



Predição Nutricional de Grãos de Milho: Integração de Genótipos e Dados Meteorológicos para Suinocultura

Nutritional prediction of corn grains: integration of genotypes and meteorological variables for swine production

Murilo Vieira Loro*¹ , Alberto Cargnelutti Filho¹ 

¹ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil 

*autor correspondente: muriloloro@gmail.com

Recebido: 10 de janeiro de 2025. Aceito: 12 de maio de 2025. Publicado: 08 de agosto, 2025. Editor: Rondineli P. Barbero

Resumo: Este estudo teve por objetivo avaliar se há variabilidade da composição nutricional proteica de grãos entre as bases genéticas de milho (híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta) e as datas de semeadura, e prever os aminoácidos digestíveis para suínos com base na proteína bruta e nas variáveis meteorológicas. Foram avaliadas, por meio de Espectroscopia de Refletância no Infravermelho Próximo, 773 amostras de grãos provenientes de quatro bases genéticas de milho cultivadas em dez datas de semeadura. Foram realizadas regressões lineares simples para os caracteres nutricionais proteicos em diferentes bases genéticas e datas de semeadura. Foi utilizada a análise de componentes principais para agrupar dados da composição nutricional proteica de grãos e variáveis meteorológicas, por bases genéticas e por datas de semeadura. Há variação dos teores digestíveis dos onze aminoácidos nos grãos entre as bases genéticas de milho e as datas de semeadura. As variedades de polinização aberta de milho apresentam os maiores teores digestíveis dos onze aminoácidos nos grãos, em comparação aos híbridos simples, híbridos triplo e híbridos duplo, independentemente da data de semeadura. Semeaduras realizadas em outubro e novembro exibem maiores teores digestíveis dos onze aminoácidos nos grãos de milho, em relação às semeaduras nos meses de setembro, dezembro, janeiro e fevereiro, independentemente da base genética. Os teores digestíveis de metionina, cistina, treonina, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina nos grãos de milho podem ser preditos a partir da proteína bruta com alta precisão, em todas as bases genéticas.

Palavras-chave: alimentação animal; aminoácidos digestíveis; perfil nutricional; proteína bruta; *Zea mays*.

Abstract: In this study, the aim was to evaluate whether there is variability in the protein nutritional composition of grains between maize genetic bases (simple hybrids, triple hybrids, double hybrids and varieties) and sowing dates, and predict digestible amino acids for pigs based on crude protein and meteorological variables. 773 grain samples from four maize genetic bases cultivated on ten sowing dates were evaluated using Near Infrared Reflectance Spectroscopy. Simple linear regressions were performed for protein nutritional traits in different genetic backgrounds and sowing dates. Principal component analysis was used to group data on the protein nutritional composition of grains and meteorological variables, by genetic bases and sowing dates. There is variation in the digestible levels of the eleven amino acids in grains between maize genetic bases and sowing dates. Maize varieties have the highest digestible levels of eleven amino acids in the grains, compared to simple hybrids, triple hybrids and double hybrids, regardless of the



sowing date. Sowings carried out in October and November show higher digestible levels of the eleven amino acids in maize grains, in relation to sowings in the months of September, December, January and February, regardless of the genetic basis. The digestible contents of methionine, cystine, threonine, valine, isoleucine, leucine, phenylalanine, histidine and arginine in maize kernels can be predicted from crude protein with high accuracy, on all genetic bases.

Key-words: animal feed; digestible amino acids; nutritional profile; crude protein; *Zea mays*.

1. Introdução

O milho é um dos principais ingredientes utilizados em rações para suínos devido ao alto teor de amido, que fornece energia de fácil digestão, e aos baixos níveis de fatores antinutricionais^(1,2). Embora apresente baixos teores de proteína bruta e aminoácidos em comparação com fontes de proteína vegetal, como a soja⁽³⁾, sua inclusão em grandes quantidades nas dietas dos suínos permite que pequenos incrementos nesses componentes resultem em contribuições nutricionais significativas. O fornecimento adequado de proteína e aminoácidos na dieta de suínos promove o crescimento eficiente, e o excesso pode intensificar a contaminação ambiental, por meio da lixiviação de nitrogênio devido a maior excreção pelo animal, contaminação da água e emissão de nitrogênio volátil^(4,5).

Os teores de proteína e de aminoácidos digestíveis nos grãos de milho são inferiores aos teores de aminoácidos totais, sendo necessária a sua determinação para atender às necessidades diárias dos suínos de maneira equilibrada. Para estimar o teor desses componentes nos ingredientes, métodos preditivos como a análise de regressão linear têm sido utilizados com base no teor de proteína. Esses modelos preditivos foram desenvolvidos para prever os teores de aminoácidos totais em trigo⁽⁶⁾, milho^(3,6) e soja⁽³⁾; o coeficiente de digestibilidade de aminoácidos em milho⁽⁷⁾ e os teores de aminoácidos digestíveis em milho⁽⁸⁾ e sorgo⁽⁹⁾. Os resultados desses estudos destacam a importância de ampliar a representatividade das amostras, considerando diferentes combinações de bases genéticas e datas de semeadura.

Entretanto, não há registros de pesquisas que avaliaram os teores de proteína e aminoácidos digestíveis em grãos de milho provenientes de bases genéticas (híbridos simples, triplos, duplos e variedades de polinização aberta) sob diferentes condições meteorológicas. Embora já se conheça a influência de fatores como teor de óleo⁽¹⁰⁾, tipo de endosperma⁽²⁾, origem geográfica^(11,8), genótipo⁽¹²⁾ e processos industriais, como a extrusão⁽¹³⁾, na síntese desses compostos ainda persiste uma lacuna quanto à interação entre bases genéticas e condições meteorológicas.

Pesquisas indicam que baixos volumes de precipitação pluviométrica promovem o aumento do teor de proteína dos grãos de milho⁽¹⁴⁻¹⁶⁾, enquanto relações positivas foram observadas entre a temperatura do ar e o teor de proteína nos grãos^(17,14). Modelos preditivos corroboram essa relação, mostrando associações positivas entre a proteína bruta e a temperatura acumulada antes da antese ($R^2 = 0,31$) e a temperatura média diária após a antese ($R^2 = 0,83$)⁽¹⁸⁾, bem como entre os teores de aminoácidos totais e a temperatura mínima, máxima e a radiação solar global⁽¹⁹⁾. Esses resultados reforçam a importância de alinhar o estágio de desenvolvimento do milho às condições ambientais, a fim de otimizar a qualidade nutricional dos grãos.

O conhecimento detalhado da composição nutricional do milho, considerando sua origem genética e ambiente de cultivo, pode maximizar sua utilização na formulação de rações. Isso contribui para rações

adequadas e ambientalmente sustentáveis, reduzindo a excreção de nutrientes no sistema de produção suína. Este estudo teve por objetivo avaliar se há variabilidade da composição nutricional proteica de grãos entre as bases genéticas de milho (híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta) e as datas de semeadura, e prever os aminoácidos digestíveis para suínos com base na proteína bruta e nas variáveis meteorológicas.

2. Material e métodos

Os experimentos foram realizados na área do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Santa Maria, localizada a 29°42'S, 53°49'O e 95 m de altitude. De acordo com a classificação de Köppen, o clima da região é classificado como Cfa subtropical úmido, com verões quentes e sem estação seca definida⁽²⁰⁾. O solo da região é classificado como Argissolo vermelho distrófico arênico⁽²¹⁾.

Na safra 2021/2022 foram avaliados genótipos de milho em cinco datas de semeadura: 21 de setembro de 2021, 20 de outubro de 2021, 20 de novembro de 2021, 20 de dezembro de 2021 e 30 de janeiro de 2022. Com exceção da semeadura em 21 de setembro de 2021, que foi composta por 71 genótipos, em todas as demais datas foram semeados 78 genótipos de milho de diferentes bases genéticas (híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta). Na safra de 2022/2023 foram avaliados os mesmos 78 genótipos de milho em cinco datas de semeadura: 06 de setembro de 2022, 14 de outubro de 2022, 24 de novembro de 2022, 30 de dezembro de 2022 e 06 de fevereiro de 2023. Neste estudo, os genótipos de milho foram repetidos em dez datas de semeadura. Estatísticas descritivas, análise de componentes principais, correlação e regressão linear simples e múltipla foram realizadas com base nessas repetições. Os experimentos foram conduzidos sem a utilização de irrigação suplementar.

Em cada data de semeadura os genótipos de milho foram semeados em parcelas de uma fileira, lado a lado. Cada parcela foi constituída por uma fileira de 5 m de comprimento espaçada em 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas na fileira, totalizando 4 m². A densidade foi ajustada por meio de desbaste para 62.500 plantas ha⁻¹ (25 plantas por parcela). Foram feitas bordaduras nas laterais e extremidades dos blocos, com plantas de milho. Realizou-se a gradagem da área e a adubação com 415 kg ha⁻¹ de adubo químico da fórmula (NPK) 05-20-20. A adubação nitrogenada com ureia (N - 46 %) foi fracionada, sendo a primeira aplicação de 250 kg ha⁻¹ no estádio V4 e a segunda de 150 kg ha⁻¹ no estádio V6 da cultura. Os demais manejos culturais, como controle de plantas daninhas, pragas e doenças, foram realizados de acordo com as indicações técnicas para a cultura de milho, de forma homogênea em todos os genótipos⁽²²⁾.

No ponto de colheita das plantas de milho, quando a palha da espiga e da folha da base da espiga estavam 100% senescentes, todas as espigas foram colhidas individualmente para cada genótipo e em cada data de semeadura. Em seguida, as espigas foram debulhadas, e de cada combinação genótipo × data de semeadura foi retirada uma amostra de 100 g de grãos, totalizando 773 amostras. As amostras foram acondicionadas em sacos de papel e levadas à estufa com circulação forçada de ar até atingirem 13% de umidade. Posteriormente, os grãos foram moídos em Moinho Retsch (modelo ZM 200) acoplado com peneira de 1 mm para obtenção de amostras. Em seguida, amostras moídas foram escaneadas em equipamento NIRS FOSS DS2500 por meio de Espectroscopia de Refletância no Infravermelho

Próximo (*Near Infrared Reflectance Spectroscopy*), da empresa Adisseo Brasil Nutrição Animal. Com os espectros de absorvância, gerados para cada amostra, as predições dos teores nutricionais foram determinadas utilizando calibração multivariada para milho moído na plataforma Precision Nutrition Evaluation (PNE). Assim, para cada amostra foi estimado o teor de proteína bruta (CP, g/100 g) e os teores dos seguintes aminoácidos digestíveis para suínos: lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g).

As variáveis meteorológicas foram obtidas na estação do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), localizada a 100 metros da área experimental. Foi obtido, para cada dia, a radiação solar global horária, em MJ m⁻² hora⁻¹, as temperaturas máximas e mínimas horárias, em °C, e a precipitação pluviométrica em mm, para o período entre a semeadura e o ponto de colheita dos genótipos, referente a cada data de semeadura. Para cada dia, foi calculada a radiação solar global diária, em MJ m⁻² dia⁻¹, por meio do somatório da radiação solar global horária, em MJ m⁻² hora⁻¹. Após, para cada genótipo, em cada data de semeadura, a partir da radiação solar global diária, foi calculada a radiação solar global acumulada nos subperíodos: semeadura ao florescimento feminino (RSFF, MJ m⁻²) e florescimento feminino à colheita (RFFC, MJ m⁻²).

Para cada dia, a partir das temperaturas máximas (Tmax) e mínimas (Tmin) horárias, calcularam-se os 24 valores de temperatura média horária. Em seguida, calculou-se a temperatura média (Tmed) diária do ar, em °C, pela média dos 24 valores de temperatura média horária. Após, calculou-se os graus dias (GD, em °C) por meio do método proposto por Arnold ⁽²³⁾ pela expressão: $GD = Tmed - Tb$, onde: Tmed = temperatura média diária do ar, em °C, e Tb = temperatura base inferior (10 °C). A Tb é a temperatura abaixo da qual não ocorre o desenvolvimento da planta e se algum desenvolvimento ocorrer, ocorrerá a uma taxa significativamente reduzida. Quando $Tmed \leq Tb$ foi considerado GD igual a zero. Para cada genótipo, em cada data de semeadura, a soma térmica foi obtida somando-se os valores de GD de cada um dos seguintes subperíodos: semeadura ao florescimento feminino (SSFF, °C dia) e florescimento feminino à colheita (SFFC, °C dia). Para cada genótipo, em cada data de semeadura, foi calculada a precipitação pluviométrica acumulada em cada um dos seguintes subperíodos: semeadura ao florescimento feminino (PSFF, mm) e florescimento feminino à colheita (PFFC, mm).

Foram desenvolvidos gráficos de densidade e de barras para as variáveis meteorológicas em cada data de semeadura, a fim de caracterizar as condições meteorológicas em cada ambiente. Para cada caractere nutricional proteico, em cada data de semeadura, foram calculadas as estatísticas: mínimo, média, máximo e coeficiente de variação. Após, para cada caractere, em cada data de semeadura e base genética, foi calculada a média, o coeficiente de variação e construído um gráfico Boxplot para representar a distribuição dos caracteres nutricionais proteicos. As médias dos caracteres entre as datas de semeadura, independentemente das bases genéticas, e entre as bases genéticas em cada data de semeadura foram comparadas por meio do teste t de *Student* a 5% de significância. Aplicou-se a análise de componentes principais para agrupar por bases genéticas e por datas de semeadura com base nos caracteres nutricionais proteicos e variáveis meteorológicas. Para cada base genética de milho, calcularam-se os coeficientes de correlação linear de Pearson entre os pares de caracteres, com a significância dos coeficientes verificada pelo teste t de *Student* a 5%. Para cada base genética de milho

foi realizada a regressão linear simples ($y = a + bx$) da Lys (y), Met (y), Cys (y), Thr (y), Trp (y), Val (y), Ile (y), Leu (y), Phe (y), His (y) e Arg (y) em função da CP (x).

Para cada base genética, estimaram-se os parâmetros do modelo de regressão linear múltipla stepwise com seleção backward e o coeficiente de determinação ajustado (R^2), considerando a CP e os aminoácidos digestíveis como variável dependente e as demais variáveis (RSFF, RFFC, SSFF, SFFC, PSFF, PFFC) como independentes. Calculou-se o coeficiente de determinação da validação cruzada *leave-one-out* (R^2_{cv}), a qual gera o modelo com n-1 observações e o avalia utilizando a observação restante. Esse procedimento foi repetido n vezes, excluindo em cada momento uma observação diferente. Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do software R ⁽²⁴⁾.

3. Resultados

3.1 Variabilidade dos caracteres nutricionais proteicos

Houve maior ocorrência de altos valores de radiação solar global, temperatura média do ar e graus dia no estádio vegetativo e reprodutivo nas sementeiras de setembro, outubro e novembro das duas safras de cultivo (Figura 1). Em geral, houve maior precipitação pluviométrica nas sementeiras da safra de 2021/2022 em relação às sementeiras da safra de 2022/2023. As sementeiras realizadas em dezembro, janeiro e fevereiro das duas safras apresentaram menor frequência de altos valores diários dessas variáveis. As sementeiras em setembro, dezembro e janeiro de 2021/2022 e em dezembro de 2022/2023 acumularam precipitação pluviométrica superior a 200 mm nos estádios vegetativo e reprodutivo. Os menores acúmulos (< 200 mm) ocorreram nas sementeiras de setembro e novembro da safra de 2022/2023.

Os teores de CP e aminoácidos digestíveis apresentaram variações, com destaque para a maior variabilidade observada em Leu e Phe, cujos coeficientes de variação foram superiores a 13,055 % (Tabela 1). A sequência decrescente de variabilidade foi: Leu, Phe, Ile, Thr, Val, Trp, CP, His, Cys, Arg, Lys e Met, com valores de CV variando entre 15,446 % e 8,560 %. As sementeiras realizadas em 21 de setembro de 2021, 30 de janeiro de 2021 e 6 de fevereiro de 2023 foram associadas às maiores variações nos teores de CP e aminoácidos digestíveis, destacando a influência das condições de cultivo sobre esses caracteres nutricionais.

Tabela 1. Teores mínimos (Mín), médios (Med), máximos (Max) e coeficiente de variação (CV, %) dos caracteres nutricionais proteicos de híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023.

Datas*	CP (g/100 g)				Lys (g/100 g)				Met (g/100 g)			
	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV
21/09/2021	6,810	8,244e	10,290	10,076	0,170	0,191ef	0,230	6,800	0,120	0,139d	0,160	6,616
20/10//2021	7,550	9,572b	11,570	8,285	0,190	0,214b	0,240	4,789	0,130	0,153b	0,170	6,063
20/11/2021	7,200	8,705d	10,760	7,966	0,170	0,200d	0,220	5,439	0,130	0,142c	0,170	5,678
20/12/2021	7,190	8,858d	10,660	7,861	0,170	0,194e	0,220	6,292	0,120	0,143c	0,160	5,743
30/01//2022	7,370	8,762d	10,650	8,987	0,160	0,191ef	0,230	7,565	0,130	0,139d	0,160	5,529
06/09/2022	7,800	9,584b	11,870	7,692	0,160	0,202d	0,230	8,244	0,140	0,159a	0,190	8,052
14/10/2022	7,710	9,616b	11,930	7,785	0,200	0,227a	0,260	5,305	0,130	0,153b	0,180	5,750
24/11//2022	8,340	9,975a	11,670	7,320	0,200	0,226a	0,250	4,981	0,140	0,156a	0,170	5,005
30/12/2022	7,300	9,149c	11,440	8,027	0,190	0,211c	0,250	6,072	0,130	0,145c	0,160	5,187
06/02/2023	6,340	7,967f	10,650	9,563	0,140	0,188f	0,230	7,531	0,110	0,131e	0,190	8,953
Geral	6,340	9,051	11,930	10,695	0,140	0,205	0,260	9,152	0,110	0,146	0,190	8,560
Datas	Cys (g/100 g)				Thr (g/100 g)				Trp (g/100 g)			
	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV
21/09/2021	0,130	0,157e	0,190	8,569	0,170	0,218e	0,280	11,951	0,050	0,055d	0,070	9,644
20/10//2021	0,150	0,179c	0,210	7,064	0,190	0,253bc	0,300	8,550	0,050	0,060bc	0,070	7,812
20/11/2021	0,140	0,165d	0,200	6,615	0,190	0,230d	0,280	8,192	0,050	0,056d	0,070	9,687
20/12/2021	0,140	0,164d	0,190	6,612	0,180	0,231d	0,290	8,663	0,050	0,056d	0,070	9,180
30/01//2022	0,140	0,163d	0,200	8,060	0,170	0,220e	0,270	10,138	0,050	0,056d	0,070	10,626
06/09/2022	0,150	0,175c	0,200	6,796	0,190	0,248c	0,290	8,434	0,050	0,062b	0,080	7,443
14/10/2022	0,150	0,187b	0,220	6,902	0,210	0,269a	0,330	7,609	0,050	0,062bc	0,080	9,471
24/11//2022	0,160	0,192a	0,220	6,562	0,230	0,275a	0,320	7,068	0,050	0,063a	0,070	8,356
30/12/2022	0,150	0,176c	0,210	6,649	0,210	0,255b	0,300	7,346	0,050	0,060c	0,090	9,515
06/02/2023	0,130	0,152f	0,190	8,645	0,150	0,210f	0,270	11,180	0,040	0,052e	0,070	9,572
Geral	0,130	0,171	0,220	10,173	0,150	0,241	0,330	12,429	0,040	0,058	0,090	10,907
Datas	Val (g/100 g)				Ile (g/100 g)				Leu (g/100 g)			
	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV
21/09/2021	0,280	0,345e	0,430	10,340	0,190	0,237e	0,310	12,484	0,600	0,841e	1,180	15,814
20/10//2021	0,310	0,403c	0,490	8,702	0,210	0,281c	0,360	10,130	0,700	1,030bc	1,360	12,109
20/11/2021	0,310	0,367d	0,460	7,747	0,200	0,251d	0,320	9,328	0,690	0,908d	1,250	12,121
20/12/2021	0,300	0,370d	0,450	7,919	0,200	0,257d	0,320	9,626	0,680	0,940d	1,250	11,918
30/01//2022	0,310	0,365d	0,450	8,917	0,210	0,257d	0,330	10,951	0,720	0,932d	1,210	12,585
06/09/2022	0,320	0,396c	0,470	7,318	0,220	0,280c	0,350	8,531	0,760	1,046b	1,390	11,153
14/10/2022	0,320	0,421b	0,520	8,269	0,220	0,291b	0,380	9,375	0,770	1,066b	1,430	10,746
24/11//2022	0,350	0,435a	0,520	7,732	0,230	0,303a	0,370	9,124	0,820	1,121a	1,420	10,348
30/12/2022	0,320	0,397c	0,500	7,986	0,210	0,274c	0,360	9,370	0,740	1,007c	1,230	10,707
06/02/2023	0,270	0,335e	0,440	10,111	0,180	0,232e	0,330	11,814	0,540	0,816e	1,190	14,962
Geral	0,270	0,384	0,520	11,600	0,180	0,267	0,380	12,918	0,540	0,972	1,430	15,446
Datas	Phe (g/100 g)				His (g/100 g)				Arg (g/100 g)			
	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV	Mín	Med	Máx	CV
21/09/2021	0,280	0,355e	0,470	12,812	0,170	0,201e	0,240	8,796	0,310	0,350g	0,410	6,981
20/10//2021	0,320	0,427c	0,540	10,325	0,180	0,230b	0,270	7,579	0,330	0,397b	0,440	5,938
20/11/2021	0,300	0,380d	0,500	9,902	0,180	0,212d	0,250	6,535	0,310	0,367e	0,420	5,859
20/12/2021	0,290	0,388d	0,490	10,002	0,180	0,213d	0,250	6,816	0,300	0,361f	0,410	6,095
30/01//2022	0,320	0,388d	0,490	10,954	0,180	0,206e	0,240	7,467	0,290	0,346g	0,410	7,634
06/09/2022	0,330	0,427c	0,540	9,066	0,190	0,226b	0,260	6,237	0,340	0,386c	0,430	5,125
14/10/2022	0,320	0,443b	0,580	9,915	0,190	0,236a	0,280	7,212	0,340	0,408a	0,480	6,411
24/11//2022	0,360	0,462a	0,570	9,252	0,200	0,241a	0,270	6,199	0,370	0,413a	0,460	5,496
30/12/2022	0,320	0,418c	0,530	9,424	0,190	0,221c	0,260	6,943	0,320	0,378d	0,430	6,431
06/02/2023	0,270	0,349e	0,490	12,686	0,150	0,187f	0,230	9,026	0,270	0,328h	0,400	7,467
Geral	0,270	0,404	0,580	13,505	0,150	0,217	0,280	10,224	0,270	0,374	0,480	9,525

*71 amostras (21/09/2021); 78 amostras (20/10//2021, 20/11/2021, 20/12/2021, 30/01//2022, 06/09/2022, 14/10/2022, 24/11//2022, 30/12/2022 e 06/02/2023); 773 amostras (Geral). Médias não seguidas pela mesma letra minúscula na coluna diferem a 5% de significância pelo teste t de Student. Caracteres proteicos: proteína bruta (CP), lisina (Lys), metionina (Met), cistina (Cys), treonina (Thr), triptofano (Trp), valina (Val), isoleucina (Ile), leucina (Leu), fenilalanina (Phe), histidina (His) e arginina (Arg).

Houve diferença significativa dos teores médios dos caracteres nutricionais proteicos entre as datas de semeadura (Tabela 1 e Figura 2). A semeadura realizada em 24 de novembro de 2022 apresentou as maiores médias dos teores de CP e aminoácidos digestíveis, com redução gradativa em direção à primeira (06 de setembro) e à quinta (06 de fevereiro) data de semeadura. Na safra 2021/2022, a semeadura realizada em 20 de outubro destacou-se por apresentar as maiores médias dos teores de CP e aminoácidos digestíveis, superando a média geral das dez datas de semeadura. Na safra 2022/2023, com exceção da semeadura em 06 de fevereiro, todas apresentaram médias dos teores de CP e aminoácidos digestíveis superiores à média geral.

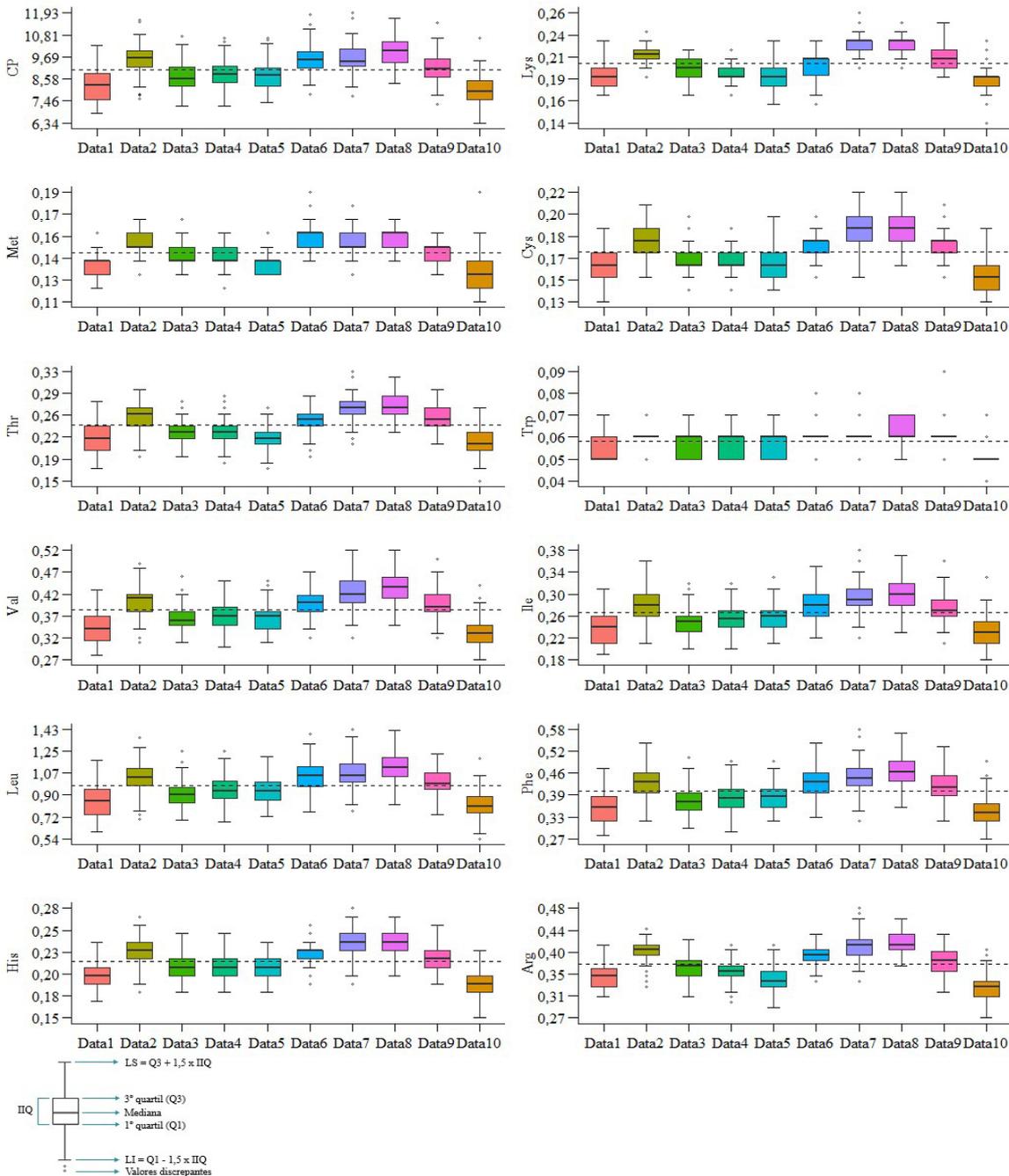


Figura 2. Boxplot representando a distribuição dos dados dos caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100 g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g), de dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023. Data1: 21/09/2021; Data2: 20/10/2021; Data3: 20/11/2021; Data4: 20/12/2021; Data5: 30/01/2022; Data6: 06/09/2022; Data7: 14/10/2022; Data8: 24/11/2022; Data9: 30/12/2022; Data10: 06/02/2023. LS: limite superior; LI: limite inferior; e IIQ: intervalo interquartil. Linha pontilhada representa a média geral de cada caractere.

Na safra 2021/2022, os híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e as variedades de polinização aberta (VPAs) apresentaram maiores médias dos teores de todos os caracteres quando semeados em 20 de outubro, com desempenho superior à média geral (Tabela 2 e 3 e Figuras 3 e 4). Em média, os híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e as variedades de polinização aberta apresentaram maiores teores de todos os caracteres na safra 2022/2023. Nesta safra, todas as bases genéticas exibiram as maiores médias dos teores dos doze caracteres na semeadura em 24 de novembro, com redução gradativa no sentido da semeadura em 06 de setembro e em 06 de fevereiro.

Tabela 2. Teores médios dos caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100 g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g), de híbridos simples (HS), híbridos triplo (HT), híbridos duplo (HD) e variedades de polinização aberta (VA) semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023.

Datas	BG	CP	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
	HS	8,023b	0,188b	0,137b	0,154b	0,211b	0,054b	0,335b	0,229b	0,807b	0,343b	0,197b	0,343b
	HT	8,166b	0,191b	0,136b	0,157b	0,216b		0,341b	0,233b	0,826b	0,350b	0,199b	0,347b
	HD			0,170a				0,377a	0,263a			0,217a	
	VA	9,414a	0,207a	0,152a	0,175a	0,252a	0,060a	0,395a	0,276a	1,021a	0,420a	0,226a	0,386a
20/10/2021	HS	9,487a	0,214a			0,250a		0,398a	0,277a		0,423a		0,394a
	HT	9,512a	0,214a	0,151b	0,177b	0,253a	0,060b	0,401a	0,279a	1,019b	0,422a	0,229b	0,397a
	HD	9,797a	0,212a	0,158a		0,260a	0,062a	0,415a	0,290a		0,441a		0,403a
	VA	9,954a	0,219a	0,159a	0,185a	0,265a	0,062a	0,420a	0,295a	1,093a	0,448a	0,239a	0,411a
20/11/2021	HS	8,601b	0,199b	0,141b	0,163b	0,227b	0,055b	0,362b	0,248b	0,892b	0,375b	0,209b	0,364b
	HT		0,198b	0,142b	0,165b		0,056b	0,369b				0,213b	0,365b
	HD	8,523b	0,199b		0,163b	0,225b	0,055b	0,360b	0,244b	0,876b	0,370b	0,210b	0,366b
	VA	9,352a	0,210a	0,150a	0,176a	0,249a	0,061a	0,395a	0,273a	1,001a	0,414a	0,228a	0,391a
20/12/2021	HS	8,749b		0,142b	0,162b	0,227b	0,056b	0,365b	0,254b	0,920b	0,382b	0,210b	0,359b
	HT	8,763b	0,190b	0,140b	0,162b	0,231b	0,055b	0,367b	0,254b	0,931b	0,383b	0,210b	0,354b
	HD	8,686b		0,141b	0,163b	0,226b	0,055b	0,365b	0,249b	0,916b	0,378b	0,212b	0,356b
	VA	9,853a	0,203a	0,155a	0,177a	0,261a	0,060a	0,412a	0,292a	1,100a	0,444a	0,234a	0,388a
30/01/2022	HS		0,193a	0,139b			0,056a					0,205b	
	HT		0,192a				0,054a					0,205b	
	HD	8,350b	0,180b	0,138b	0,155b	0,207b	0,054a	0,349b	0,240b	0,881b	0,365b	0,201b	0,333b
	VA	9,192a	0,195a	0,145a	0,173a	0,233a	0,057a	0,385a	0,273a	1,006a	0,411a	0,220a	0,361a
06/09/2022	HS	9,385b	0,201a	0,157b	0,173b	0,243b	0,061b	0,388c		1,015b	0,417b	0,221c	0,381b
	HT	9,541b	0,199a	0,158b	0,174b	0,247b	0,061b	0,394c	0,279c	1,038b	0,423b	0,225c	0,385b
	HD	9,876b	0,205a		0,177b	0,260a		0,410b	0,290b	1,094b	0,442b	0,232b	
	VA		0,209a	0,173a	0,192a	0,270a	0,066a	0,438a	0,312a	1,196a	0,480a	0,249a	0,412a
14/10/2022	HS	9,415b	0,224b	0,150b	0,184b	0,264b	0,060b	0,411b	0,284b	1,037b	0,431b	0,231b	0,401b
	HT	9,599b	0,226b	0,153b	0,188b	0,271b	0,061b	0,423b	0,290b	1,065b	0,444b	0,237b	0,407b
	HD		0,229b										0,416b
	VA		0,244a	0,161a	0,204a	0,294a	0,069a	0,461a	0,323a	1,191a	0,494a	0,255a	0,442a
24/11/2022	HS	9,768b	0,224b	0,154b	0,188b	0,269b	0,062b	0,425b	0,294b	1,089b	0,449b	0,237b	0,407b
	HT		0,227b		0,196a	0,283a	0,065a	0,448a	0,316a	1,171a	0,480a	0,246a	
	HD		0,229b			0,282a							0,416b
	VA		0,237a	0,164a	0,204a	0,291a	0,068a	0,465a	0,325a	1,209a	0,497a	0,252a	0,436a
30/12/2022	HS	9,104b	0,210a	0,145b	0,176b	0,253b	0,060b	0,394b	0,273b	0,999b	0,415b	0,219b	0,377b
	HT	9,015b	0,208a	0,143b	0,173b	0,253b	0,057b	0,393b	0,270b	0,989b	0,413b	0,219b	0,373b
	HD		0,209a	0,144b	0,175b	0,251b		0,391b		0,986b	0,411b	0,220b	0,374b
	VA	9,821a	0,217a	0,151a	0,189a	0,273a	0,065a	0,429a	0,297a	1,109a	0,456a	0,238a	0,399a
06/02/2023	HS	7,976b	0,189a	0,130b	0,151a	0,209a	0,052a					0,186b	0,327b
	HT	7,767b	0,184a	0,128b	0,149a	0,207a	0,051a					0,183b	0,321b
	HD	7,690b	0,184a		0,149a	0,205a	0,050a	0,329b	0,224b	0,789b	0,339b	0,186b	
	VA	8,570a	0,190a	0,144a	0,160a	0,222a	0,054a	0,359a	0,249a	0,900a	0,380a	0,203a	0,348a
Geral	HS	8,931b	0,204b	0,145c	0,169b	0,237b	0,058b	0,378b	0,262b	0,952b	0,397b	0,214c	0,370b
	HT	9,018b	0,203b		0,171b	0,242b	0,058b	0,383b	0,266b	0,969b	0,403b		0,372b
	HD	9,081b	0,204b	0,148b	0,172b	0,244b	0,058b	0,388b	0,268b	0,982b	0,408b	0,220b	0,376b
	VA	9,787a	0,213a	0,155a	0,183a	0,261a	0,062a	0,416a	0,291a	1,083a	0,444a	0,234a	0,398a

BG: base genética. Médias não seguidas pela mesma letra minúscula na coluna diferem a 5% de significância pelo teste t de Student.

Tabela 3. Coeficiente de variação (%) dos caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100 g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g), de híbridos simples (HS), híbridos triplos (HT), híbridos duplos (HD) e variedades de polinização aberta (VA) semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023.

Datas	BG	n	CP	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
21/09/2021	HS	46	9,359	6,241	6,132	8,271	11,270	9,152	9,615	11,605	14,980	11,910	8,185	6,351
	HT	14	7,356	4,959	4,642	5,816	9,220	9,218	7,232	9,739	12,059	9,443	5,879	4,580
	HD	3	4,532	2,839	4,028	5,882	7,217	10,189	5,527	5,801	8,603	6,784	5,329	3,149
	VA	8	7,402	6,693	4,637	5,290	8,401	8,909	7,287	9,467	10,934	8,999	6,223	5,349
20/10/2021	HS	47	9,747	5,211	6,950	8,284	10,059	8,889	10,246	11,828	14,268	12,114	8,987	6,931
	HT	15	4,742	3,870	3,038	3,494	5,714	0,000	4,853	6,196	7,288	6,153	4,331	3,221
	HD	8	4,857	3,328	4,490	3,536	5,036	7,407	5,152	6,646	7,350	6,345	3,940	3,450
	VA	8	6,227	5,147	4,037	6,461	4,510	7,407	6,235	7,018	8,428	7,531	5,221	4,765
20/11/2021	HS	47	8,183	5,470	5,833	6,880	8,159	9,866	7,915	9,383	12,392	10,153	6,786	6,105
	HT	15	7,991	5,122	4,761	5,991	8,823	9,055	7,553	9,717	12,983	10,299	5,786	5,054
	HD	8	5,276	4,986	4,962	4,351	5,312	9,719	4,924	6,556	7,690	6,928	3,600	4,112
	VA	8	5,282	4,409	5,040	4,221	5,011	5,772	5,579	6,724	7,818	6,051	3,896	3,726
20/12/2021	HS	47	6,517	6,756	4,792	5,597	6,704	9,616	6,483	7,901	9,841	8,091	5,774	5,533
	HT	15	8,688	5,263	6,037	7,451	10,294	9,332	8,967	10,395	13,231	11,400	7,199	6,564
	HD	8	7,326	3,673	4,537	6,370	7,063	9,719	6,549	10,179	11,505	9,577	4,871	3,952
	VA	8	6,177	5,753	4,877	5,832	7,216	0,000	6,702	7,479	9,078	7,801	6,443	5,645
30/01/2022	HS	47	9,156	7,992	5,460	8,002	9,975	11,354	9,003	11,165	12,580	11,177	7,469	7,663
	HT	15	9,546	7,675	6,342	8,527	11,491	9,391	9,409	11,330	13,658	11,596	8,205	8,900
	HD	8	7,495	5,143	5,143	7,711	8,044	9,629	7,730	8,909	11,043	9,027	5,595	6,174
	VA	8	6,770	3,877	3,686	5,139	8,525	8,051	6,942	8,028	10,217	8,058	4,859	4,546
06/09/2022	HS	47	7,755	7,805	7,681	6,991	8,953	6,706	7,486	8,773	11,514	9,137	5,856	4,892
	HT	15	5,438	8,578	6,419	3,635	5,665	5,737	4,047	4,865	7,946	6,292	3,711	3,518
	HD	8	3,001	8,648	7,888	4,994	5,036	5,772	3,449	3,192	4,058	3,772	3,812	4,688
	VA	8	6,309	10,061	8,626	3,673	5,599	11,231	4,363	6,343	8,129	6,682	3,355	3,833
14/10/2022	HS	47	7,094	4,971	5,361	6,264	7,267	8,114	7,947	8,825	10,051	9,295	6,928	5,904
	HT	15	5,955	4,028	4,610	5,395	5,492	5,737	5,896	7,019	7,940	7,604	5,152	5,287
	HD	8	6,887	4,332	4,490	7,214	6,399	11,314	7,165	8,215	10,026	8,471	6,178	4,963
	VA	8	8,196	4,351	6,983	5,829	7,707	12,139	8,148	10,048	11,960	10,380	6,952	6,010
24/11/2022	HS	47	7,229	4,978	4,974	6,801	6,836	8,177	7,524	8,960	10,200	9,113	6,187	5,577
	HT	15	6,276	5,379	4,279	5,029	5,764	7,904	6,707	7,733	8,883	8,030	5,049	4,163
	HD	8	5,251	2,802	2,939	3,877	5,267	8,118	5,634	6,446	8,658	6,443	5,343	3,382
	VA	8	6,871	2,977	4,544	5,206	6,973	6,858	7,270	8,546	10,020	8,646	5,893	4,891
30/12/2022	HS	47	7,312	5,859	5,554	6,264	6,980	7,390	7,345	8,364	10,232	8,779	6,746	6,588
	HT	15	8,643	5,512	4,161	6,419	7,258	10,354	8,080	9,997	11,490	9,919	6,437	5,514
	HD	8	6,430	5,394	3,600	5,290	6,873	0,000	6,326	7,919	9,603	7,403	4,859	5,709
	VA	8	9,533	8,424	4,237	7,185	7,533	16,447	9,448	11,884	9,428	10,409	7,028	6,060
06/02/2023	HS	47	10,101	7,782	8,039	8,676	10,943	10,911	10,339	12,578	15,072	13,237	9,086	8,257
	HT	15	9,399	4,500	6,052	9,627	13,819	6,855	11,285	12,270	17,639	13,258	9,372	5,746
	HD	8	5,673	4,986	5,815	6,662	10,099	0,000	6,790	6,292	9,970	7,800	7,559	4,581
	VA	8	6,123	11,599	13,882	7,470	7,877	9,629	7,805	8,712	10,919	10,240	6,330	5,492
Geral	HS	469	10,460	8,881	8,265	9,957	12,117	10,539	11,343	12,613	15,263	13,265	10,052	9,324
	HT	149	10,626	8,994	8,130	9,943	12,603	10,227	11,524	12,903	15,521	13,477	10,113	9,525
	HD	75	10,165	9,253	8,544	10,210	12,583	10,840	11,138	12,531	14,387	12,792	9,681	9,260
	VA	80	9,311	9,893	8,316	9,057	10,692	11,706	10,250	11,399	12,806	11,629	8,505	8,636

BG: base genética; n: número de amostras.

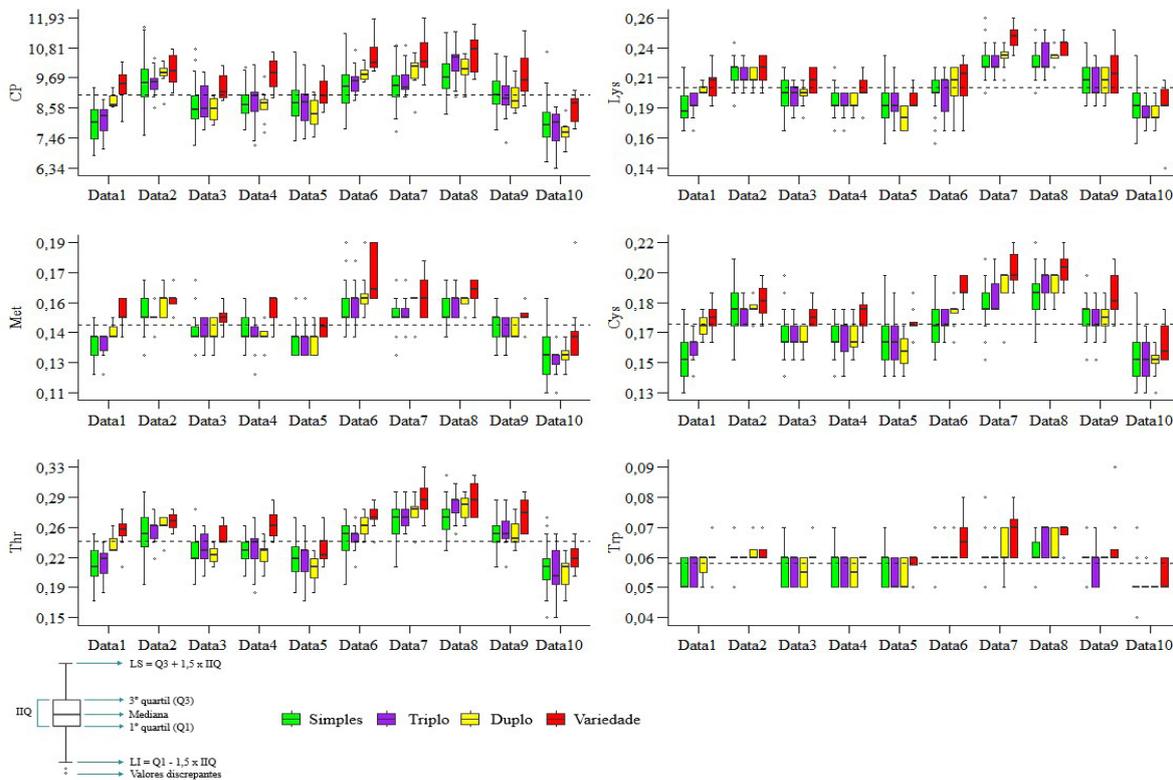


Figura 3. Boxplot representando a distribuição dos dados dos caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100 g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g) e triptofano (Trp, g/100 g), de híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023. Data1: 21/09/2021; Data2: 20/10/2021; Data3: 20/11/2021; Data4: 20/12/2021; Data5: 30/01/2022; Data6: 06/09/2022; Data7: 14/10/2022; Data8: 24/11/2022; Data9: 30/12/2022; Data10: 06/02/2023. LS: limite superior; LI: limite inferior; e IIQ: intervalo interquartil. Linha pontilhada representa a média geral de cada caractere.

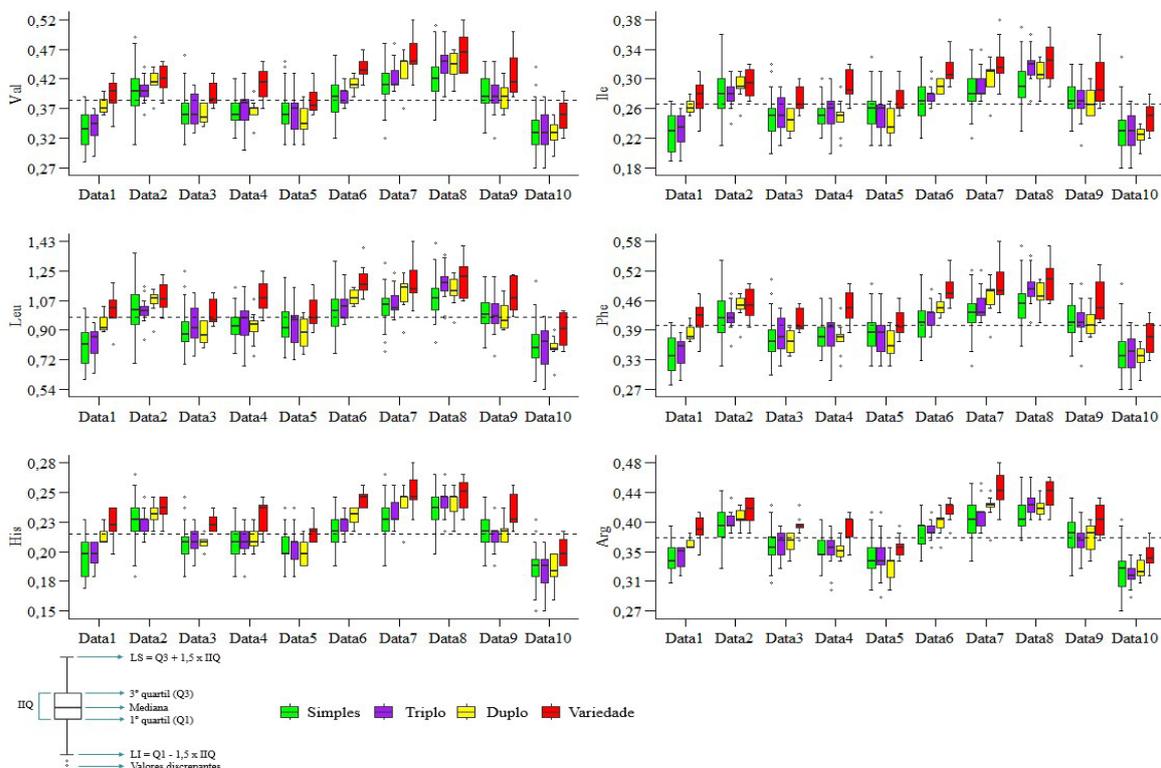


Figura 4. Boxplot representando a distribuição dos dados dos caracteres nutricionais proteicos: valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g), de híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023. Data1: 21/09/2021; Data2: 20/10/2021; Data3: 20/11/2021; Data4: 20/12/2021; Data5: 30/01/2022; Data6: 06/09/2022; Data7: 14/10/2022; Data8: 24/11/2022; Data9: 30/12/2022; Data10: 06/02/2023. LS: limite superior; LI: limite inferior; e IIQ: intervalo interquartil. Linha pontilhada representa a média geral de cada caractere.

Houve diferença significativa entre as bases genéticas para os teores dos caracteres nutricionais proteicos. As variedades de polinização aberta apresentaram as maiores médias dos teores de CP e aminoácidos digestíveis nas dez datas de semeadura. Na média geral das dez datas de semeadura, as variedades de polinização aberta apresentaram média estatisticamente superior às demais bases genéticas de milho para todos os caracteres nutricionais proteicos. Além disso, a média das variedades de polinização aberta foi estatisticamente superior à média geral dos híbridos (híbridos simples + híbridos triplos + híbridos duplos) para todos os caracteres.

A superioridade das variedades de polinização aberta em relação aos híbridos simples, triplo e duplo variou de 4,65 % a 13,92 %, 4,97 % a 12,21 % e 4,40 % a 10,92 %, respectivamente, considerando todos os caracteres. A maior diferença foi registrada para o caractere Leu, entre variedades de polinização aberta e híbridos simples, na semeadura de 21 de novembro de 2021, com 26,59 %. As maiores diferenças entre as variedades de polinização aberta e as demais bases genéticas foram registradas, em ordem decrescente, para os caracteres Leu, Phe, Ile, Val, CP, Thr, His, Cys, Trp, Met, Arg e Lys. Observou-se variação nos teores dos caracteres em todas as bases genéticas de milho, com a magnitude dessas variações influenciada tanto pela base genética quanto pelas datas de semeadura.

Os dois primeiros componentes principais explicaram 78,60% da variação total dos dados (Figura 5). As variedades de polinização aberta apresentaram as maiores médias para os caracteres nutricionais proteicos. Nas duas safras agrícolas analisadas, as datas de semeadura foram distribuídas em cinco períodos: a primeira em setembro (21/09/2021 e 06/09/2022), a segunda em outubro (20/10/2021 e 14/10/2022), a terceira em novembro (20/11/2021 e 24/11/2022), a quarta em dezembro (20/12/2021 e 30/12/2022) e a quinta entre janeiro e fevereiro (30/01/2022 e 06/02/2023). As diferenças nas datas de semeadura entre as duas safras, em termos de dia e mês, foram mínimas, com variações de 15, 6, 4, 10 e 7 dias para a primeira, segunda, terceira, quarta e quinta datas de semeadura, respectivamente.

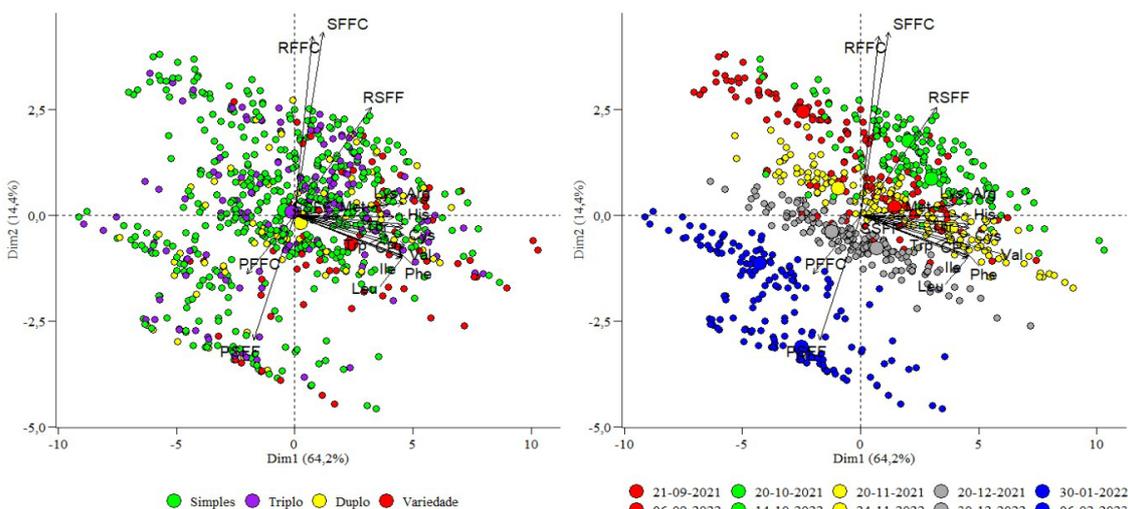


Figura 5. Variabilidade dos dados ($n = 773$ amostras) representada por dois componentes principais estratificado por quatro bases genéticas e dez datas de semeadura. Variáveis meteorológicas: radiação solar global acumulada da semeadura ao florescimento feminino (RSFF, MJ m⁻²), radiação solar global acumulada do florescimento feminino à colheita (RFFC, MJ m⁻²), soma térmica da semeadura ao florescimento feminino (SSFF, °C dia), soma térmica do florescimento feminino à colheita (SFFC, °C dia), precipitação pluviométrica acumulada da semeadura ao florescimento feminino (PSFF, mm) e precipitação pluviométrica acumulada do florescimento feminino à colheita (PFFC, mm). Caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g). Os círculos maiores correspondem ao desempenho médio de cada grupo.

As datas de semeadura apresentaram maior influência na expressão da CP e aminoácidos digestíveis em comparação com as bases genéticas. A maior precipitação pluviométrica e menores valores de RSFF, RFFC, SSFF e SFFC foram registrados nas semeaduras dos meses de dezembro, janeiro e fevereiro. A menor precipitação pluviométrica e maiores valores de RSFF e SSFF foram registrados nas semeaduras em outubro e novembro, associados aos maiores teores dos caracteres nutricionais proteicos.

A CP e os aminoácidos digestíveis apresentaram correlações positivas entre si, independentemente da base genética avaliada (Figura 6A, 6B, 6C e 6D). As variáveis RSFF, RFFC, SSFF e SFFC mostraram correlação positiva com CP e os aminoácidos digestíveis, enquanto as variáveis PSFF e PFFC apresentaram correlação negativa com esses caracteres em todas as bases genéticas de milho. A RSFF foi a variável meteorológica que apresentou a maior correlação com os caracteres nutricionais proteicos.

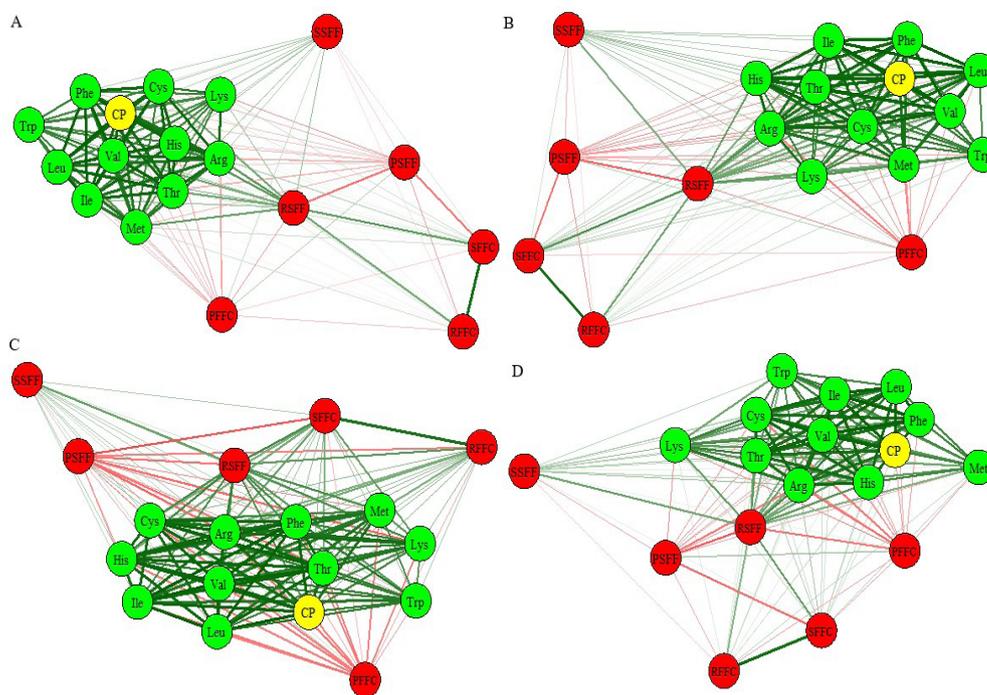


Figura 6. Rede de correlação linear de Pearson entre as variáveis meteorológicas e os caracteres nutricionais proteicos em bases genéticas de milho (A: híbridos simples, B: híbridos triplo, C: híbridos duplo, D: variedades de polinização aberta). Variáveis meteorológicas: radiação solar global acumulada da semeadura ao florescimento feminino (RSFF, MJ m⁻²), radiação solar global acumulada do florescimento feminino à colheita (RFFC, MJ m⁻²), soma térmica da semeadura ao florescimento feminino (SSFF, °C dia), soma térmica do florescimento feminino à colheita (SFFC, °C dia), precipitação pluviométrica acumulada da semeadura ao florescimento feminino (PSFF, mm) e precipitação pluviométrica acumulada do florescimento feminino à colheita (PFFC, mm). Caracteres nutricionais proteicos: proteína bruta (CP, g/100g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g). As linhas vermelhas representam correlações lineares negativas entre os caracteres, e as linhas azuis indicam correlações lineares positivas. A espessura das linhas reflete a magnitude dos coeficientes de correlação: linhas finas correspondem a correlações de menor intensidade, linhas mais espessas indicam correlações mais fortes.

3.2 Modelos para predição dos aminoácidos

O coeficiente de determinação variou de 0,39 a 0,97, sendo igual ou superior a 0,78 em oito dos onze aminoácidos digestíveis para todas as bases genéticas de milho (Figuras 7 e 8). Os aminoácidos Val, Ile, Leu, Phe e His apresentaram os maiores graus de associação com a CP, evidenciados pelos altos coeficientes de determinação ($0,89 \leq R^2 \leq 0,97$). No entanto, a Lys exibiu baixa associação com a CP em todas as bases genéticas, com coeficientes de determinação iguais ou inferiores a 0,57. Os híbridos duplos apresentaram maiores valores do coeficiente angular para os aminoácidos Lys, Met, Cys, Thr, His e Arg. As variedades de polinização aberta apresentaram maiores valores do coeficiente angular para os aminoácidos Trp, Val e Ile e Phe, indicando uma maior taxa de aumento desses aminoácidos conforme a CP aumenta. É importante destacar que todos os caracteres foram avaliados utilizando a mesma unidade de medida, garantindo a comparabilidade dos resultados.

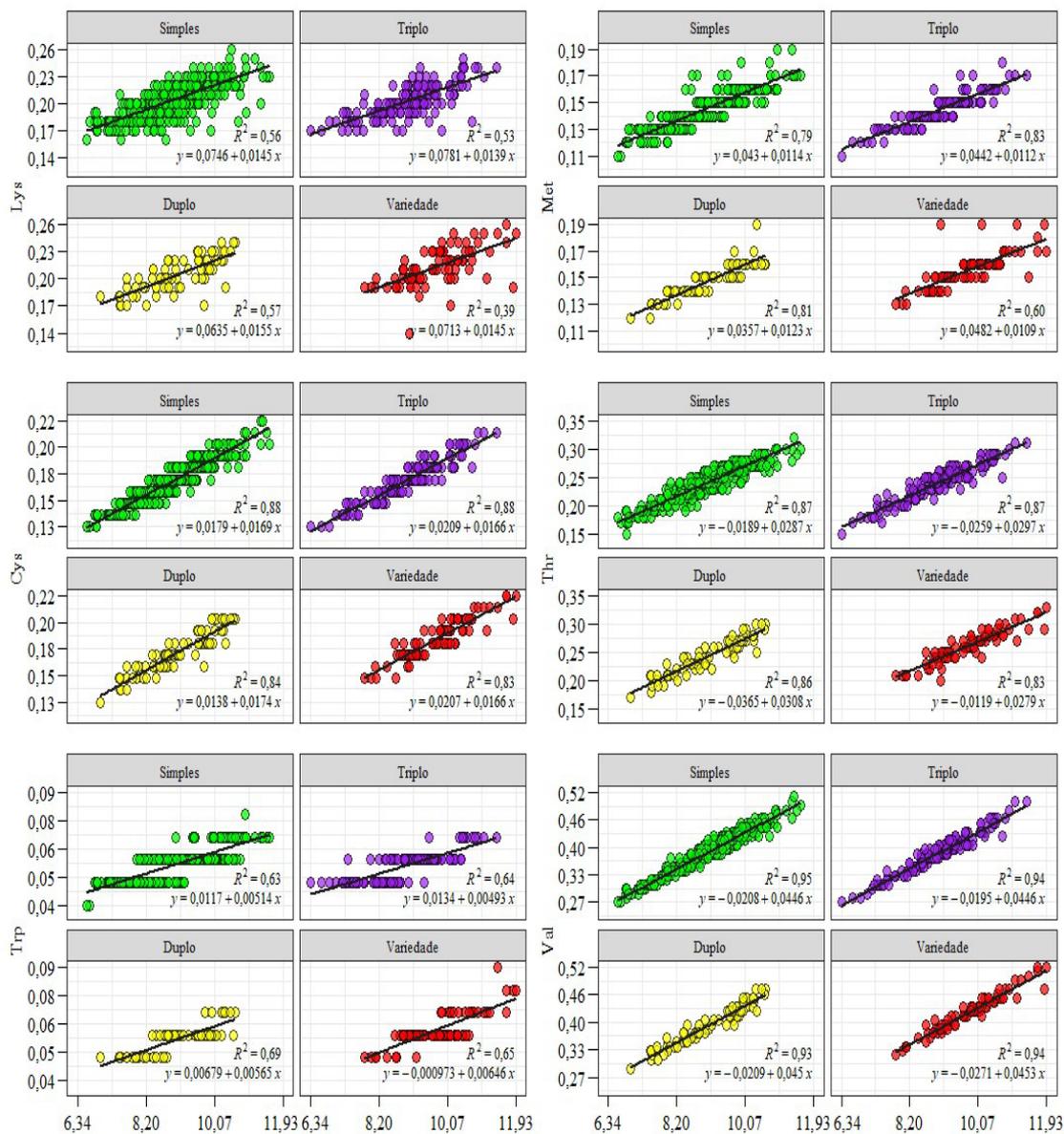


Figura 7. Regressão linear simples entre a proteína bruta (CP, g/100 g) (x) com lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), para híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023. As estimativas dos parâmetros de todos os modelos de regressão linear simples foram significativas pelo teste t de Student a 5%.

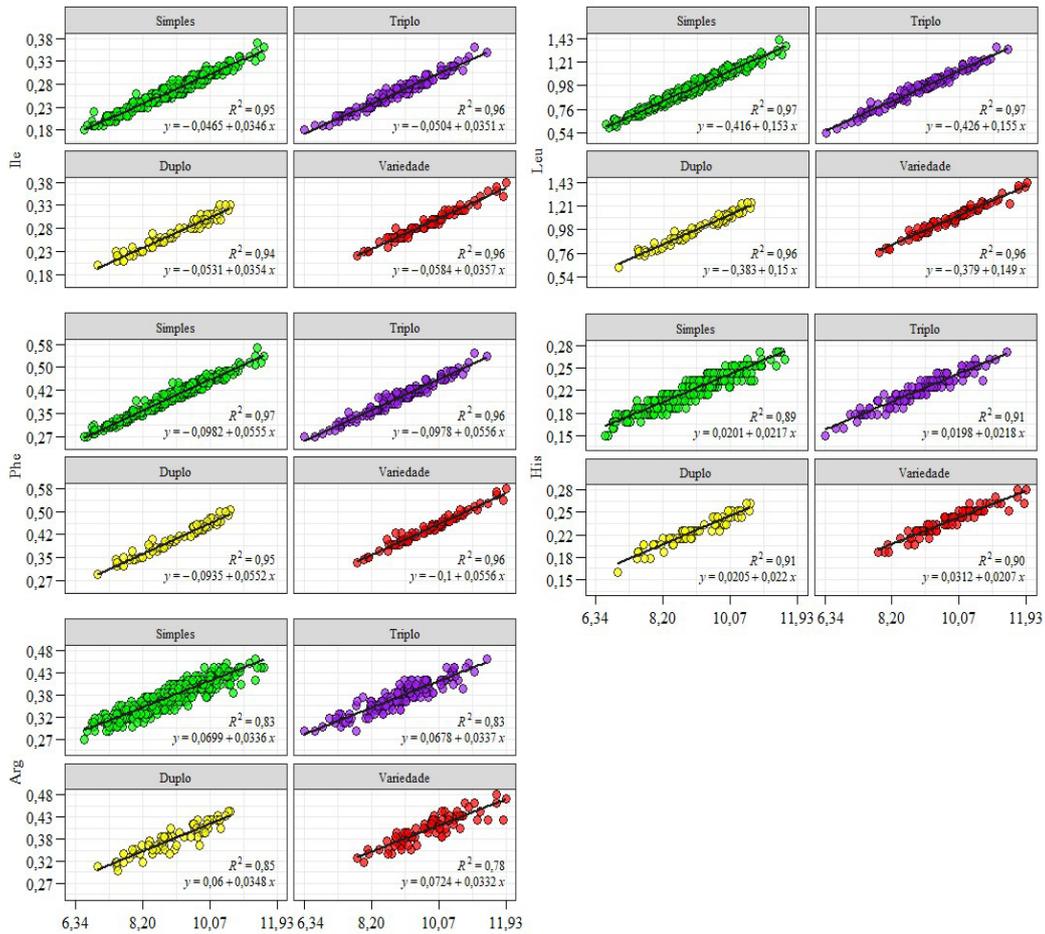


Figura 8. Regressão linear simples entre a proteína bruta (CP, g/100 g) (x) com isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g) para híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta semeados em dez datas de semeadura nas safras 2021/2022 e 2022/2023. As estimativas dos parâmetros de todos os modelos de regressão linear simples foram significativas pelo teste t de *Student* a 5%.

Os resultados revelaram que a influência das variáveis meteorológicas (RSFF, RFFC, SSFF, SFFC, PSFF e PFFC) sobre os caracteres nutricionais proteicos varia entre as bases genéticas de milho (híbridos simples, triplo, duplo e variedades de polinização aberta) (Tabela 5). De maneira geral, os híbridos simples apresentaram os menores valores de coeficientes de determinação ajustados ($0,25 \leq R^2 \leq 0,47$) e da validação cruzada ($0,24 \leq R^2_{cv} \leq 0,46$), indicando menor capacidade preditiva e maior variação não explicada pelos modelos ajustados. Os híbridos duplos exibiram valores mais altos de R^2 ($0,46 \leq R^2 \leq 0,72$) e R^2_{cv} ($0,40 \leq R^2_{cv} \leq 0,68$), sugerindo maior estabilidade e precisão na modelagem dos caracteres nutricionais em resposta às variáveis meteorológicas. As variedades de polinização aberta destacaram-se por apresentar os maiores coeficientes angulares para variáveis como RSFF e PFFC, refletindo maior sensibilidade a essas variáveis meteorológicas e potencial genético para acúmulo de proteína e aminoácidos nos grãos. A RSFF foi a única variável meteorológica selecionada em todos os modelos para predição da CP e aminoácidos digestíveis. Em todas as bases genéticas de milho, os maiores R^2 e R^2_{cv} foram observados na predição da Arg, enquanto os menores valores foram observados para predição do Trp.

Tabela 4. Regressão linear múltipla stepwise forward para predição da proteína bruta (CP, g/100 g), lisina (Lys, g/100 g), metionina (Met, g/100 g), cistina (Cys, g/100 g), treonina (Thr, g/100 g), triptofano (Trp, g/100 g), valina (Val, g/100 g), isoleucina (Ile, g/100 g), leucina (Leu, g/100 g), fenilalanina (Phe, g/100 g), histidina (His, g/100 g) e arginina (Arg, g/100 g) por meio das variáveis meteorológicas: radiação solar global acumulada da semeadura ao florescimento feminino (RSFF, MJ m⁻²), radiação solar global acumulada do florescimento feminino à colheita (RFFC, MJ m⁻²), soma térmica da semeadura ao florescimento feminino (SSFF, °C dia), soma térmica do florescimento feminino à colheita (SFFC, °C dia), precipitação pluviométrica acumulada da semeadura ao florescimento feminino (PSFF, mm) e precipitação pluviométrica acumulada do florescimento feminino à colheita (PFFC, mm) para híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades semeados em dez datas de semeadura (2021/2022 e 2022/2023).

	CP	Lys	Met	Cys	Thr	Trp	Val	Ile	Leu	Phe	His	Arg
Híbridos simples												
Interc		1,9E-01	1,2E-01	1,3E-01	1,9E-01	5,7E-02	2,8E-01	2,1E-01	7,0E-01	3,1E-01	1,3E-01	2,9E-01
RSFF	3,3E-03	2,9E-05	5,3E-05	5,0E-05	8,5E-05	2,1E-05	1,4E-04	1,1E-04	5,1E-04	1,8E-04	6,8E-05	1,2E-04
RFFC	-3,1E-03	-4,7E-05	-4,1E-05	-5,4E-05	-1,1E-04	-2,9E-05	-1,5E-04	-1,2E-04	-5,4E-04	-1,9E-04	-2,3E-05	-1,1E-04
SSFF	-2,3E-03	-	-5,1E-05	-2,1E-05	-4,4E-05	-2,6E-05	-7,1E-05	-7,9E-05	-3,7E-04	-1,2E-04	-	-6,8E-05
SFFC	2,5E-03	5,0E-05	3,6E-05	5,1E-05	1,1E-04	3,1E-05	1,4E-04	1,0E-04	4,6E-04	1,6E-04	-	1,2E-04
PSFF	9,5E-04	-3,5E-05	1,7E-05	1,6E-05	-	9,7E-06	4,6E-05	3,4E-05	2,0E-04	5,4E-05	-	-
PFFC	-	-3,3E-05	6,7E-06	-1,6E-05	-2,5E-05	-	-2,0E-05	-	-	-7,3E-06	-9,3E-06	-2,2E-05
R ²	0,33	0,36	0,44	0,39	0,42	0,25	0,39	0,32	0,33	0,33	0,45	0,47
R ² cv	0,31	0,34	0,42	0,37	0,40	0,24	0,37	0,30	0,31	0,31	0,44	0,46
Híbridos Triplo												
Interc	8,2E+00	1,7E-01	1,4E-01	1,5E-01	2,3E-01	5,9E-02	3,6E-01	2,0E-01	9,2E-01	3,0E-01	1,7E-01	2,6E-01
RSFF	4,1E-03	3,0E-05	5,8E-05	5,1E-05	9,6E-05	1,7E-05	1,5E-04	8,6E-05	6,7E-04	1,3E-04	9,0E-05	1,0E-04
RFFC	-4,8E-03	-4,2E-05	-4,8E-05	-5,9E-05	-1,5E-04	-2,2E-05	-2,0E-04	-5,5E-05	-8,9E-04	-8,8E-05	-9,5E-05	-3,7E-05
SSFF	-4,2E-03	7,0E-06	-6,8E-05	-3,2E-05	-8,5E-05	-2,1E-05	-1,2E-04	-	-7,6E-04	-	-7,2E-05	-
SFFC	4,3E-03	4,6E-05	3,1E-05	4,9E-05	1,6E-04	2,4E-05	1,7E-04	-	8,2E-04	-	9,0E-05	-
PSFF	1,7E-03	-	-	-	-	-1,1E-06	-	-	2,7E-04	-	4,1E-05	-
PFFC	-4,1E-04	-5,1E-05	-	-3,1E-05	-4,3E-05	-9,2E-06	-5,4E-05	-6,3E-05	-	-1,0E-04	-1,9E-05	-7,1E-05
R ²	0,44	0,43	0,55	0,46	0,48	0,38	0,47	0,40	0,40	0,40	0,52	0,57
R ² cv	0,38	0,38	0,52	0,42	0,43	0,32	0,43	0,37	0,35	0,37	0,48	0,55
Híbridos Duplo												
Interc	8,0E+00	1,7E-01	1,3E-01	1,2E-01	1,8E-01	4,2E-02	3,3E-01	1,7E-01	8,7E-01	2,6E-01	1,5E-01	2,9E-01
RSFF	4,8E-03	2,7E-05	5,7E-05	4,1E-05	6,3E-05	1,4E-05	1,7E-04	8,2E-05	7,3E-04	1,3E-04	5,0E-05	7,1E-05
RFFC	-5,0E-03	-4,1E-05	-2,0E-05	-8,4E-06	-1,8E-05	-4,2E-06	-1,5E-04	-	-8,2E-04	-	-	-
SSFF	-6,2E-03	-4,8E-06	-6,0E-05	-	-	-	-1,6E-04	-	-9,3E-04	-	-	-
SFFC	5,3E-03	7,4E-05	-	-	-	-	1,3E-04	-3,6E-05	8,4E-04	-6,3E-05	-	-
PSFF	2,8E-03	-1,5E-05	-	-	-6,0E-05	-	-	-	4,7E-04	-	-	-7,6E-05
PFFC	-5,2E-06	-4,8E-05	-	-4,0E-05	-7,7E-05	-1,2E-05	-4,4E-05	-8,2E-05	-4,4E-05	-1,3E-04	-3,9E-05	-7,2E-05
R ²	0,68	0,62	0,65	0,59	0,64	0,46	0,65	0,61	0,62	0,60	0,64	0,72
R ² cv	0,62	0,52	0,61	0,56	0,59	0,40	0,59	0,57	0,55	0,56	0,61	0,68
Variedades de polinização aberta												
Interc	1,0E+01	1,7E-01	1,6E-01	1,8E-01	2,5E-01	5,1E-02	4,2E-01	2,2E-01	1,2E+00	3,4E-01	2,2E-01	3,4E-01
RSFF	5,1E-03	4,0E-05	5,6E-05	7,3E-05	1,2E-04	1,2E-05	2,1E-04	6,9E-05	7,8E-04	1,0E-04	1,0E-04	1,4E-04
RFFC	-7,7E-03	-3,9E-05	-7,7E-05	-1,1E-04	-2,1E-04	-5,8E-06	-3,7E-04	-	-1,3E-03	-	-1,5E-04	-1,7E-04
SSFF	-8,4E-03	-	-9,8E-05	-1,0E-04	-1,7E-04	-	-3,3E-04	-	-1,4E-03	-	-1,5E-04	-1,5E-04
SFFC	8,9E-03	3,6E-05	9,1E-05	1,2E-04	2,6E-04	-	4,4E-04	-5,0E-05	1,5E-03	-7,4E-05	1,8E-04	1,9E-04
PSFF	4,5E-03	-	4,8E-05	6,7E-05	9,3E-05	-	2,2E-04	-	8,1E-04	-	1,1E-04	7,7E-05
PFFC	1,1E-03	-4,9E-05	-	-2,0E-05	-6,3E-07	-1,8E-05	-	-5,5E-05	1,8E-04	-1,0E-04	-	-3,3E-05
R ²	0,48	0,47	0,38	0,55	0,51	0,35	0,51	0,34	0,44	0,35	0,56	0,64
R ² cv	0,38	0,40	0,29	0,47	0,41	0,28	0,43	0,28	0,33	0,29	0,49	0,58

As estimativas dos parâmetros de todos os modelos de regressão linear múltipla foram significativas pelo teste t de Student a 5 %. Interc: intercepto; R²: coeficiente de determinação ajustado; R²cv: coeficiente de determinação da validação cruzada leave-one-out.

4. Discussão

4.1 Variabilidade dos caracteres nutricionais proteicos

Muitos fatores contribuem para a existência de variabilidade nos teores de CP e aminoácidos digestíveis para suínos em grãos de milho. Logo, previu-se que a utilização de uma ampla gama de fontes de amostras de grãos de milho poderia capturar grande parte da variabilidade existente. Isso permite o

desenvolvimento de uma predição aceitável, uma vez que o estudo se baseou em 773 amostras de grãos de milho, oriundas de quatro bases genéticas cultivadas em dez datas de semeadura. O conhecimento dessa variação é importante para determinar quais condições ambientais promovem aumento dos teores dos caracteres nutricionais proteicos em milho.

Os resultados deste estudo revelaram uma clara influência das datas de semeadura e das bases genéticas sobre os teores de CP e aminoácidos digestíveis em milho, com variações significativas entre as safras 2021/2022 e 2022/2023 e entre os híbridos simples, triplo, duplo e variedades de polinização aberta de milho. Wu *et al.* ⁽¹⁹⁾ também verificaram variações nos teores de aminoácidos totais em grãos de milho em função das datas de semeadura. Isso reflete padrões regulatórios distintos em resposta às condições ambientais ^(25, 26). Esses padrões destacam a influência das condições ambientais na expressão diferencial entre genótipos.

Estudos indicaram a variação do teor de aminoácidos digestíveis em grãos de milho, em função do teor de óleo dos grãos ⁽¹⁰⁾, do tipo de endosperma ⁽²⁾, país de origem ^(11, 8), genótipo ⁽¹²⁾ e processo de extrusão ⁽¹³⁾. No entanto, não foram identificados estudos que avaliaram os teores de CP e aminoácidos digestíveis para suínos em grãos de bases genéticas de milho (híbridos simples, triplo, duplo e variedades de polinização aberta) cultivadas em distintas condições meteorológicas.

As variedades de polinização aberta de milho se destacaram por apresentar as maiores médias dos teores de aminoácidos digestíveis nas dez datas de semeadura, indicando um potencial genético superior para a síntese de proteínas e aminoácidos. A ingestão adequada de aminoácidos digestíveis pode variar conforme os ingredientes da ração, e entender a composição dos grãos de milho de diferentes bases genéticas em condições climáticas diversas permite que nutricionistas otimizem o uso de aditivos alimentares, atendendo melhor às necessidades dos suínos.

A relação negativa entre proteína bruta e produtividade de grãos de milho ^(27, 28, 15, 2) sugere que o foco exclusivo no aumento da produtividade de grãos de milho resulta em uma seleção indireta de plantas com menor teor de proteína e aminoácidos nos grãos. Os menores teores de proteína bruta e aminoácidos digestíveis observados, especialmente nos híbridos simples, refletem essa dinâmica, pois os programas de melhoramento priorizam a alta produtividade. Em contraste, as variedades de polinização aberta, que passam por menos processos de melhoramento, apresentam maiores teores de proteína bruta e aminoácidos digestíveis nos grãos, tornando-se fontes importantes de alelos favoráveis para a qualidade nutricional.

A RSFF, como principal variável correlacionada, destaca sua importância como indicador para a seleção de ambientes. Isso indica que locais com alta radiação no estágio vegetativo do milho favorecem uma maior síntese de CP e aminoácidos digestíveis. Isso explica as maiores médias dos caracteres nutricionais proteicos nas semeaduras em outubro e novembro (> RSFF e RFFC e < PSFF e PFFC). Os resultados são consistentes com os de Safian *et al.* ⁽¹⁶⁾ e Guo *et al.* ⁽¹⁵⁾, que relataram maior teor de proteína em grãos de milho sob déficit hídrico, associado à redução na síntese de amido e ao aumento na síntese proteica. Relações positivas também foram observadas entre a proteína bruta e a temperatura acumulada antes da antese ⁽¹⁸⁾ e entre os teores de aminoácidos e a radiação solar global ⁽¹⁹⁾. Isso reforça a importância da sincronia entre o desenvolvimento do milho e as condições ambientais para otimizar caracteres nutricionais.

4.2 Modelos para predição dos aminoácidos

As predições apresentaram alta precisão para todos os aminoácidos digestíveis, exceto para a Lys e Trp ($R^2 \leq 0,69$). Assim, o uso da CP como preditor dos teores de aminoácidos digestíveis pode ser eficiente na formulação de rações para animais, especialmente em modelos de regressão com $R^2 \geq 0,80$. Equações de predição linear baseadas no teor de proteína foram desenvolvidas em milho, como, por exemplo o modelo para predição do teor digestível da histidina: $y = -0,0877 + 0,0293 \times CP$, $R^2 = 0,94$ ⁽⁸⁾. Zuber e Rodehutsord ⁽⁷⁾ observaram que o coeficiente de digestibilidade dos aminoácidos apresentou correlação positiva com o teor de CP nas amostras de milho. Ebadi *et al.* ⁽⁹⁾ identificaram as melhores relações entre aminoácidos digestíveis e a composição química em grãos de sorgo para a maioria dos aminoácidos. A baixa relação linear entre CP e Lys, observada pelo baixo coeficiente de determinação, sugere que a Lys pode ser determinada por outros fatores. A baixa relação linear entre CP e lisina total também foi relatada em trigo ⁽⁶⁾ e em milho ^(28,2), e pode estar associada à ausência de lisina na constituição da proteína zeína, que compõem mais de 60% da proteína do grão de milho ⁽²⁹⁾.

As diferentes respostas das bases genéticas ao aumento da CP, evidenciadas pelos maiores coeficientes angulares, indicam que o perfil de resposta à CP não é uniforme entre as bases genéticas. Com base nesses modelos, é possível reduzir os custos e o tempo necessários para a avaliação de genótipos em programas de melhoramento genético. Além disso, essa abordagem melhora a precisão na formulação de dietas para suínos, que geralmente são baseadas em teores médios de referência para grãos de milho ⁽³⁰⁾, sem considerar a variabilidade entre as diferentes bases genéticas e as condições de cultivo.

Entre as variáveis meteorológicas, a RSFF apresentou um forte efeito positivo sobre os caracteres nutricionais proteicos, sendo selecionada em todos os modelos de predição. Além disso, todas as variáveis meteorológicas (RSFF, RFFC, SSFF, SFFC, PSFF e PFFC) foram selecionadas em alguns modelos, sugerindo a complexidade de interação entre a síntese de caracteres nutricionais proteicos e as variáveis meteorológicas. Modelos preditivos corroboram essa relação, mostrando relações positivas entre o teor de aminoácidos e radiação solar global ⁽¹⁹⁾, bem como entre a proteína bruta e a temperatura acumulada antes da antese ($R^2 = 0,31$) e a temperatura média diária após a antese ($R^2 = 0,83$) ⁽¹⁸⁾. Esses resultados reforçam a importância de alinhar o estágio de desenvolvimento do milho às condições ambientais, a fim de otimizar a qualidade nutricional dos grãos.

A resposta diferenciada das bases genéticas às variáveis meteorológicas sugere que genótipos mais adaptados a determinadas condições ambientais podem ser selecionados para maximizar a qualidade nutricional dos grãos. A maior precisão dos modelos de regressão múltipla para híbridos duplos, evidenciada pelos altos valores de R^2 e R^2cv , reforça a importância de explorar a variabilidade genética e as interações genótipo \times ambiente em programas de melhoramento. Os maiores valores de R^2 e R^2cv para a predição de Arg em todas as bases genéticas indicam que este aminoácido possui uma relação mais estável e previsível com as variáveis meteorológicas consideradas no estudo. Os menores valores de R^2 e R^2cv para a predição de Trp sugerem maior complexidade na determinação desse caráter, possivelmente devido a uma interação mais intensa entre fatores genéticos e ambientais.

Os resultados evidenciam que a escolha estratégica da data de semeadura, combinada com a seleção adequada da base genética, pode otimizar a qualidade nutricional do milho em diferentes

cenários de cultivo. Essas informações são importantes para o desenvolvimento de estratégias de manejo e programas de melhoramento que priorizem a obtenção de genótipos de milho com elevada qualidade nutricional, especialmente em termos de proteína bruta e aminoácidos digestíveis para suínos. Há necessidade de novas pesquisas que explorem a variabilidade genética e ambiental, além de aperfeiçoarem os modelos de predição de aminoácidos digestíveis, com destaque para a Lys, que apresentou menor acurácia nas predições. Até o momento, não foram encontrados estudos na literatura que avaliaram diferenças entre bases genéticas de milho quanto à composição nutricional proteica dos grãos, conferindo a este trabalho um caráter inovador e pioneiro.

5. Conclusão

Há variação dos teores digestíveis de lisina, metionina, cistina, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina nos grãos entre as bases genéticas de milho (híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta) e datas de semeadura. As variedades de polinização aberta de milho apresentam os maiores teores digestíveis de lisina, metionina, cistina, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina nos grãos, comparadas aos híbridos simples, híbridos triplo e híbridos duplo, independentemente da data de semeadura.

Semeaduras realizadas em outubro e novembro exibem maiores teores digestíveis de lisina, metionina, cistina, treonina, triptofano, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina nos grãos de milho, em relação às semeaduras nos meses de setembro, dezembro, janeiro e fevereiro, independentemente da base genética. Os teores digestíveis de metionina, cistina, treonina, valina, isoleucina, leucina, fenilalanina, histidina e arginina nos grãos de milho podem ser preditos a partir da proteína bruta com alta precisão, em todas as bases genéticas (híbridos simples, híbridos triplo, híbridos duplo e variedades de polinização aberta). A radiação solar global acumulada no período da semeadura até o florescimento feminino é a variável meteorológica que apresenta maior capacidade preditiva dos teores de aminoácidos digestíveis para suínos nos grãos de diferentes bases genéticas de milho.

Declaração de conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflitos de interesses.

Declaração de disponibilidade de dados

O conjunto completo de dados que suporta os resultados deste estudo está disponível mediante solicitação ao autor correspondente.

Contribuições do autor

Conceituação, Curadoria de dados, Análise Formal, Investigação, Metodologia, Gestão de projeto, Redação (rascunho original) e Redação (revisão e edição): M. V. Loro e A. Cargnelutti Filho.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processos 304652/2017-2 e 304878/2022-7), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código de Financiamento 001. Aos bolsistas e voluntários pelo auxílio na coleta de dados. À empresa Adisseo Brasil Nutrição Animal, em especial ao Laboratório CEAN pela realização das análises laboratoriais.

Referências

1. Knudsen KEB. Fiber and nonstarch polysaccharide content and variation in common crops used in broiler diets. *Poultry Science*. 2014; 93(9):2380-2393. Disponível em: <https://doi.org/10.3382/ps.2014-03902>

2. Simões CT, Vidal JK, Tyska D, Mallmann AO, Madalosso T, Mallmann CA. Assessment of field traits, nutrient composition and digestible amino acids of corns with different endosperm textures for poultry and swine. *Animal Feed Science and Technology*. 2023;295:115510. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2022.115510>
3. Sriperum N, Pesti GM, Tillman PB. The distribution of crude protein and amino acid content in maize grain and soybean meal. *Animal Feed Science and Technology*. 2010;159(3-4):131-137. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2010.05.009>
4. Moughan PJ, Deglaire A, Wolfe RR. Amino acid metabolism – an overview. Moughan PJ, Hendriks WH. (Eds.), *Feed evaluation science*, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands. 2018; 219-248.
5. Millet S, Aluwé M, Van Den Broeke A, Leen F, Boever J, Campeneere S. Pork production with maximal nitrogen efficiency. *Animal*. 2018;12(5): 1060-1067. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731117002610>
6. Olukosi OA, Adebisi AO. Chemical composition and prediction of amino acid content of maize-and wheat-distillers' dried grains with soluble. *Animal Feed Science and Technology*. 2013;185(3-4):182-189. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2013.08.003>
7. Zuber T, Rodehutschord M. Variability in amino acid digestibility and metabolizable energy of corn studied in cecectomized laying hens. *Poultry Science*. 2017;96(6):1696-1706. Disponível em: <https://doi.org/10.3382/ps/pew429>
8. Sheikhhasan BS, Moravej H, Ghaziani F, Esteve-Garcia E, Kim WK. Relationship between chemical composition and standardized ileal digestible amino acid contents of corn grain in broiler chickens. *Poultry Science*. 2020;99(9):4496-4504. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.psj.2020.06.013>
9. Ebadi MR, Sedghi M, Golian A, Ahmadi H. Prediction of the true digestible amino acid contents from the chemical composition of sorghum grain for poultry. *Poultry Science*. 2011;90(10): 2397-2401. Disponível em: <https://doi.org/10.3382/ps.2011-01413>
10. Espinosa CD, Fanelli NS, Stein HH. Digestibility of amino acids and concentration of metabolizable energy are greater in high-oil corn than in conventional corn when fed to growing pigs. *Animal Feed Science and Technology*. 2021;280:115040. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2021.115040>
11. Kil DY, Park CS, Son AR, Ji SY, Kim BG. Digestibility of crude protein and amino acids in corn grains from different origins for pigs. *Animal Feed Science and Technology*. 2014;196:68-75. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2014.06.008>
12. Opapeju FO, Nyachoti CM, House JD. Digestible energy, protein and amino acid content in selected short season corn cultivars fed to growing pigs. *Canadian Journal of Animal Science*. 2007;87(2):221-226. Disponível em: <https://doi.org/10.4141/A05-079>
13. Rodriguez DA, Lee SA, Jones CK, Htoo JK, Stein HH. Digestibility of amino acids, fiber, and energy by growing pigs, and concentrations of digestible and metabolizable energy in yellow dent corn, hard red winter wheat, and sorghum may be influenced by extrusion. *Animal Feed Science and Technology*. 2020;268:114602. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2020.114602>
14. Dong W, Li J, Li Z, Zhang S, Li X, Yang C, Liu L, Zhang S. Physicochemical properties and energy content of yellow dent corn from different climatic origins in growing pigs. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2020;33(11):1787. Disponível em: <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0715>
15. Guo J, Qu L, Wang L, Lu W, Lu D. Effects of post silking drought stress degree on grain yield and quality of waxy maize. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2023;103(3):1530-1540. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/jsfa.12250>
16. Safian N, Naderi MR, Torabi M, Soleymani A, Salemi HR. Corn (*Zea mays* L.) and sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) yield and nutritional quality affected by drought stress. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*. 2022;45:102486. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.bcab.2022.102486>
17. Yang H, Gu X, Ding M, Lu W, Lu D. Heat stress during grain filling affects activities of enzymes involved in grain protein and starch synthesis in waxy maize. *Scientific Reports*. 2018;8(1):15665. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-33644-z>
18. Wang L, Yu X, Gao J, Ma D, Guo H, Hu S. Patterns of influence of meteorological elements on maize grain weight and nutritional quality. *Agronomy*. 2023;13(2):424. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy13020424>
19. Wu Y, Zhou G, Song X, Song Y, Ren S, Geng J, Zhao H. Key stage and its optimum meteorological conditions affecting the nutritional quality of maize. *Agronomy*. 2024;14(3): 420. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy14030420>
20. Alvares CA, Stape JL, Sentelhas PC, Gonçalves JLM, Parovek G. Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*. 2013;22:711-728. Disponível em: <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>
21. Santos H, Jacomine PKT, Anjos LHC, Oliveira VA, Lumbreiras JF, Coelho MR, Almeida JÁ, Araújo Filho JC, Oliveira JB, Cunha TJF. *Sistema Brasileiro de Classificação de Solos*. 5. ed. Brasília: Embrapa. 2018, 356p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1094003>. Acesso em: 17/12/2024.
22. Fancelli AL, Dourado Neto D. Milho: manejo e produtividade. Piracicaba: ESALQ/USP. 2009, 181p.
23. Arnold CY. Maximum-minimum temperatures as a basis for computing heat units. *Journal of the American Society for Horticultural Sciences*. 1960;76(1):682-692.
24. R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2024. Disponível em: <https://www.R-project.org>

25. Mehta BK, Muthusamy V, Baveja A, Chauhan HS, Chhabra R, Bhatt V, Chand G, Zunjare RU, Singh AK, Hossain F. Composition analysis of lysine, tryptophan and provitamin-A during different stages of kernel development in biofortified sweet corn. *Journal of Food Composition and Analysis*. 2020;94:103625. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2020.103625>
26. Shrestha V, Yobi A, Slaten ML, Chan YO, Holden S, Gyawali A, Flint-Garcia S, Lipka AE, Angelovici R. Multiomics approach reveals a role of translational machinery in shaping maize kernel amino acid composition. *Plant Physiology*. 2022;188(1):111-133. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab390>
27. Alves BM, Cargnelutti Filho A. Linear relationships between agronomic and nutritional traits in transgenic genotypes of maize. *Journal of Cereal Science*. 2017;76:35-41. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2017.05.010>
28. Alves BM, Cargnelutti Filho A, Burin C, Toebe M. Correlações canônicas entre caracteres agronômicos e nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*. 2016;15(2):171-185. Disponível em: <https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v15n2p171-185>
29. Shewry PR. Improving the protein content and composition of cereal grain. *Journal of Cereal Science*. 2007;46(3):239-250. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2007.06.006>
30. Rostagno HS, Albino LFT. Tabelas brasileiras para aves e suínos. Composição de alimentos e exigências nutricionais. 5ª ed. UFV, Viçosa, MG, Brasil, 2024. 531p.