,27% de fibra em detergente ácido (ROSTAGNO et al., 2005).

As técnicas de produção de gases permitem avaliar o valor energético dos alimentos com a utilização de equações de cinética da degradação ruminal (MENKE et al., 1979; MENKE e STEINGASS, 1988; THEODOROU et al., 1994; MAURÍCIO et al., 1999; PELL e SCHOFIELD, 1993; CONE et al., 1996 e DAVIES et al., 2000).

Diversos modelos não-lineares estão disponíveis para ajuste das curvas de produção de gases e determinação dos parâmetros de degradação ou perfil de fermentação (MELLO, et al., 2008). Entretanto, critérios para selecionar a melhor função que estime a produção acumulada de gases devem ser utilizados (AKAIKE 1974; SCHWARZ 1978; SCHABENBERGER, 2002).

O presente estudo tem por objetivo avaliar os genótipos de melhor valor nutricional.

2 Revisão de Literatura

2.1 Divergência Genética

Estudos de divergência genética são essenciais para o conhecimento da variabilidade genética das populações e facilitam o monitoramento de bancos de germoplasmas (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Segundo Bertini et al. (2009), a divergência genética vem sendo estudada visando a seleção de genitores de híbridos ou oriundas do intercruzamento de genótipos divergentes para a formação de novas populações. Portanto, esses estudos criam informações importantes para preservação e uso dos acessos (TOQUICA et al., 2003).

2.2 Análise de Agrupamento

A análise de agrupamento permite identificar e separar os itens em grupos homogêneos, por um esquema que possibilite reunir os indivíduos em um determinado número de grupos, de forma que exista grande homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre eles, ou seja, em geral agrupa os objetos de maneira em que os objetos do mesmo grupo sejam relativamente mais semelhantes, e diferentes de objetos de outros grupos (JOHNSON e WICHERN, 1992).

Segundo Cruz et al. (2012), de acordo com algum critério de similaridade ou de dissimilaridade a análise de agrupamento objetiva dividir um grupo original de observações em vários grupos.

Segundo Johnson e Wichern (1992), em medidas de similaridade quanto maior o valor, maior a semelhança entre os objetos, e se tratando de medidas de dissimilaridade, quanto maior o valor, mais diferentes são os objetos.

2.2.1 Alguns coeficientes de medidas de dissimilaridade.

Segundo Cruz et. al. (2012), o coeficiente de correlação de Pearson é a medida de similaridade mais utilizada e as distâncias Euclidiana, Euclidiana Média e Mahalanobis são as principais medidas de dissimilaridade.

2.2.1.1 Distância Euclidiana

A distância Euclidiana é, a medida de distância mais amplamente utilizada para a análise de agrupamento, considerando X_{ij} a média no i -ésimo indivíduo para a j -ésima característica, considerando o par de indivíduos i e i' em que a distância entre eles é dada por:

$$d_{(ii')} = \sqrt{\sum_j^p (X_{ij} - X_{i'j})^2}, \quad j = 1, 2, \dots, p. \quad (2.1)$$

em que

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.

2.2.1.2 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). Segundo 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 euclidiana média é dado por:

$$d = \sum_{j=1}^p \left\{ \frac{(X_{ij} - X_{i'j})^2}{X_{ij}} \right\} \quad (2.2)$$

2.2.1.3 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 repetições de dados.

A distância (D_2) entre os indivíduos i e i' é calculada conforme a seguinte expressão:

$$D_{ii'}^2 = (\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'})^t S^{-1} (\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'}) \quad (2.3)$$

em que:

$D_{ii'}^2$ é a distância generalizada de Mahalanobis entre os acessos i e i' , $i = 1, 2, 3, \dots, g$;

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

$\tilde{X}_i - \tilde{X}_{i'}$ são os vetores p -dimensionais de médias i e i' , onde $i, i' = 1, 2, 3, \dots, n$ e com $i \neq i'$.

2.3 Método de agrupamento de Ward (1963)

Ward (1963) propôs 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. É também chamado de "Mínima Variância" (MINGOTI, 2005), pois considera como função objetivo minimizar a soma de quadrados dentro dos grupos.

2.4 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 , $i, j \in N$. Este índice baseia-se no número de pares de parcelas que foram atribuídos de mesmo modo em cada uma das partições.

O índice Rand (IR) é obtido por:

$$IR = \frac{a + d}{a + b + c + d} = \frac{A}{\binom{n}{2}} \quad (2.4)$$

O índice Rand situa-se entre 0 e 1. Tomando o valor 0 quando as duas partições não têm qualquer semelhança e quando as duas partições concordam perfeitamente, o índice Rand é 1.

2.5 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.

2.6 Teste de Scott-Knott

O teste aglomerativo de Scott-Knott (1974), é utilizado em métodos de comparações múltipla, em que os resultados são facilmente interpretados, devido à ausência de ambiguidade. Este teste visa a separação de médias de tratamentos em grupos distintos, através da minimização da variação dentro e da maximização da variação entre grupos (FARIA, 2007).

2.7 Modelos Não-Lineares

A definição de um modelo não-linear apresentada pela maioria dos autores, como Draper e Smith (1998), Bates e Watts (1988) e outros, é que pelo menos uma derivada parcial da variável dependente, com relação a algum parâmetro presente no modelo, depende de algum parâmetro. Um modelo é dito não-linear quando ele não é linear em relação aos parâmetros e nem pode ser linearizado por meio de transformações, uma vez que admite uma estrutura de erros aditivos.

Seja o modelo de regressão não-linear, a sua forma clássica é escrito como:

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

em que:

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

$\mathbf{x} = (X_1, x_2, \dots, X_q)^T$ representa os valores das q variáveis exploratórias.

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

3 Material e Métodos

Nove genótipos de mandioca recomendados para cultivo na região semiárida foram avaliados: Amansa Burro (BGM 549), Aramaris (BGM 116), Brasília, Cambadinha (BRS Guaíra), Curvelinha, Engana Ladrão (BGM 1269), Trouxinha (BGM 1468), utilizadas na indústria de farinha e fécula, e BRS Gema de Ovo e BRS Dourada, utilizadas para consumo humano direto, designadas mandiocas de mesa.

O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com 9 tratamentos (genótipos de mandioca) e três blocos (canteiros). O plantio foi feito em 04/05/06, na Embrapa Semi-árido localizada em Petrolina-PE, coordenadas geográficas 09°23'34"S 40°30'28"O, altitude 376 m, pluviosidade anual média de 400 mm, clima tropical semiárido tipo BshW (classificação Köppen) com curta estação chuvosa no verão e temperatura mínima média de 25°C. A colheita do material foi feita em 26/10/07. Nessa ocasião foram avaliadas a produção média de raízes em t MS/ha.

Os dados meteorológicos do período experimental (Tabela 1 e 2) foram obtidos na estação agrometeorológica de Bebedouro (Petrolina-PE 09°09'S 40°22'O).

Tabela 1: Dados meteorológicos do período experimental (parte 1).

Mês/ano	Precipitação (mm)	Radiação solar global média (ly/dia)	Insolação média (horas)	Temperatura média (°C)
Mai/06	3,5		5,4	24,1
Jun/06	7,6	238,5	3,4	22,5
Jul/06	7,2	268,5	5,6	22,4
Ago/06	0,2	351,1	8,1	23,7
Set/06	8	413	8,7	25,9
Out/06	2,9	402,3	7,9	27,8
Nov/06	74,9	474,8	8	27
Dez/06	14,2	477,9	7,9	28,2
Jan/07	35,6	482,9	8,1	28,4
Fev/07	145,9	403	5,2	25,8
Mar/07	4	404,3	7	26,6
Abr/07	12,2	415,2	7,2	26,9
Mai/07	9,2	339,5	5,7	26
Jun/07	0,5	369,2	6,1	24,8
Jul/07	9,2	395,1	6,3	24,1
Ago/07	1,6	436,9	6,7	24,4
Set/07	1,6	478,1	7,7	25,8
Out/07	0	525,6	7,6	27,4
Média	18,79	396,97	6,81	25,66
Soma	338,3	7145,4	122,6	461,8

Tabela 2: Dados meteorológicos do período experimental (parte 2).

Mês/ano	Temperatura mínima (°C)	Temperatura máxima (°C)	Ur (%)	Evaporação média (mm)
Mai/06	x	30,9	74	5
Jun/06	x	29,1	76	4,8
Jul/06	x	29,7	69	6,3
Ago/06	x	31,5	60	9
Set/06	x	33,3	56	9,1
Out/06	22,3	34,4	56	8,8
Nov/06	21,8	33,5	70	8,1
Dez/06	22,8	35,2	56	9,3
Jan/07	23,1	35,4	55	9,1
Fev/07	22,2	31,2	76	5,7
Mar/07	21,6	32,4	73	7,3
Abr/07	21,6	33,8	60	7,2
Mai/07	21,3	32,1	63	6,9
Jun/07	19,4	31,1	61	7,2
Jul/07	19,1	30,6	63	7,1
Ago/07	18,5	31,3	55	8,2
Set/07	19,8	32,5	51	10
Out/07	21,3	34,2	49	11
Média	21,14	32,34	62,39	7,78
Soma	274,8	582,2	1123	140,1

As amostras de raízes para as análises laboratoriais foram pré-secas em estufa de

ventilação forçada a 55°C e posteriormente moídas em peneira dotadas de crivos de 1mm, sendo acondicionadas em potes plásticos hermeticamente fechados.

Na fase laboratorial foram determinados os valores de matéria pré-seca, matéria seca (MS) a 105°C, proteína bruta (PB) de acordo com Official... (1995); fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) segundo Van Soest et al. (1991). O amido foi determinado pelo método amiloglicosidade - α -amilase (McCLEARY et al., 1997). A digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) foi realizada de acordo com a técnica preconizada por Tilley e Terry (1963) que foi modificada para uso no fermentador de rúmen artificial DAISYII (ANKOM[®]) segundo Holden (1999).

Antes da realização da análise multivariada as variáveis t MS/ha de raízes, PB, FDN, FDA, DIVMS e amido) foram submetidas aos testes de Lilliefors (1967) e Bartlett (1937), para verificação de normalidade e homocedasticidade respectivamente.

As análises multivariadas foram efetuadas utilizando-se os recursos computacionais do Programa R, no qual se procederam as análises de agrupamento hierárquico, realizado pelo método de Ward (1963), com base na distância Euclidiana Média, e utilização do índice de Rand (1971) para determinação do número de grupos.

As médias das variáveis dos grupos formados foram comparadas pelo teste Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade do erro tipo I, e então o grupo de melhor valor nutricional foi avaliado pela técnica *in vitro* de produção de gases (MAURÍCIO et al., 1999), conforme os procedimentos descritos abaixo.

Amostras de raízes do grupo de genótipos de mandioca de melhor valor nutricional foram pesadas (1 g de cada amostra) e adicionadas em frasco de fermentação com capacidade de 160 mL, que foram previamente injetados gás carbônico. Foi adicionado 90 mL de meio de cultura segundo Theodorou et al. (1994). Os frascos foram vedados com rolha de silicone e levado a geladeira com temperatura de 4°C, onde permaneceram durante oito horas. Posteriormente, os mesmos foram colocados em estufa a 39°C onde permaneceram até a inoculação.

Os fracos contidos na estufa foram retirados e inoculados com 10 mL de líquido ruminal, colhido de pool de três vacas holandesas em lactação, mantida em dieta a base de silagem de milho e consumindo 8 kg de ração concentrada por dia, por meio de uma fistula de rúmen, antes do fornecimento da primeira refeição. Após a inoculação os frascos foram vedados com rolha de silicone e os gases residuais presentes (tempo zero) foram eliminados com o auxílio de agulhas. Os fracos foram novamente mantidos na estufa a 39°C.

Frascos sem substratos, denominados brancos, contendo apenas inóculo e meio de cultura, foram incubados para correção dos gases e desconto de eventuais contaminações provenientes da fermentação do inóculo.

As leituras de pressão foram realizadas em intervalos de 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 17, 20, 24, 28, 32, 48, 72 e 96 horas inserindo uma agulha fixada ao transdutor de pressão. As leituras de pressão realizadas foram transformadas em volume de gases pela equação definida por Maurício et al. (2003), descrita abaixo:

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

Onde:

V = volume de gases (mL);

P = pressão em polegada por cm²

Os volumes acumulados de gases foram ajustados ao modelos:

- 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 produzido (mL);

α_1 = volume de gases produzido pela degradação da fração A+B₁ do Sistema de Cornell (CNF);

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

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 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 utilizado-se o procedimento "nls" do Software livre R.

Os avaliadores da qualidade de ajuste dos modelos utilizados foram:

1. O coeficiente de determinação R^2 , descrita por Schabenberger (2002):

$$R^2 = 1 - \frac{SQR}{SQT_c} \quad (3.6)$$

em que, SQR é a soma de quadrados do resíduo e SQT_c é a soma de quadrado total corrigida para o número de parâmetros do modelo.

2. Quadrado médio do resíduo (QMR), onde:

$$QMR = \sum_{i=1}^n \frac{(y_i - \hat{y}_i)^2}{n - p}, \quad (3.7)$$

em que y_i são os volumes observado e \hat{y}_i são os volumes estimado. Sendo n o número de observações e p o número de parâmetros do modelo.

3. Critérios de informação de Akaike-AIC - (AKAIKE 1974) e o critério de informação bayesiano-BIC - (SCHWARZ 1978), calculados pelas seguintes equações:

$$AIC = -2\ln L + 2(p + 1), \quad (3.8)$$

$$BIC = -2\ln L + (p + 1)\ln(n), \quad (3.9)$$

em que L é a função de verossimilhança das curvas de crescimento apresentadas, n o tamanho da amostra e p é o número de parâmetros livres. O melhor modelo ajustado será aquele que apresentar o maior valor para R^2 e menores valores para AIC, BIC e QMR.

Segundo, (REGAZZI, 2003), por meio do teste da razão de verossimilhança pode-se verificar a identidade de um modelo e a igualdade de parâmetros de qualquer modelo não-linear. Assim, o modelo que melhor descrever a produção acumulada de gases de acordo com os avaliadores de qualidade, será submetido ao teste da razão de verossimilhança, com aproximação pela estatística qui-quadrado $P(\chi_{calc.}^2 \geq \chi_{tab.}^2)$ rejeita-se H_0 . Caso contrário, não se rejeita H_0 , para testar as hipóteses de identidade dos modelos e de igualdade de qualquer subconjunto de parâmetros.

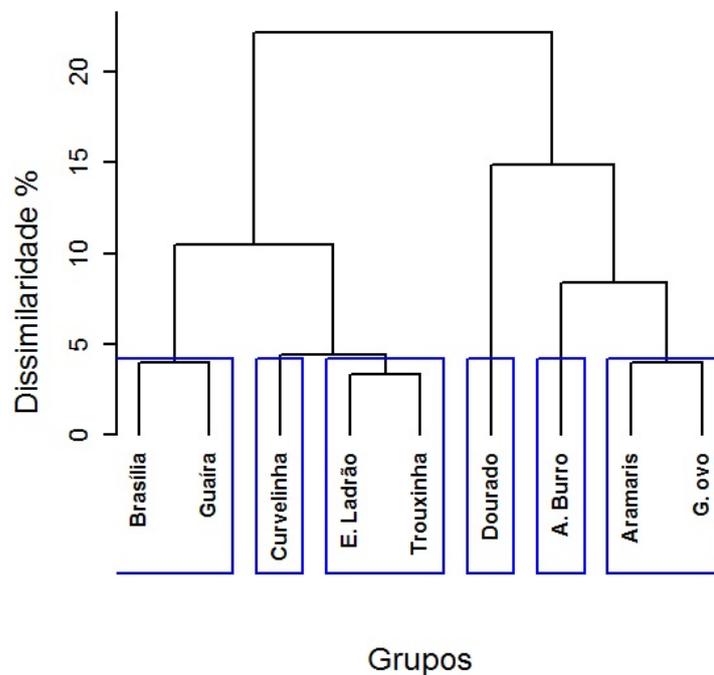
As hipóteses consideradas serão as seguintes:

1. $H_0^1: \alpha_{11}=\alpha_{1j} = \alpha_1, k_{11}=k_{1j} = k_1, \lambda_{11}=\lambda_{1j} = \lambda_1, \alpha_{21}=\alpha_{2j} = \alpha_2$ e $k_{21}=k_{2j} = k_2$, vs H_1^1 :
Contra a hipótese alternativa.
2. $H_0^2: \alpha_{11}=\alpha_{1k} = \alpha_1$ vs H_1^2 : Contra a hipótese alternativa.
3. $H_0^3: k_{11}=k_{1j} = k_1$ vs H_1^3 : Contra a hipótese alternativa.
4. $H_0^4: \lambda_1=\lambda_j = \lambda$ vs H_1^4 : Contra a hipótese alternativa.
5. $H_0^5: \alpha_{21}=\alpha_{2j} = \alpha_2$ vs H_1^5 : Contra a hipótese alternativa.
6. $H_0^6: k_{21}=k_{2j} = k_2$ vs H_1^6 : Contra a hipótese alternativa.

4 Resultados e Discussão

Na Figura 1 são observados os resultados obtidos com a análise de agrupamento hierárquico realizado pelo método de Ward (1963), com base na distância Euclidiana Média, e utilização do índice de Rand (1971) para determinação do número de grupos. Houve a formação de seis grupos. O primeiro grupo foi formado pelos genótipos Brasília e Cambadi- nha BRS Guáira e; o segundo pelo genótipo Curvelinha; o terceiro pelos genótipos Engana Ladrão e Trouxinha; o quarto pelo genótipo Dourado; o quinto pelo genótipo Amansa Burro e o sexto grupo pelos genótipos Aramaris e Gema de Ovo.

Figura 1: Dendograma de dissimilaridade genética dos genótipos de mandioca.



Na tabela 3 encontram-se os valores médios de toneladas de MS de raízes por hectare, teores de PB, FDN, FDA, amido e DIVMS dos grupos formados pelo agrupamento.

O grupo III apresentou maior ($p < 0,05$) produção de t MS/ha de raízes de mandioca, sendo o grupo II intermediário, e os grupos I, IV, V e VI os de menor produção. Os resultados desse experimento mostram o potencial de produção do grupo Engana Ladrão e Trouxinha na região Semiárida Nordestina, onde também anteriormente Silva et al. (2009) avaliaram a produtividade de raiz no Piauí e observaram os maiores rendimentos, para os dos genótipos Engana Ladrão e Do Céu.

O teor de PB foi semelhante ($p > 0,05$) entre os grupos. Os valores encontrados no presente trabalho estão de acordo com os resultados citados na literatura (BUITRAGO, 1990; ROSTAGNO et al., 2005; SMET et al., 1995; VALADARES FILHO et al., 2006; SANTOS SILVA et al., 2012), onde observam-se que as raízes de mandioca possuem baixos teores de proteína bruta. Segundo Van Soest (1994), a dieta do animal deve conter no mínimo 7% PB para que não haja alterações na fermentação ruminal e redução do consumo de matéria seca. Dessa forma, o emprego de raiz de mandioca pressupõe o ajuste da concentração de proteína, que será maior ou menor de acordo com os outros componentes da dieta e a exigência do animal.

Em relação aos teores de FDN e FDA, os grupos IV e VI apresentaram maior ($p < 0,05$) teor de FDN, sendo o grupo V intermediário, e os grupos I, II, e III os de menores teores. Os grupos IV e V apresentaram maior ($p < 0,05$) teor de FDA, sendo o grupo VI intermediário, e os grupos I, II, e III os de menores teores. Conforme Buitrago (1990) a casca, representa de 15 a 20% do peso total da raiz, e está concentra a maior parte da fibra, provavelmente os grupos de maior teor de fibra são os que possuem maior proporção de casca na raiz.

Os grupos I e V apresentaram maior ($p < 0,05$) teor de amido, sendo os grupos II, III e VI intermediários, e o grupo IV o de menor teor. O genótipo Amansa Burro (grupo V) já é relatado na literatura como genótipo de alto teor de amido (BORGES et al., 2002).

Os grupos I e III apresentaram maior ($p < 0,05$) DIVMS, seguido do grupo II; depois os grupos IV e VI e por último o grupo V. Os resultados obtidos estão de acordo a estudos anteriores, a qual cita que o aumento dos componentes da parede celular reduz sua degradabilidade pelos ruminantes (HATFIELD, 1993; JUNG e DEETZ, 1993; BURNS et al., 1997; DESCHAMPS, 1999; ALVES de BRITO et al., 1999; ALVES de BRITO et al., 2003), comprovação está obtida através da correlação entre DIVMS e FDA, onde o aumento do teor de fibra leva a diminuição da DIVMS. Entretanto não houve influencia no teor de amido sobre a DIVMS (Tabela 4).

Tabela 4: Correlação entre digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS) com amido, fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA).

Variável	AMIDO	FDN	FDA
DIVMS	ns*	-0.55**	-0.77**

* ns = não significativo, ** ($p < 0,01$).

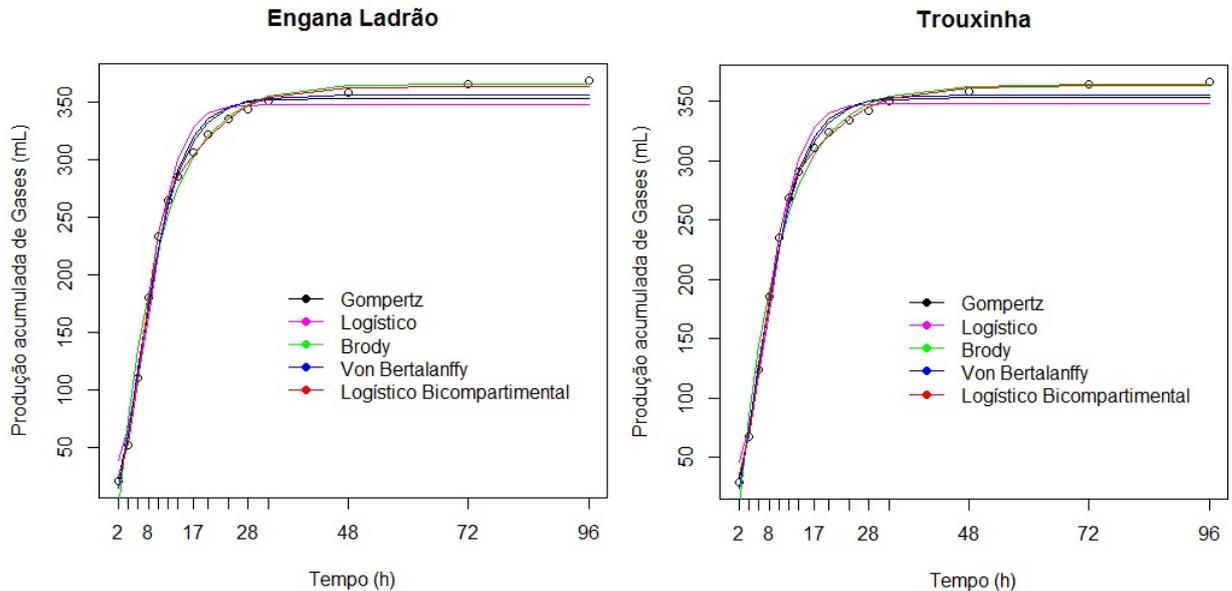
Portanto, o grupo III foi eleito para prosseguir com as análises, pois apresentou maior (PMS) produção de matéria seca t/ha, menores teores de FDN, FDA e maior DIVMS.

Na Tabela 5 observam-se as estimativas dos parâmetros dos modelos obtidos pelo método de Gauss-Newton e dos avaliadores de qualidade de ajuste R^2 , QMR, AIC e BIC e na Figura 2 a representação gráfica dos modelos para os genótipos Engana Ladrão e Trouxinha.

Tabela 5: Estimativas dos parâmetros e avaliadores de qualidade de acordo com os modelos estudados e genótipos avaliados.

Genótipo	Modelos	Estimativa dos parâmetros						Avaliadores			
		$\hat{\alpha}_1$	$\hat{\beta}$	\hat{k}_1	$\hat{\alpha}_2$	\hat{k}_2	$\hat{\lambda}$	R^2	QMR	AIC	BIC
Engana L.	Gompertz	353.7	4.21	0.22	-	-	-	0.993	109.8	117.7	120.5
	Logístico	349.4	15.21	0.33	-	-	-	0.984	255.4	130.4	133.2
	Brody	366.3	1.27	0.12	-	-	-	0.988	185.1	125.5	128.4
	Von Bert.	356.4	0.94	0.18	-	-	-	0.995	80.7	113.1	115.9
	Logístico B.	237.6	-	0.14	126.4	0.0395	3.45	0.999	12.7	86.64	90.9
Trouxinha	Gompertz	352.9	3.68	0.21	-	-	-	0.995	70.2	110.9	113.8
	Logístico	348.0	12.15	0.31	-	-	-	0.987	179.1	125.0	127.9
	Brody	363.7	1.24	0.12	-	-	-	0.991	129.9	120.2	123.1
	Von Bert.	355.5	0.85	0.18	-	-	-	0.996	51.8	106.4	109.3
	Logístico B.	257.3	-	0.12	105.4	0.0352	2.65	0.999	11.6	85.2	89.4

Figura 2: Representação gráfica do ajuste dos modelos estudados para os genótipos.



As estimativas dos parâmetros em cada modelo (Tabela 5), foram todas significativas ($p < 0,05$), ou seja, os dados de produção acumulada de gases em ambos os genótipos se ajustaram a todos os modelos estudados.

Entretanto, critérios para selecionar a melhor função que estime a produção acumulada de gases tem sido utilizado (MELLO, 2008). Para comparar a qualidade de ajuste dos modelos (Tabela 5) foram utilizados o R^2 , QMR, AIC e BIC.

O melhor modelo ajustado para ambos os genótipos foi o Logístico Bicompartimental seguido do modelo de Von Bertalanffy, Gompertz, Brody e Logístico, pois esse apresentou o maior R^2 e menores valores para QMR, AIC e BIC. Esses resultados estão de acordo a Schofield et al. (1994); Groot et al. (1996); Pell et al. (2000); Fondevila e Barrios (2001) que observaram que os modelos multicompartimentais ajustados, feitos com grande número de leituras e leituras mais frequentes na fase inicial de produção de gases apresentam maior qualidade de ajuste que os modelos baseados em cinética de primeira ordem.

Assim, para comparação entre a cinética de fermentação ruminal entre os genótipos foi utilizado o modelo logístico bicompartimental de Schofield et al. (1994).

O teste de verossimilhança de igualdade de parâmetros aplicado ao modelo Logístico Bicompartimental para as seis hipóteses formuladas encontram-se na Tabela 6.

Tabela 6: Teste de identidade de modelos.

Hipóteses	$P(\chi_{tab.}^2 > \chi_{calc.}^2)$	Engana Ladrão	Trouxinha
H_0^1	0.0006*	V_t^{\odot}	V_t^{\ominus}
H_0^2	0.08	237.6	257.3
H_0^3	0.20	0.14	0.12
H_0^4	0.00002*	3.45	2.65
H_0^5	0.12	126.4	105.4
H_0^6	0.004*	0.0395	0.0352

* Significativo; $\odot V_t = 237.6/1+e[2^{-4} \cdot 0.14(t-3.45)] + 126.4/1+e[2^{-4} \cdot 0.0395(t-3.45)]$; $\ominus V_t = 257.3/1+e[2^{-4} \cdot 0.12(t-2.65)] + 105.4/1+e[2^{-4} \cdot 0.0352(t-2.65)]$.

Comparando-se as curvas dos genótipos Engana Ladrão e Trouxinha, verificou-se que houve diferença significativa ($p < 0,05$). As curvas não são idênticas, sugerindo que duas curvas são necessárias para os genótipos, uma para Engana Ladrão e outra para Trouxinha, fazendo-se necessário a comparação entre os parâmetros de cada modelo entre os genótipos.

O α_1 - volume de gases produzido pela degradação da fração A+B₁ do sistema Cornell (CNF), ou seja, açúcares solúveis prontamente degradados (fração A) e a fração B₁ que são os carboidratos não-fibrosos (amido e pectina), e sua taxa de degradação K₁ foram semelhantes ($p > 0,05$) entre os genótipos. Os altos valores de volume de gás produzido e taxas de produção de gases observados nesse ensaio são muito importantes, pois a utilização de fontes de amido de elevada degradabilidade aumentam a capacidade fermentativa do rúmen, com aumento de síntese de proteína microbiana e produção de ácidos graxos voláteis, permitindo assim economia no metabolismo energético hospedeiro com ganhos em produção (HUNTINGTON, 1994).

A fase de latência (λ) foi superior no Engana Ladrão quando comparado ao genótipo Trouxinha. Provavelmente características físico-químicas do genótipo Engana Ladrão dificultaram os processos de adesão e colonização do substrato pelos microrganismos ruminantes, e conseqüentemente aumentaram o período de latência (λ) desse genótipo quando comparado ao genótipo Trouxinha.

O α_2 , volume de gases produzido pela degradação da fração B₂ do sistema Cornell (CF), ou seja, os carboidratos fibrosos, celulose e hemicelulose, foram semelhantes entre os genótipos. Entretanto o K² foi superior para o genótipo Engana Ladrão. Os baixos volu-

mes de gases obtidos com esse genótipos para essa fração provavelmente estão ligados aos pequenos teores desse substratos FDN e FDA (Tabela 3) observado nesses materiais. Porém, a maior taxa observada pelo genótipo Engana Ladrão significa menor permanência no rúmen e maior consumo por parte dos animais para essas frações dos alimentos.

5 Conclusões

- O modelo Logístico Bicompartimental apresenta ajuste superior e, portanto, deve ser utilizado para descrição de curvas acumulativa de produção de gases em mandioca.
- O genótipo Engana Ladrão destaca-se nutricionalmente entre os genótipos avaliados, sendo considerado o de melhor valor nutricional para alimentação de ruminantes.

6 Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, M. A. **Estabilidade em análise de agrupamento (cluster analysis)**. 2005. 65f. Dissertação (Mestrado em Biometria) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE.

ALVES DE BRITO, C. J. F. et al. Anatomia quantitativa e degradação *in vitro* de tecidos em cultivares de capim-elefante (*Pennisetum purpureum Schumach.*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 2, p. 223-229, 1999.

ALVES DE BRITO, C. J. F.; RODELLA, R. A.; DESCHAMPS, F. C. Perfil Químico da Parede Celular e suas Implicações na Digestibilidade de *Brachiaria brizantha* e *Brachiaria humidicola*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1835-1844, 2003.

ASSOCIATION OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official methods of analysis**. 16 ed. Virginia: AOAC, v. 2, 1995.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, Boston, v. 19, n. 16, 1974. 716-723p.

BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of Royal Society of London., Series A, Mathematical and Physical Sciences**, v. 160, n. 901, p. 268-282, 1937.

BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. New York: Wiley series in probability e mathematical statistics, p. 365, 1988.

BERTINI, C. H. C. M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 1, p. 99-105, 2009.

BORGES, M. F. et al. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 37, n. 11, p. 1559-1565, 2002.

BUITRAGO A., J.A. **La yuca em la alimentación animal**. Cali: CIAT, Colômbia, 1990,

446p.

BURNS, J. C. et al. Changes in forages quality, ingestive mastication and digesta kinetics resulting from switchgrass maturity. **Journal Animal Science**, v. 75, p. 1368-1379, 1997.

CAVALCANTI, J.; ARAÚJO, G. G. L. de. **Parte aérea da mandioca na alimentação de ruminantes na região semi-árida**. Petrolina, Embrapa Semi-Árido, 2000. 21 p.

CAVALCANTI, J. **Raspas de mandioca para alimentação animal na região semi-árida do Nordeste brasileiro**. Petrolina, PE: EMBRAPA-CPATSA, 1994. 20p.

CONE, J.W. et al. Influence of rumen fluid and substrate concentration on fermentation kinetics measured with a fully automated time related gas production apparatus. **Animal Feed Science and Technology**, v. 61, p. 113-128, 1996.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 2, p. 585, 2003.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 4 ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1.

DESCHAMPS, F. C. Implicações do período de crescimento na composição química e digestão dos tecidos de cultivares de capim elefante. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v. 28, n. 6, p. 1178-1189, 1999.

DAVIES, Z.S. et al. An automated system for measuring gas production from forages inoculated with rumen fluid and its use in determining the effect of enzymes on grass silage. **Animal Feed Science and Technology**, v. 83, p. 205-221, 2000.

DRAPER, N. R.; SMITH, H. **Applied regression analysis**. 3. ed. New York: J. Wiley, 1998. 697 p.

FARIA, P. N. **Avaliação de métodos para determinação do número ótimo de clusters em estudo de divergência genética entre acessos de pimenta**. 2007. 54f. Dissertação (Estatística Aplicada e Biometria). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

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.

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.

HATFIELD, R. D. **Cell wall polysaccharides interaction and degradability**. In: JUNG, H.

G.; BUXTON, D. R.; HATFIELD, R. D. et al. (Ed.) Forage cell wall structure and digestibility. Madison:Wisconsin:ASA/CSSA/SSSA, 1993, p. 285-313.

HOLDEN, L.A. Comparison of methods of *in vitro* dry matter digestibility for ten feeds. **Journal of Dairy Science**, v. 82, p. 1791-1794, 1999.

HUNTINGTON, G.B. Ruminant starch utilization progress has been extensive. **Feedstuffs**, v. 66, p. 35, 1994.

JOHNSON, R. A; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 3 ed. New Jersey: Prentice Hall, p. 642, 1992.

JUNG, H. G.; DEETZ, D. A. **Cell wall lignification and digestibility**. In: JUNG, H.G.; BUXTON, D. R.; HATFIELD, R.D. et al. (Ed.) Forage cell wall structure and digestibility. Madison: Wisconsin: ASA/CSSA/SSSA, 1993, p. 315-346.

LILLIEFORS, H. W. On the Kolmogorov-Smirnov Test for Normality with Mean and Variance Unknown. **Journal of American Statistical Association**, v. 62, n. 318, p. 399-402, 1967.

MAURÍCIO, R.M. et al. A semi-automated *in vitro* gas production technique for ruminants feedstuff evaluation. **Animal Feed Science and Technology**, v. 79, p. 321-330, 1999.

MAURÍCIO, R.M. et al. Relação entre pressão e volume para implantação da técnica *in vitro* semi-automática de produção de gases na avaliação de forrageiras tropicais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55, p. 216-219, 2003.

MELLO, R. et al. Modelos para ajuste da produção de gases em silagens de girassol e milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 2, p.261-269, 2008.

MENKE, K.H.; RAAB, L.; SALEWSKI, A.; STEINGASS, H.; FRITZ, D.; SCHNEIDER, W. The estimation of the digestibility and metabolizable energy content of ruminant feedstuffs from the gas production when they incubated with liquor *in vitro*. **Journal of Agricultural Science**, v. 93, p. 217-222, 1979.

MENKE, K.H.; STEINGASS, H. Estimation of the energetic feed value obtained from chemical analysis and *in vitro* gas production using rumen fluid. **Animal Research and Development**, v. 28, p. 7-55, 1988.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: Editora UFMG,2005. 297 p.

McCLEARY, B.V.; GIBSON, T. S.; MUGFORD, D. C. Measurement of total starch in cereal products by amyloglucosidase - α - amylase method: collaborative study. **Journal of AOAC**

International, v. 80, n. 3, p. 571-579. 1997.

PELL, A.N.; SCHOFIELD, P. Computerized monitoring of gas production to measure forage digestion *in vitro*. **Journal of Dairy Science**, v. 76, p. 1063-1073, 1993.

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.

REGAZZI, A.J. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. **Revista Ceres**, v. 50, n. (287), p. 9-26, 2003.

ROSTAGNO, H.S. et al. **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 186p.

SANTOS SILVA, M.J.M. et al. Utilização da raiz de mandioca sobre a digestibilidade e comportamento ingestivo de cabras Saanen em lactação. **Acta Scientiarum**, v. 34, n. 4, p. 401-408, 2012.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

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

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

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.

SILVA A. F. et al. Produção de diferentes variedades de mandioca em sistema agroecológico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 13, n. 1, p. 33-38, 2009.

SMET, A.M. et al. Investigation of dry matter degradation and acidotic effect of some feeds-tuffs by means of in sacco and *in vitro* incubations. **Animal Feed Science Technology**, v. 51, p. 297-315, 1995.

TOQUICA, S. P. et al. Molecular characterization by AFLPs of Capsicum germplasm from the Amazon department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 639-647, 2003.

THEODOROU, M.K. et al. A new gas production method using a pressure transducer to determine the fermentation kinetics of ruminal feeds. **Animal Feed Science and Technology**, v. 48, n. 12, p. 185-197, 1994.

TILLEY, J. M. A.; TERRY, R. A. A two stage technique for in vitro digestion of forage crops. **Journal of the British Grassland Society**, v. 18, p. 104-111, 1963.

VALADARES FILHO, S. C. et al. (Ed.). **Tabelas brasileiras de composição de alimentos**, Viçosa, p. 329, 2006.

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

VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. 2 ed. Ithaca: Cornell University Press, 1994. 476p.

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

WHEATLEY, C.; GÓMEZ, G. Evaluation of some quality characteristics in cassava storage roots. **Qualitas Plantarum Foods Hum Nutrition**, n. 35, p. 121-129, 1985.