

CAPÍTULO 4

Seleção e melhoramento genético de bovinos de corte para características reprodutivas

Thaise Pinto De Melo, Andreia Kaspary Zwirtes, Louise Belmonte Faverzani, Delvan Alves Silva, Roberto Carneiro, Lucia Galvão Albuquerque

<https://doi.org/10.4322/mp.978-65-84548-19-0.c4>

Resumo

As características reprodutivas estão intimamente associadas com o sucesso dos sistemas de produção de bovinos de corte, pois animais sexualmente precoces produzem maior número de filhos ao longo de sua vida produtiva, trazendo mais lucros à atividade. Assim, programas de melhoramento genético têm incluído características reprodutivas como critério de seleção e descarte de animais. Em geral estas características apresentam baixa herdabilidade, são altamente influenciadas pelas condições ambientais e são complexas, isto é, controladas por vários genes de pequeno efeito. Assim, é importante que fatores ambientais sejam apropriadamente incluídos nos modelos de avaliação genética, a fim reduzir erros estimados no modelo e classificar os animais corretamente. Além do correto ajuste dos modelos de avaliação genética, compreender quais genes desempenham papel chave na expressão dos fenótipos, auxilia na seleção de animais com genética superior. Com o advento da genômica os caracteres reprodutivos foram especialmente beneficiados, diminuindo consideravelmente o intervalo de gerações para a seleção destas características. Ainda na fase embrionária o material biológico pode ser coletado e os animais terem o seu mérito genético computado, reduzindo anos de testes de progênie e diminuindo os custos com programas de melhoramento. Apesar dos avanços do melhoramento genético nas últimas décadas, parte deste conhecimento ainda está distante da realidade dos produtores. Assim, iniciativas que disseminem o conhecimento produzido nas universidades e institutos de pesquisa ao produtor, técnicos e profissionais da área devem ser mais frequentes, assim como o projeto de extensão Genepec – UFSM, garantindo que o conhecimento chegue, a uma linguagem acessível a quem precisa.

1. Introduction

O Brasil apresenta atualmente um dos maiores rebanhos bovinos comerciais, com um total de 193,78 milhões de cabeças. Está atualmente na

segunda posição no ranking mundial, ficando atrás da Índia, que detêm 306,7 milhões de bovinos e é o maior exportador mundial de carne bovina. Do total produzido em 2022, foram consumidas no mercado interno 72% (7,5 milhões/t) e destinadas à exportação 28% (2,8 milhões/t) (USDA, 2023), tendo um aumento de 5,28% na quantidade de bovinos abatidos, em comparação com 2021.

De acordo com o relatório publicado pela Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes (ABIEC, 2023), dentre o valor total obtido com o faturamento das exportações, cerca de 47,55% (US\$ 158,87 bilhões) foram oriundos do agronegócio e US\$ 12,96 bilhões foi advindo da comercialização de carne bovina ao mercado externo, ou seja, isso corresponde a 8,16% do total exportado pelo agronegócio em 2022.

A produção global de carne bovina para o ano de 2023 está prevista em 59,1 milhões de toneladas, conforme dados do United States Department of Agriculture (USDA, 2023), com um incremento na produção de 1%, na qual é motivada pelos elevados preços de comercialização no mercado mundial. Assim, espera-se que o Brasil aumente em 2% a quantidade de bovinos abatidos em 2023, ultrapassando 10,350 milhões de toneladas (equivalente ao peso da carcaça) que foram produzidos durante 2022.

Apesar do Brasil possuir grande potencial de expansão de produção de carne, o seu sistema de produção ainda é ineficiente, comparado a outros países. Um exemplo, é os Estados Unidos: neste país a taxa de abate é de cerca de 35% em relação ao tamanho populacional bovino, enquanto que no Brasil, este valor é de apenas 23%. Assim, o custo relativo de criação e abate de animais para produzir um quilograma de carne é maior no Brasil que nos Estados Unidos (DAY e NOGUEIRA, 2013).

São muitos os fatores que contribuem para esta baixa eficiência, dentre eles podemos citar, a idade de abate, o sistema de manejo e alimentação e a baixa eficiência reprodutiva dos rebanhos (DAY e NOGUEIRA, 2013). Em regiões com condições ambientais muito adversas como no nordeste do Brasil, a idade ao primeiro parto das vacas pode chegar aos 5 anos de idade (LÔBO, 1998).

Ao longo das últimas décadas, programas de melhoramento genético nacional têm desenvolvido métodos estatísticos adequados para avaliação genética de animais sob seleção, o que tem corroborado com os índices de produtividade. O maior desafio no melhoramento genético é a identificação dos genótipos superiores e a disseminação dos mesmos de forma rápida a fim de garantir o maior e mais rápido retorno econômico ao produtor. Assim, tornou-se possível, a multiplicação mais rápida de animais superiores geneticamente a partir da aplicação das biotécnicas de reprodução e recentemente, aliadas à seleção genômica.

Com a seleção tradicional, os registros fenotípicos de um indivíduo e de seus parentes são quantificados para a obtenção dos valores genéticos preditos. Já com a informação genômica, é possível obter um ganho genético mais rápido do que o alcançado com métodos tradicionais de seleção (COSTA, 2019). Além da redução do tempo, os valores genéticos dos animais são mais acurados, isto é, apresentam maior confiabilidade quando a informação genômica é adicionada à informação de pedigree tradicional.

O conhecimento sobre melhoramento genético produzido nas universidades precisa ser mais discutido e popularizado entre produtores e técnicos agropecuários que lidam diretamente com os animais à campo, mesmo entre os estudantes das áreas das agrárias existe certa dificuldade quanto a esta temática. De modo que muitas práticas realizadas nas propriedades são feitas empiricamente, sem embasamento técnico-teórico. Assim, estratégias que levem este conteúdo de forma acessível a técnicos, produtores e sociedade de um modo geral, devem ser desenvolvidas.

2. Avaliação genética de bovinos de corte para características reprodutivas

O Brasil possui um rebanho bovino constituído por uma ampla diversificação de raças, em especial, as raças originárias da Índia, pertencentes a espécie *Bos taurus indicus* (Zebu), que constitui o principal grupamento genético de bovinos. Esta subespécie foi inserida no Brasil durante os séculos XVIII e XIX, quando os portugueses trouxeram alguns exemplares de

reprodutores bovinos Zebuínos, como fonte de alimento e trabalho (OLIVEIRA; MAGNABOSCO; BORGES, 2002).

Neste sentido, dentre os animais zebuínos, a raça Nelore é a mais disseminada atualmente no território nacional, com cerca de 80% do rebanho bovino do Brasil, consistindo de animais Nelore ou suas cruzas (ABIEC, 2018). O motivo da alta disseminação da raça foi a sua potencial adaptabilidade ao ambiente tropical, com satisfatória capacidade de produção em condições de escassez de recursos hídricos, forragem de baixa qualidade, longos períodos de estiagem e vazio forrageiro e alta resistência contra endo e ectoparasitas (MARQUES, 2018).

Ao longo das últimas décadas, programas de melhoramento genético têm incluído as características reprodutivas como critério de seleção e descarte de animais (YOKOO; MAGNABOSCO; ALBUQUERQUE, 2012). Animais mais precoces sexualmente produzem bezerros mais cedo, trazendo retorno econômico ao produtor mais rapidamente, além disso, animais sexualmente eficientes, ou seja, que apresentam sucesso em reconceber geram mais produtos ao longo de sua vida produtiva o que aumenta também sua longevidade no rebanho (CAMPOS et al., 2005). As raças zebuínas foram historicamente conhecidas pela sua baixa eficiência reprodutiva em relação a raças taurinas (*Bos taurus taurus*), atingindo a puberdade e produzindo o primeiro produto mais tardiamente que as raças europeias. Alguns autores (NOGUEIRA et al., 2004) associam esta baixa eficiência reprodutiva com fatores nutricionais e de manejo inadequados, no entanto, aspectos genéticos também estão envolvidos.

Desde 1936 a Associação Brasileira de Criadores Zebu (ABCZ, 2023) é responsável por reunir mais de 16 milhões de registros genealógicos de animais das raças zebuínas. A ABCZ coordena o Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ), realizando avaliações genéticas em larga escala para bovinos zebuínos em todo o território nacional. Conforme as últimas estimativas divulgadas no segundo trimestre de 2023 pela ABCZ, para a avaliação genética da raça Nelore, o banco de dados continha 18.265.916 registros válidos relacionados a uma população de 14.365.207 animais nascidos entre 1991 e 2022. O PMGZ contém 13.028.512 registros associadas a características de crescimento, 1.944.106 informações de idade ao primeiro parto, 1.037.503 dados de habilidade de permanência no rebanho (STAY), 321.433 registros de

perímetro escrotal ao ano, como também, 582.883 registros de perímetro escrotal medido ao sobreano.

Ao considerar os aspectos de índices reprodutivos da raça Nelore no Brasil, conforme o sistema integrado de avaliação genética, ao longo dos últimos anos a idade ao primeiro parto (IPP) e percentual de sucesso da STAY, em média está em 1.166 (39 meses) para IPP e 34,32% para STAY, respectivamente. O perímetro escrotal medido aos 365 (PE365) e ao sobreano (PE450), em média, apresenta 21,25 cm e 24,96 cm respectivamente. Estes índices mostram que apesar dos avanços obtidos para estas características nas últimas décadas, ainda há progressos a serem alcançados para melhorar a eficiência reprodutiva no país.

Características relacionadas com precocidade sexual e longevidade apresentam em geral baixa herdabilidade, pois são altamente influenciadas pelo ambiente (nutrição, manejo, sanidade) e possuem vários genes de pequeno efeito controlando a expressão destas características. Este fator tem impacto negativo sobre o ganho genético e a seleção, porém, não significa que progressos genéticos não possam ser alcançados. Estudos mostram que estas características dispõem de variação genética para seleção, apresentando as seguintes herdabilidades (direta): IPP (0,11), STAY (0,12), PE365 (0,35) e PE450 (0,34) (PMGZ, 2022). Assim, de acordo com as tendências genéticas e endogamia apresentada no banco de dados do PMGZ, a idade ao primeiro parto, stayability e perímetro escrotal vêm apresentando uma evolução genética consistente para a média da raça Nelore.

A idade ao primeiro parto (IPP), é comumente utilizada como critério de seleção em especial por ser uma característica de fácil mensuração. A IPP está associada a idade à puberdade dos animais, aos custos de produção e marca o início da vida produtiva das fêmeas (NÚÑEZ-DOMINGUEZ et al., 1991, PEROTTO et al., 2006). A redução da IPP representa para o produtor um retorno econômico mais rápido, um aumento da quantidade de peso vivo por hectare (PÖTTER et al., 1998) e um maior número de fêmeas em idade reprodutiva. Além disso, a obtenção da IPP não demanda custos adicionais ao produtor.

O perímetro escrotal (PE) tem se mostrado uma excelente indicadora da idade a puberdade em touros, sendo com frequência utilizada como critério de seleção em bovinos. Esta é uma característica avaliada nos machos, e apresenta

elevada correlação genética com características relacionadas à qualidade do sêmen (KNIGHTS et al., 1984), e a idade à puberdade de machos e fêmeas (MARTIN et al., 1992; e MOSER et al., 1996) e características de crescimento (LÔBO et al., 1994; BERGMANN et al., 1996). Além disso, o PE é uma variável de fácil mensuração e baixo custo, obtida através de uma fita métrica apropriada que circunda firmemente a parte anatômica mais larga da bolsa escrotal do animal, sem comprimir os testículos.

As características de longevidade de um rebanho são igualmente importantes para um sistema produtivo. Tendo em vista, que a habilidade de permanência no rebanho é um elemento que está associado a fatores produtivos, reprodutivos, nutricionais e econômicos. Animais pouco produtivos, prolíficos ou ineficientes em termos nutricionais trarão menor rentabilidade ao produtor e, por consequência, serão descartados mais cedo do rebanho, o que reduz a sua longevidade (VAN ARENDONK, 1986).

Outra característica capaz de avaliar a longevidade das fêmeas no rebanho é o número de partos/fêmeas até uma certa idade. Alguns autores têm utilizado diferentes idades como parâmetro para avaliar a eficiência reprodutiva e a habilidade de permanência das matrizes no rebanho (NEVES et al., 2012; KLUSKA et al., 2018; RAMOS et al., 2019). Em situações que envolvem o número de partos aos 53 meses de idade (NP53), existe a vantagem de se utilizar em detrimento da habilidade de permanência no rebanho, sendo possível ser medida mais cedo na vida do animal e ter a vantagem de considerar na avaliação desde fêmeas que nunca engravidaram (tardias) até aquelas que tiveram consecutivos sucessos em reconceber (super precoces) (NEVES et al., 2012).

3. Modelos de avaliação genética para características reprodutivas em bovinos de corte

Nos modelos de avaliação genética, os fatores ambientais que influenciam as características são em geral incluídos como efeitos fixos, nos grupos de contemporâneos (GCs). Os GCs incluem informações relativas ao ambiente no qual os animais viveram, ou seja, incluem os fatores ambientais que estes animais tinham em comum, como por exemplo, a fazenda, o ano ou estação de nascimento, ou grupos de manejo, etc. Existem diferentes definições

de grupos de contemporâneos que variam de acordo com a espécie, raça dos animais, sistema de manejo, característica avaliada, etc.

Os modelos de avaliação genética para características reprodutivas em geral utilizam o modelo animal, incluindo o valor genético aditivo dos animais como efeito aleatório e os grupos de contemporâneos como efeitos fixos. Estes têm concatenado informação de grupos de contemporâneo com características ao desmame do primeiro produto, por exemplo. SENA et al. (2013), avaliando parâmetros genéticos para a IPP, utilizaram como GC as informações de fazenda, estação de nascimento e lote de manejo aos 550 dias de idade. Em um estudo realizado por DIAS et al. (2004), foi estimado componentes genéticos para a IPP e compararam os resultados utilizando diferentes definições de GCs, encontrando pequenas variações na estimação da herdabilidade entre os diferentes grupos. SILVA et al. (2017) também avaliaram o impacto de diferentes definições de GC na resposta a seleção para o peso ao desmame em bovinos Nelore e concluíram que os melhores resultados foram obtidos ao utilizar 2,5, 3,0 e 3,5 desvios-padrão para remoção de outliers e um tamanho mínimo de 15 animais por GC.

A correta definição dos modelos de avaliação genética é imprescindível, para obtenção de valores genéticos acurados e confiáveis, além de auxiliar na correta classificação e seleção dos animais.

4. Detecção de genes candidatos para a seleção de características reprodutivas

A seleção de bovinos para características reprodutivas é desafiadora devido a estas características serem em geral de baixa herdabilidade, altamente influenciadas pelo ambiente e complexas, isto é, controladas por muitos pares de genes de pequeno efeito. Estas características também são expressas como resultado de uma orquestra de hormônios atuando sinergicamente em diferentes fases da vida dos animais.

Assim, na era pré-genômica os marcadores moleculares utilizados para avaliar estas características eram de certo modo limitados, pois não cobriam todo o genoma e apresentavam baixo grau de polimorfismo. Além disso, algumas metodologias eram dispendiosas e pouco eficientes para aplicação em grandes

populações. Marcadores do tipo microssatélites foram bastante utilizados na década de 90, até o início dos anos 2000 para a detecção de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) associados com características reprodutivas em bovinos (ASHWELL et al., 2004). Estes marcadores são polimórficos e bem distribuídos no genoma, porém apresentam custo elevado, o que dificulta seu uso em larga escala para uma boa cobertura do genoma e um grande número de indivíduos, capturando apenas as regiões de maior efeito. Este fator limitou o uso destes marcadores na pecuária, assim, um pequeno número de QTLs puderam ser detectados com o uso de microssatélites em bovinos (GARRICK, 2011).

Nas últimas décadas, com o advento da era genômica, surgiram os painéis de marcadores SNP, com milhares de marcadores cobrindo todo o genoma (MEUWISSEN et al., 2001). Os SNPs são abundantes e bem distribuídos no genoma de todas as espécies de interesse econômico, sendo atualmente o marcador mais utilizado para a seleção genômica em larga escala. Os preços da genotipagem vêm decrescendo substancialmente nas últimas décadas, tornando a tecnologia acessível a muitos produtores. Há atualmente painéis de SNPs comerciais genotipados para características e raças específicas e serviços de genotipagem personalizados para genes específicos, como a Beta Caseína. Alguns painéis também têm incluído SNPs associados a características relacionadas com a precocidade sexual em bovinos.

Além da seleção genômica para diversas características reprodutivas (HUTCHISON et al., 2017, COSTA et al., 2019), a genômica também possibilitou a aplicação dos estudos de associação genômica ampla (GWAS) para estas características, a fim de identificar regiões genômicas associadas com características como IPP, PE, reconcepção de primíparas, entre outras (COSTA et al., 2015, IRANO et al., 2016, MELO et al., 2017).

Além da genômica, outras ômicas surgiram como ferramentas para auxiliar na compreensão dos mecanismos de regulação gênica dos caracteres complexos. A transcriptômica, por exemplo, consiste na análise das moléculas de RNA transcritos, e tem por objetivo principal determinar quais genes são expressos sob determinadas condições específicas. Já a proteômica, busca compreender quais proteínas são sintetizadas, sob certas situações. E a metabolômica, estuda todos os conjuntos de metabólitos (produtos finais de interações complexas) produzidos em uma célula.

As ômicas vêm sendo utilizadas para investigar diversos fenômenos relacionados com o sucesso reprodutivo em bovinos. Estudos de transcriptômica confirmaram que alterações nas dietas de fêmeas pré-puberes causou alteração na regulação do eixo hipolâmico relacionado com a expressão de genes chave associados ao início da puberdade (SANCHÉZ et al., 2021). COEN et al. (2023) também relacionaram a dieta em idades jovens com alterações no padrão de expressão gênica relacionada com o crescimento testicular em touros jovens, integrando estudos de transcriptômica e proteômica. Já FUNESHIMA et al. (2021) utilizaram estudos de metabolômica para investigar a produção de metabólitos relacionados com falhas na concepção de fêmeas bovinas. Os autores encontraram um metabolito relacionado com processos imunológicos e reconhecimento fetal sendo produzido em maiores níveis no plasma sanguíneo das fêmeas que apresentaram dificuldade em conceber.

Uma abordagem multi-ômica, é uma excelente ferramenta para a detecção de QTLs e pode ser utilizada para a seleção de animais sexualmente precoces, bem como para outras características reprodutivas de interesse. Com as ômicas um grande volume de dados vem sendo produzido e o grande desafio na atual era, conhecida como era “*big data*”, é conseguir armazenar, processar, integrar e interpretar todo o volume de informações gerado, traduzindo-o em eficiência e lucro ao produtor.

5. Disseminação de conhecimento sobre melhoramento genético animal a sociedade

O melhoramento genético é um instrumento de grande importância para a produção animal, uma ferramenta na qual permite os criadores aumentarem a eficiência na produção e a lucratividade (CARDOSO, 2009). Tendo em vista, que a criação de animais geneticamente superiores permite o uso mais eficiente dos recursos disponíveis, pois promove a melhoria permanente dos rebanhos e plantéis por meio de diferentes estratégias, sendo a seleção a mais comum. Assim, para atingir o objetivo, inúmeras características de interesse econômico necessitam ser monitoradas, tendo em vista, que os melhores níveis de produtividade são obtidos onde existe uma sintonia com a ambiente/sistema de

produção favorável, o que permite que os animais possam expressar todo seu potencial genético (ROSA et al., 2013).

A aplicação prática do conhecimento teórico de melhoramento genético a fim de promover a seleção de animais geneticamente superiores não é uma tarefa simples, e requer, portanto, o auxílio de profissionais capacitados na área. Conhecimentos computacionais, estatísticos e biológicos são requeridos no processo. Além disso, atualmente há muita informação disponível e de forma relativamente acessível nos veículos virtuais. Apesar da facilidade de acesso, muitas destas informações, em especial na área do melhoramento genético animal, não são de fontes seguras ou quando o são, encontram-se em uma linguagem técnica de alto nível, com acessibilidade restrita a um grupo seleto de pessoas especialistas da área.

Aliado a isso, o melhoramento genético é um tema ainda pouco discutido e compreendido por discentes, produtores e técnicos agropecuários que lidam diretamente com os animais à campo. De modo que muitas práticas realizadas nas propriedades são feitas empiricamente, sem um embasamento técnico-teórico, assim como a seleção de animais reprodutores e sistemas de cruzamentos nas mais diversas espécies de interesse zootécnico. Tal conhecimento é geralmente negligenciado ou aplicado de forma empírica pelo fato de os produtores não compreenderem seu papel e importância na produção animal.

A partir dessa lacuna existente nos meios de produção animal, instituições públicas desenvolvem projetos de extensão a fim de alavancar a popularização do conhecimento na área do melhoramento genético, tendo em vista, que um dos principais compromissos das instituições públicas de educação do país é contribuir com o progresso da sociedade. Assim, iniciativas que trabalham em prol da disseminação do conhecimento precisam ser incentivadas e fortalecidas, bem como parcerias com outras instituições que apresentam o mesmo objetivo.

Dessa forma, inúmeros projetos de extensão rural tem sido criados, com o intuito de criar ligações entre os resultados de pesquisa com a adoção de conhecimentos e tecnologias por produtores rurais (ALVES et al., 2016). Como por exemplo o grupo de melhoramento genético, criado em 2011 pelo Centro de Educação Superior do Oeste (UDESC), que teve por objetivo principal debater

sobre assuntos relacionados ao melhoramento animal e estabelecer na prática a campo os conhecimentos teóricos obtidos pelos discente durante as disciplinas. Outro projeto criado em uma instituição pública de ensino foi o grupo de estudos de melhoramento genético animal da Amazônia (MeGA), que inicialmente objetivou fornecer subsídios para a própria instituição, na Universidade Federal Rural da Amazônia, como também, para associações de criadores e empresas públicas e privadas que trabalham no segmento com o aumento da eficiência do processo produtivo por meio do melhoramento.

Neste contexto, em 2022 foi criado o GenePec, projeto de extensão do departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria, que tem por intuito, popularizar conhecimento da área do melhoramento animal a estudantes, técnicos e produtores através de ciclos de palestras e divulgação de materiais de informação técnico-científica no formato on-line, via vídeos em mídias sociais e podcast para o público geral interessado na área do melhoramento genético animal. O GenePec vem criando uma interação positiva entre o meio acadêmico e o meio rural, com troca mútua de experiências.

Assim, o GenePec vem utilizando de ferramentas que maximizem a disseminação do conhecimento na área do melhoramento animal de forma simples e aplicada, que são de grande importância para promover aumento na produtividade. Percebe-se que há uma lacuna enorme entre Universidade e produtores. A experiência do Genepec mostra que os produtores querem ser ouvidos, que suas demandas em geral são bem mais simples que as elevadas pesquisas de ponta conduzidas nas universidades e que seu conhecimento é em geral muito limitado, o que demonstra a importância da formação em especial dos técnicos e profissionais que prestam atendimento a estes produtores.

6. Considerações finais

A correta modelagem dos efeitos fixos nos modelos de avaliação genética garantem que efeitos ambientais que afetam caracteres reprodutivos sejam considerados apropriadamente nos modelos, estimando valores genéticos com elevada acurácia e classificando corretamente os animais candidatos à seleção. Outras ferramentas que vêm auxiliando no aumento da acurácia e redução do

intervalo de gerações são os estudos genômicos e outras ômicas. Estes estudos têm auxiliado na compreensão da arquitetura genética de características complexas, como as reprodutivas. Apesar dos avanços que vêm ocorrendo na área do melhoramento genético nos últimos anos, boa parte deste conhecimento ainda não transpôs os limites das instituições de ensino e pesquisa. Ações de extensão que visem integrar meio acadêmico e meio rural com esforços na transmissão do conhecimento são, portanto, necessárias.

7. Referências bibliográficas

- ABCZ. Associação Brasileira de Criadores Zebu. Disponível em: <<https://www.abcz.org.br/>>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- ABIEC. **Rebanho bovino Brasileiro**. Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes. 2018. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/3rebanho.asp>>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- ABIEC. **Beef Report: Perfil da Pecuária no Brasil, 2023**. Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carnes. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023-capitulo-01/>>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- ALVES, R. E. et al. **Extensão rural: seu problema não é a comunicação**. In: Ipea. Agricultura, Transformação Produtiva e Sustentabilidade. 2016, p.65-86.
- ASHWELL, MS et al. Detecção de loci de características quantitativas que afetam a produção de leite, saúde e características reprodutivas em bovinos Holandeses. **Revista de ciência láctea**, v.87, n.2, pág.468-475, 2004.
- BERGMANN, J.A.G., et al. Estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal e do peso corporal em animais da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.48, p.69-78, 1996.
- CAMPOS, W. E. et al. **Manejo reprodutivo em gado de corte**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados: 2005. 54 p. (Embrapa. Documentos, 134). Online. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC2009/27469/1/doc_134.pdf>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- CARDOSO, F. F. **Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2009. Online. Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/657470>>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- COEN, S. et al. Early life nutrition affects the molecular ontogeny of testicular development in the young bull calf. **Scientific Reports**, 2023.

- COSTA, R. B. et al. Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**, 2015.
- COSTA, R. B. et al. Prediction of Genomic Breeding Values for Reproductive Traits in Nellore. **Teriogenologia**, 2019.
- COSTA, R. M. **Uso de informação genômica para estimação de Parâmetros genéticos para características de Crescimento e carcaça em bovinos nelore**. 2019. 61f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista.
- DAY, M. L.; NOGUEIRA, G. P. **Management of age at puberty in beef heifers to optimize efficiency of beef production**. *Animal Frontiers*, v.3, n.4, p.6-11, 2013.
- DIAS, L. T. et al. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.1, p.97-102, 2004.
- FUNESHIMA, N. et al. Metabolomic profiles of plasma and uterine luminal fluids from healthy and repeat breeder Holstein cows. **BMC Veterinary Research**, 2021.
- GARRICK, D. J. **A natureza, escopo e impacto da previsão genômica em bovinos de corte nos Estados Unidos**. *Evolução da Seleção Genética*, v. 43, n. 1, pág. 1-11, 2011.
- HUTCHISON, J. L. et al. Genomic evaluation of age at first calving. **Dairy Science Association**, 2017.
- KLUSKA, S. et al. Estimation of genetic parameters for probability of calving up to 39 months of age, stayability and scrotal circumference in Nelore cattle. **Livestock Research for Rural Development**. v.30, n.82. 2018.
- KNIGHTS, S. A. et al. Estimates of heritabilities and of genetic and phenotypic correlations among growth and reproductive traits in yearling Angus bulls. **Journal of Animal Science**, v.58, n.4, p.887-93, 1984.
- IRANO, N. et al. Genome-Wide Association Study for Indicator Traits of Sexual Precocity in Nellore Cattle. **Plosone**, 2016.
- LÔBO, R. B. et al. Bivariate animal model analysis of growth weights and scrotal circumference of Nellore cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, Guelph, Canada, 1994. p.199-202.
- LÔBO, R. N. B. Genetic parameters for reproductive traits of zebu cows in the semi-arid region of Brazil. **Livestock Production Science**, v.55, n.3, p.245–248, 1998.
- MARQUES, E. G. **Evolução fenotípica da raça nelore na associação**

- brasileira dos criadores de zebu.** 2018. 69f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.
- MARTIN, L. C. et al. Genetic effects on beef heifer puberty and subsequent reproduction. **Journal of Animal Science**, v.70, n.11, p.4006-4017, 1992.
- MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v.157, n.4, p.1819-1829, 2001.
- MELO, T. P et al. Genome-wide association study provides strong evidence of genes affecting the reproductive performance of Nellore beef cows. **Plos one**, 2017.
- MOSER, D. W. et al. Effects of selection for scrotal circumference in Limousin bulls on reproductive and growth traits of progeny. **Journal of Animal Science**, v.74, n.4 p.2052-2057, 1996.
- NEVES, H. H. R. et al. Genetic parameters for an alternative criterion to improve productive longevity of Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.90, n.12, p.4209-4216, 2012.
- NOGUEIRA, G. P. **Puberty in south american bos indicus (Zebu) cattle.** **Animal Reproduction Science**, v.82, p.361-372, 2004.
- NUÑEZ-DOMINGUEZ, R. et al. Lifetime production of beef heifers calving first at two vs. three years of age. **Journal of Animal Science**, v.69, p.3467-3479, 1991.
- OLIVEIRA, J. H. F.; MAGNABOSCO, C. U.; BORGES, A. M. S. M. **Nelore : Base Genética e Evolução Seletiva no Brasil.** Brasília: Embrapa Cerrados, 2002. Online. Available from: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/566499/1/doc49.pdf>>. Acesso em: Ago. 20, 2023.
- PEROTTO, D. et al. Estudos de características reprodutivas de animais da raça Canchim, criados a pasto, no estado do Paraná, Brasil. **Archives of Veterinary Science**, v.11, n.2, p.1-6, 2006.
- PMGZ. **Sistema Integrado de Avaliação Genética.** Available from: <https://www.abczstat.com.br/comunicacoes/sumario/default.aspx?acesso=publico>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- PÖTTER, L. et al. Produtividade de um modelo de produção para novilhas de corte primíparas aos dois, três e quatro anos de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 27, n. 3, p. 613-619, 1998.
- RAMOS, P. V.B. et al. Genomic evaluation for novel stayability traits in Nellore cattle. **Reproduction in Domestic Animals**, v.55, n.3, p. 266-273, 2019.
- ROSA, A. N. *et al.* **Melhoramento genetico aplicado em gado de corte.**

- Brasília: Embrapa Gado de Corte, 2013. 257p.
- SÁNCHEZ, J. M. et al. A high plane of nutrition during early life alters the hypothalamic transcriptome of heifer calves. **Scientific Reports**, 2021.
- SENA, J. S. S. et al. Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. **Atas de Saúde Ambiental**, v.1, n.1, p.1-13, 2013.
- SILVA, D. A. et al. Grupos contemporâneos na avaliação genética de bovinos Nelore utilizando inferência Bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, p. 643-651, 2017.
- USDA. United states department of agriculture foreign agricultural service. **Livestock and Poultry: World Markets and Trade**. Online. Available from: <<https://www.fas.usda.gov/data/livestock-and-poultry-world-markets-and-trade>>. Acesso em: Ago. 12, 2023.
- VAN ARENDONK, J. A. M. Studies on the replacement policies in dairy cattle. IV. Influence of seasonal variation in performance and prices. **Livestock Production Science**, v. 14, n. 1, p. 15-28, 1986.
- YOKOO, M. J.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.1, p.91-100, 2012.

Autores

Thaise Pinto De Melo¹, Andreia Kasparzy Zwirtes¹, Louise Belmonte Faverzani¹, Delvan Alves Silva², Roberto Carneiro³, Lucia Galvão Albuquerque⁴

1. Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.
2. Universidade Federal de Viçosa, UFV, Viçosa, MG, Brasil.
3. The Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation, CSIRO, Canberra, Australia.
4. Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.

PERCEPÇÃO DOS TUTORES EM RELAÇÃO AOS ANIMAIS DE COMPANHIA COM SOBREPESO E OBESOS

Louíse Belmonte Faverzani.¹(PG); Thaise Pinto de Melo ¹(O); Diego Soares Machado²(CO); Andreia Kasparzy Zwirter ¹(PG).

¹*Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;*

²*Instituto Federal Farroupilha – Campus Alegrete.*

Com o crescimento populacional de cães e gatos nos domicílios brasileiros, também se tornou comum que os mesmos sejam tratados como membros da família, diante disso, certos cuidados especiais são empregadas com alimento e exercícios físicos, aumentando seu bem estar e prolongando sua expectativa de vida. Apesar disto, muitos tutores desconhecem a melhor opção de alimento, quantidade a ser ofertada e sua necessidade de exercícios para que seus “pets” não tenham ganho de peso indesejado e entrem em condição de sobrepeso e obesidade, as quais são prejudiciais à saúde do animal. Tendo em vista, que indivíduos classificados com sobrepeso e obeso possuem maior risco de desenvolver doenças secundárias como: problemas cardiorrespiratórias e dermatológicas, distúrbios urinários e reprodutivos, doenças ortopédicas, diabetes mellitus e neoplasia, diminuindo seu bem-estar e expectativa de vida. Assim, objetivou-se entender a visão dos tutores de cães e gatos, em relação a condição corporal acima do considerado ideal e compreender os benefícios da atividade física para a perda de peso dos “pets”. A fim de conhecer o perfil dos tutores, bem como seus hábitos e relação dos mesmos com o estado corporal dos animais. Dessa forma, foi aplicado um questionário *on-line* através do *Google Forms*, entre dezembro de 2022 e janeiro de 2023. O questionário possuiu 13 perguntas e foi aplicado apenas com pessoas residentes no estado do Rio Grande do Sul. Quanto ao escore de condição corporal (ECC) dos animais, os mesmos foram classificados como: caquético (1), magro (2), ideal (3), sobrepeso (4) e obeso (5), pela observação dos tutores, com imagens disponibilizadas no formulário. A avaliação ocorreu através da visualização no ângulo que contemplava a parte superior e lateralmente de cães/gatos, buscando observar o nível de musculatura e deposição de gordura subcutânea. Os 110 respondentes eram tutores de 120 cães e 80 gatos. Destes, um total de 42,7% eram tutores de cães, 17,3% de gatos e 40% possui ambos, dos quais faziam ou não exercícios com eles, podendo ser caminhadas, interação com um pátio ou brincadeiras. A maioria dos participantes se encontravam na faixa etária entre 16 e 25 anos (65,5%) e possuíam gatos em ECC 2 (41,3%) e cães com ECC 3 (44,8%), segundo avaliação do tutor, podendo ter variações, já que pode ter uma compreensão diferente das imagens. Um total de 19,2% dos cães avaliados apresentaram sobrepeso e 8,4% estavam obesos, já os gatos apresentaram sobrepeso em 12,5% dos casos e obesidade em 7,5%. Todas as pessoas respondentes que consideram ECC 4 e 5 como ideias, afirmaram que não enxergavam problema nesta situação apesar de terem marcado que tem o conhecimento dos problemas causados pelo sobrepeso e obesidade. Em relação a frequência da atividade física, pessoas que fizeram exercícios pelo menos 3 vezes por semana com duração mínima de 1 hora com seus pets (82%), marcaram que estavam com ECC 3, o que pode ser um indício dos benefícios da atividade física sobre o ECC deste animais.



**Parâmetros produtivos da pastagem de aveia preta e azevém consorciadas com
ervilhaca em diferentes taxas de semeadura¹**

**Lucas Alves Visca Moutinho¹, Isaías de Oliveira Borges¹, Vitória Castro Vieira¹, Louíse
Belmonte Faverzani¹, João Pedro da Luz Maciel da Costa¹, Izadora Nicola Rodrigues¹
& Diego Soares Machado²**

¹Resumo elaborado para a XVIII Jornada NESPro & VI Simpósio Internacional Sobre Sistemas de Produção de Bovinos de Corte. Porto Alegre, RS, Brasil. 29 e 30 de maio de 2023.

Resumo: Objetivou-se avaliar a taxa de acúmulo, a massa de forragem e carga animal em pastagens de aveia, azevém e ervilhaca em diferentes taxas de semeadura. Utilizou-se um delineamento em blocos casualizados, com três repetições de área por tratamento. Os tratamentos foram determinados pelas densidades de semeadura de ervilhaca, sendo 0, 20 e 40 kg/ha. No *mix* forrageiro com 40 kg de ervilhaca houve maior taxa de acúmulo de biomassa, 50,99 vs. 44,41 e 40,03 kg MS/ha, respectivamente, para 0 e 20 kg de ervilhaca. A massa de forragem reduziu com o avançar no estágio fenológico da pastagem, enquanto obteve-se maior carga animal. Quando se utiliza maior densidade de semeadura (40 kg/ha) de ervilhaca em consórcio com aveia e azevém há um incremento na taxa diária de acúmulo de biomassa.

Palavras-chaves: carga animal, massa de forragem, *mix* forrageiro, taxa de acúmulo

Introdução

No Brasil a produção animal em pastagens é o sistema mais utilizado por apresentar menor custo (Gomes et al., 2020). Neste contexto, ressalta-se que na região sul do país, há períodos críticos relacionados à oferta e qualidade de alimento, devido às baixas temperaturas do outono/inverno. Para solucionar tal problemática utiliza-se a implantação de pastagens de inverno, muitas vezes em consórcio. O azevém é a principal gramínea utilizada, geralmente consorciada com aveia preta. Porém, o uso de leguminosas, como trevo vermelho e ervilhaca, nesse *mix* forrageiro tem se mostrado vantajoso. Estudos sobre a inclusão de leguminosas em sistemas pastoris são de grande importância, pois além dos benefícios da fixação biológica de N, tem-se também o benefício de uma maior ingestão de proteínas pelos animais (Vonz et al., 2021). Portanto, o presente trabalho objetivou avaliar os parâmetros produtivos de aveia preta e azevém, consorciadas com ervilhaca em diferentes taxas de semeadura.

Material e Métodos

Este projeto foi aprovado pela CEUA - IFFar, protocolado sob o nº. 8970130722. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Farroupilha, Alegrete/RS. Utilizou-se um

¹Acadêmico(a) do curso de Zootecnia do Instituto Federal Farroupilha (IFFar – Campus Alegrete), Alegrete, RS, Brasil. E-mail: luccasde1209@gmail.com

²Zootecnista, Docente do curso de Zootecnia, Instituto Federal Farroupilha (IFFar – Campus Alegrete), Alegrete, RS, Brasil.



delineamento em blocos ao acaso e os tratamentos foram determinados pelas densidades de semeadura de ervilhaca (*Vicia sativa* L.), junto ao consórcio de aveia preta (*Avena strigosa* Schreb) e azevém (*Lolium multiflorum* Lam.); sendo 0 (testemunha), 20 kg e 40 kg de ervilhaca/ha. As taxas de semeadura, com base em sementes puras e viáveis foram de 80 kg/ha de aveia preta; 25 kg de azevém, e 20 ou 40 kg de ervilhaca de acordo com os tratamentos. Foram utilizados 27 bezerros, com idade inicial de sete meses e peso corporal de 163 kg.

O método de pastejo foi contínuo, e a lotação variável. Nas avaliações de pastagem foram mensuradas a massa de forragem, pela técnica de dupla amostragem com quadros metálicos (0,25 m²), com o corte das plantas ao nível do solo, em intervalos de aproximadamente 21 dias. As amostras foram secas em estufa (60°C por 72 h) e pesadas para estimar a massa de forragem e o teor de matéria seca (MS). A taxa de acúmulo de forragem foi obtida de acordo com a equação proposta por Campbell (1966), com uso de gaiolas de exclusão ao pastejo. A carga animal foi obtida pela multiplicação da taxa de lotação (U.A./ha) multiplicada por 450, em cada período correspondente. Foram utilizadas três repetições (piquetes) por tratamento, com três bezerros *testers* em cada piquete. Os dados foram submetidos à análise de variância, com medidas repetidas no tempo, e as médias comparadas pelo teste “t”, no software R Studio®.

Resultados e Discussão

A massa de forragem manteve-se similar entre os sistemas forrageiros, designados pelas diferentes taxas de semeadura de ervilhaca (Tabela 1). Resultado esse já esperado, resultante do manejo e controle para mantê-la uniforme entre os tratamentos. A carga animal, que reflete a capacidade de suporte da pastagem, também não diferiu entre os sistemas forrageiros ($P>0,05$), com média de 910,37 kg PV/ha. Esses valores são próximos aos reportados por Pizutti et al. (2012) e Vonz et al. (2021), que encontraram médias de carga animal de 858 e 881 kg PV/ha, respectivamente, em consórcio de aveia e azevém ou dessas com ervilhaca. Entretanto, na taxa de acúmulo, o consórcio de Av + Az + 40 foi superior 34,34 e 33,10% superior, respectivamente, em relação a 0 e 20 kg de ervilhaca/ha ($P<0,05$). Infere-se que esse maior acúmulo de biomassa se deve ao maior adensamento de plantas/área e a fixação biológica de N promovida pela leguminosa com benefícios também às gramíneas usadas no consórcio.



Tabela 1. Produção de forragem e carga animal em sistemas forrageiros, consorciados de aveia preta e azevém, com adição de ervilhaca em diferentes densidades de semeadura

Variáveis	Sistemas forrageiros			P valor
	Av + Az	Av + Az + 20	Av + Az + 40	
Massa de forragem (kg MS/ha)	1099,40	1097,58	1087,44	0,9860
Taxa de acúmulo (kg MS/ha/dia)	33,48b	34,11b	50,99a	0,0269
Carga animal (kg PV/ha)	922,02	805,5	1003,6	0,2383
	Períodos de avaliação			
	19/08 – 09/9	10/09-30/09	01/10 – 21/10	
Massa de forragem (kg MS/ha)	1443,78 ^a	967,54b	873,09b	<0,0001
Taxa de acúmulo (kg MS/ha/dia)	44,41	40,03	32,85	0,1312
Carga animal (kg PV/ha)	958,47b	951,13b	699,22a	0,0275

Valores seguidos por letras minúsculas diferem estatisticamente pelo teste “t” (P<0,05). Av + Az = consórcio de aveia preta + azevém; Av + Az + 20 = consórcio de aveia preta + azevém + 20 kg de ervilhaca; Av + Az + 40 = consórcio de aveia preta + azevém + 40 kg de ervilhaca.

Em estudo similar, avaliando diferentes taxas de semeadura de ervilhaca no consórcio com aveia e azevém, Vonz et al. (2021) obtiveram taxas de acúmulo variando de 42,9 a 48,9 kg MS/ha/dia. A massa de forragem foi influenciada pelos ciclos de avaliação da forragem, com superioridade no primeiro período, em relação aos demais. Isto ocorre com a transição do estágio vegetativo para o reprodutivo das forrageiras. Na carga animal também foram observadas diferenças estatísticas, entretanto, nos dois primeiros períodos os valores foram similares entre si (958,47 kg PV/ha e 951,13 kg PV/ha, respectivamente), diferenciando-se assim do terceiro período que apresentou maior carga animal (699,22 kg PV/ha). Atribui-se tal resultado ao aumento de peso dos animais *testers* com o avanço do período experimental.

Conclusão

A maior taxa de semeadura de ervilhaca no consórcio com gramíneas para o pastejo contínuo por bovinos aumenta a taxa de acúmulo de forragem. Há um aumento na carga animal com a proximidade do seu final de ciclo das pastagens, fruto da elevação de peso dos animais.

Referências

CAMPBELL, A.G. Grazed pasture parameters. Pasture dry matter production and availability in a stocking rate and grazing management experiment with dairy cow. *Journal of Agricultural Science*, v.67, n.2, p.199-210, 1966.

GOMES, L. M.; ONGARATTO, F.; REIS, R. A.; FERNANDES, M. H. M. R.; RIGOBELLO, I. L.; CAMPOS, J. A. A. Como diferentes sistemas de intensificação da bovinocultura de corte alteram a estrutura do dossel de capim marandu? In: Simpósio Brasileiro de Agricultura Sustentável, 10. **Anais eletrônicos...** Viçosa: UFV.

PIZZUTI, L. A. D., et al. Production parameters and forage loss of oat and rye grass pastures managed with beef heifers fed diets with energy supplementation. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.41, n.8, p.1928-1936, 2012.

VONZ, D. et al. Performance of steers fed on pasture receiving different seeding rates of vetch in an integrated crop-livestock system. *Spanish Journal of Agricultural Research*, v.19, n.1, e06SC01, 2021.



Comportamento ingestivo de bezerros de corte em pastagens consorciadas de inverno ¹

Vitória Castro Vieira¹, Isaías de Oliveira Borges¹, Louíse Belmonte Faverzani¹, Izadora Nicola Rodrigues¹, Caroline da Silva Nardon¹, João Witor Silva de Oliveira¹ & Diego Soares Machado²

¹Resumo elaborado para a XVIII Jornada NESPro & VI Simpósio Internacional Sobre Sistemas de Produção de Bovinos de Corte. Porto Alegre, RS, Brasil. 29 e 30 de maio de 2023.

Resumo: Objetivou-se avaliar o comportamento ingestivo de bezerros de corte em pastagens consorciadas de aveia preta, azevém e ervilhaca. Foram utilizados 27 bezerros Brangus. Os tratamentos resultaram da combinação de azevém, aveia preta e 0, 20 e 40 kg de semente de ervilhaca/ha. Foram realizadas três avaliações diurnas de comportamento ingestivo. Os sistemas forrageiros não influenciaram os tempos despendidos com pastejo, ruminação e outras atividades ($P>0,05$). Todavia, com o avançar do ciclo de utilização da pastagem os bezerros usaram maiores tempos de pastejo e usaram menos tempo com outras atividades. A utilização de ervilhaca em consórcio com gramíneas não modifica o comportamento ingestivo de bezerros, porém o avanço do estágio fenológico da pastagem causa alterações nas atividades de comportamento ingestivo.

Palavras-chaves: bem-estar animal, bezerros de corte, ervilhaca, pastejo, ruminação

Introdução

O entendimento da relação existente entre planta e animal, é necessário conhecer como ambos se comportam nos processos de pastejo. Herbívoros em ambiente pastoril têm a capacidade de demonstrar através do seu comportamento, características específicas deste meio, tendo relação direta com oferta e qualidade da forragem disponível (Carvalho & Moraes, 2005), em que a distribuição dessas atividades é desuniforme, composta por ingestão, ruminação e repouso (Fischer et al., 2000).

Em seus estudos, Lazarotto et al. (2019) avaliaram o comportamento ingestivo de bovinos pastejando *mix* forrageiro envolvendo aveia, azevém e ervilhaca, porém em relação ao uso ou não de suplementação, e não diferentes arranjos desse consórcio. Portanto, objetivou-se neste trabalho avaliar o comportamento ingestivo de bezerros de corte em pastagens consorciadas de aveia preta, azevém e ervilhaca em diferentes taxas de semeadura.

Material e Métodos

Este projeto foi aprovado pela CEUA - IFFar, protocolado sob o nº. 8970130722. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Farroupilha, Alegrete/RS. Utilizou-se um

¹Acadêmico(a) do curso de Zootecnia, Instituto Federal Farroupilha - Campus Alegrete (IFFAR), Alegrete, RS, Brasil. E-mail: vitoria.2019008508@aluno.iffar.edu.br

²Zootecnista, Docente do curso de Zootecnia, Instituto Federal Farroupilha (IFFar – Campus Alegrete), Alegrete, RS, Brasil.



delineamento em blocos ao acaso e os tratamentos foram determinados pelas densidades de semeadura de ervilhaca (*Vicia sativa* L.), junto ao consórcio de aveia preta (*Avena strigosa* Schreb) e azevém (*Lolium multiflorum*); sendo 0 (testemunha), 20 kg e 40 kg de ervilhaca/ha. As taxas de semeadura, com base em sementes puras e viáveis foram de 80 kg/ha de aveia preta; 25 kg de azevém, e 20 ou 40 kg de ervilhaca de acordo com os tratamentos. Foram utilizados 27 bezerros, com idade inicial de sete meses e peso corporal de 163 ± 27 kg.

O método de pastejo foi contínuo e a lotação variável. A massa de forragem foi avaliada em intervalos de 21 dias, em três momentos ao longo do experimento, cujos valores foram, respectivamente, 1.414,12; 1.117,89; e 894 kg MS/ha. Nestes mesmos períodos, as ofertas de forragem situavam-se em 9,53; 8,87; e 7,73 kg MS/100 kg de peso corporal. As avaliações de variáveis comportamentais foram realizadas em três dias ao longo do ciclo de utilização da pastagem (26/08; 14/09 e 19/10/2022), durante o período diurno das 6h30 às 18h30. O registro das atividades de pastejo, ruminação e outras atividades foi realizado por meio de observação visual dos animais *testers* a cada 10 minutos. Foram utilizadas nove repetições por tratamento, em que cada bezerro compôs uma unidade experimental. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo proc MIXED do SAS® e as médias ajustadas pelo método *lsmeans* e classificadas pelo teste de Tukey-Kramer, com $\alpha = 0,05$.

Resultados e Discussão

Não houve interação entre sistema forrageiro e período para as variáveis analisadas neste trabalho ($P > 0,05$). O tempo diurno despendido com atividades de pastejo (448,98 min), ruminação (134,26 min) e outras atividades (155,85 min) não foi influenciado pela inclusão de ervilhaca no sistema forrageiro, em diferentes densidades de semeadura (Tabela 1). Estes resultados corroboram com Lazarotto et al. (2019) que não verificaram diferenças no comportamento ingestivo de novilhos em pastejo, com consórcios das mesmas espécies do presente estudo, porém associado ao uso de suplementação energética.

Houve efeito significativo do período de pastejo sobre o comportamento ingestivo (Tabela 1). Maiores períodos de pastejo foram observados com o avanço do estágio fenológico das forrageiras (segundo e terceiro períodos de avaliação). Em contrapartida, o tempo despendido com outras atividades reduziu a cada período de avaliação. E mesmo com plantas



mais jovens o tempo de ruminação tendeu a ser mais elevado no primeiro período ($P=0,0642$), fruto da necessidade de menor tempo de pastejo diurno para saciedade dos bezerros.

Tabela 2. Padrões comportamentais de bezerros de corte em pastagem de aveia + azevém consorciadas com ervilhaca em diferentes densidades de semeadura

Atividades	Sistemas forrageiros			P valor
	Av + Az	Av + Az + 20	Av + Az + 40	
Pastejo, min	439,33	427,83	425,78	0,4171
Ruminação, min	142,67	141,78	118,33	0,3466
Outras atividades, min	147,17	168,72	151,67	0,5692
	Períodos de avaliação			
	26/08/22	14/09/22	19/10/22	
Pastejo, min	358,89b	462,44 ^a	498,61 ^a	<0,0001
Ruminação, min	158,06	112,22	132,50	0,0642
Outras atividades, min	211,11 ^a	149,78b	96,66c	<0,0001

Valores seguidos por letras minúsculas na mesma linha diferem estatisticamente pelo teste de Tukey-Kramer em nível de 5% de significância; Av + Az = consórcio de aveia preta + azevém; Av + Az + 20 = consórcio de aveia preta + azevém + 20 kg de ervilhaca; Av + Az + 40 = consórcio de aveia preta + azevém + 40 kg de ervilhaca.

Maiores tempos de pastejo com o avançar no estágio fenológico da pastagem resultam da menor oferta e da queda na qualidade do material ingerido. Os bovinos em pastejo tendem a aumentar o tempo de pastejo como um mecanismo de compensar a baixa qualidade da forragem disponível e a perda de qualidade ocasionada pela aproximação do fim de ciclo de pastejo (Minson & Wilson, 1994; Rodrigues et al., 2019).

Conclusão

O uso de ervilhaca, junto ao consórcio de aveia e azevém não modifica o comportamento ingestivo de bezerros. O avanço no estágio fenológico de forrageiras de inverno provoca aumento no tempo de pastejo de bezerros de corte.

Referências

- CARVALHO, P. C. F. & MORAES, A. Comportamento ingestivo de Ruminantes: bases para o manejo sustentável do pasto. In: Ulysses Cecato; Clóves Cabreira Jobim. (Org.). Manejo Sustentável em Pastagem. Maringá-PR: UEM, v.1, p.1-20, 2005.
- FISCHER, V.; DUTILLEUL, P.; DESWYSEN, A. G.; DÈSPRES, L. & LOBATO, J. F. P. Aplicação de probabilidades de transição de estado dependentes do tempo na análise quantitativa do comportamento ingestivo de ovinos: Parte I. Revista Brasileira de Zootecnia, v. 29, p.1811-1820, 2000.
- LAZAROTTO, E. F. C. O.; MENEZES, L. F. G.; PARIS, W.; MOLINETE, M. L.; SCHIMITZ, G. R.; BARAVIERA, J. H. I.; FARENZENA, R. & PAULA, A. L. Backgrounding steers on temperate grasses mixed with vetch and/or using energy supplementation. Asian-Australasian J. of Animal Sciences, v.32, n.6, p.800-807, 2019.
- MINSON, D. J. & WILSON, J. R. Prediction of intake as an element of forage quality. Forage quality, evaluation, and utilization, p.533-563, 1994.
- RODRIGUES, L. S.; ALVES FILHO, D.C.; BRONDANI, I. L.; RESTLE, J.; SILVA, V. S.; COLVERO, P. C. P.; SILVA, A. L. & BONA, R. A. Comportamento ingestivo de novilhas de corte em pastagem de sorgo forrageiro implantada com diferentes arranjos populacionais. Arq. Bras. de Med. Vet. e Zoot., v.71, n.6, p.2025-2033, 2019.

nificance level was carried out to identify which genes differed between the NM and FTAI groups. Gene expression in the FTAI couples was generally higher: *MHC*= 3.62^a, *NC-1*= 0.34^a, *NC-2*= 2.76^a, *NC-3*= 1.29^a, and *NC-4*= 1.67^a, than in NM: *MHC*=0.84^b, *NC-1*= 0.92^b, *NC-2*= 0.90^b, *NC-3*=1.12^a, and *NC-4*=0.97^a. Significant differences ($P<0.05$) were observed in the expression of the *MHC*, *NC-1*, and *NC-2* genes between the NM and FTAI groups. These results indicate a possible relationship between MHC genes and reproductive success, which may be involved in mate choice and reproductive success in cattle.

523.310. EXPRESSION OF MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX GENES ASSOCIATED WITH REPRODUCTIVE SUCCESS IN BEEF CATTLE

Louíse Belmonte Faverzani¹, Evandro Neves², Daniele Beraldo³, Diego Zeni¹, Thais Machado¹, Gilson Pessoa¹, Elgion Loreto¹, Thaise Pinto de Melo¹

1. Federal University of Santa Maria

2. Federal University of Alfenas

3. Professor Edson Antônio Velado University

The major histocompatibility complex (MHC) consists of a set of genes primarily related to immunological processes, but in recent decades, it has been associated with reproductive success in mammals. The aim of this study was to evaluate the expression of MHC genes (*MHC*, *NC-1*, *NC-2*, *NC-3*, and *NC-4*) in bovine couples subjected to artificial insemination (FTAI) in two groups: a group of couples with successful pregnancy (GS) and a group of couples with failed pregnancy (GF). A total of 12 pairs (6 GS and 6 GF) of the Hereford breed were used. For gene expression analysis, firstly RNA was extracted from blood tissue, followed by cDNA synthesis, later, it was performed the RT-PCR. R Studio software was used for statistical analyses, and a Student's T-test with Bonferroni correction was conducted to compare means at a 5% significance level to identify which genes differed in their expression between the MN and FTAI groups. The results showed a significant difference at the 5% level ($P<0.05$) for the *MHC* (GS= 3.35 vs GF= 2.91) and *NC-4* (GS= 1.67 vs GF= 0.26) genes. It was observed that the GS group had higher expression levels of *MHC* and *NC-4* compared to the GF group. These results suggest that the expression of *MHC* and *NC-4* genes is associated with pregnancy success, as higher expression was ob-

served in pairs that successfully produced a calf. These findings indicate that the *MHC* and *NC-4* genes may play a role in reproductive success in cattle, possibly acting at some stage of the conception and fetal recognition process.

524.453. SEMEN INFLAMMATION TO FERTILITY CHALLENGES: UNRAVELING THE IMMUNE CROSS-TALK BETWEEN MALE AND FEMALE GENITAL TRACTS AND ITS IMPACT ON OFFSPRING

María Sol Martínez¹, Fernando Nicolás Freyre¹, Yair Aron Chocobar¹, Yamila Fariz¹, Daniela Andrea Paira¹, Carolina Olivera¹, Virginia Elena Rivero¹, Rubén Darío Motrich¹
1. FOCIS Center of Excellence Centro de Inmunología Clínica de Córdoba (CICC), CIBICI-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

Background: Male infertility accounts for up to 50% of all infertility cases, with urogenital inflammation, particularly chronic prostatitis, contributing to 15% of these cases. Chronic prostatitis patients show semen inflammation and reduced sperm quality. Given that the seminal fluid is crucial not only for fertilization but also for inducing immunoregulation in the female genital tract (FGT) to support embryo implantation and pregnancy development, chronic prostatitis could have further effects beyond semen inflammation.

Objective: To investigate the impact of Experimental Autoimmune Prostatitis (EAP) on male fertility, immunomodulation in the FGT, and offspring development. **Methods:** C57BL/6 male mice were immunized with prostate antigens (PA) or saline (C) to induce EAP. The PA-specific immune response, prostate histopathology, and sperm quality were evaluated. Mating experiments with female BALB/c mice were performed to assess fertility parameters, uterine immune cell infiltration and cytokine/chemokine expression, and offspring development. Statistical analysis was performed using the Mann-Whitney test or ANOVA ($p<0.05$). **Results:** EAP males exhibited chronic prostate inflammation, semen inflammation and oxidative stress, and reduced sperm quality. Females mated with EAP males showed significantly increased uterine leukocyte infiltration, upregulated expression of IL-1 β and IL-17A, along with reduced IL-10, and downregulated expression of embryotropic factors crucial for implantation and decidualization (LIF, IL-6 and IGFBP-1, respectively) whereas increased

capacity to secrete IL-2 and IL-4 under polyclonal stimulation. Interestingly, under Th1 differentiation conditions they produced higher amounts of INF- γ . Even though dendritic cells, myeloid and plasmacytoid, were found in similar proportions to control groups, they possess more activated phenotypes, expressing higher levels of CD80 and CD86; this phenotype correlated inversely with all the Th cells proportions. In conclusion, our results suggested that *in utero* exposure to HIV generates a fetal programming that affects the development of its immune defense.

521.302. MATERNAL-PATERNAL IMMUNE CELLS CO-CULTURE DIFFER IN THEIR NR4A EXPRESSION PATTERN COMPARING URSA PATIENTS AND CONTROLS

Karen Mira¹, Pablo FERNANDEZ¹

1. INIGEM-CONICET - Buenos Aires, Argentina

Spontaneous abortion is the most common complication of early pregnancy. Three or more consecutive losses define a recurrent situation. A majority of these losses remain unexplained (URSA). As immunological mechanisms seem to participate in their development, medical centers worldwide set up and apply intra-dermal injections of paternal mononuclear cells through diverse protocols referred as "Paternal Immunotherapy". The treatment effectiveness is followed by measuring the initial and post-treatment blocking activity in a mixed lymphocyte reaction: maternal and paternal mononuclear cells are co-cultured in the presence of maternal serum. NR4A orphan receptors subfamily is integrated by three immediate early genes functioning as ligand independent transcription factors. We have previously reported that patients show significant lower mRNA expression levels of NR4A2 and NR4A3 nuclear orphan receptors, when compared to control fertile women. To further advance in the study of the NR4A potential involvement within the numerous mechanisms responsible for the maternal tolerance towards the embryo, we set up a maternal and paternal mononuclear cells co-culture to evaluate NR4A mRNA expression in this context. Mononuclear immune cells were maintained alone or combined 1:1 into standard culture medium, at 37°C, 5h, previous to determine NR4A mRNA expression by real-time PCR. Assuming the hypothesis that expression in co-culture might be close to the mean expression in individual cultures if no effect between heterologous cells,

and that the diversity of our unexplained samples might include other unknown pathologies than immunological, we choose to compare average values for each gene/group. The URSA group showed co-cultures with lower mRNA expression for NR4A1 and NR4A2, and higher expression for NR4A3, than their respective individual cultures. Interestingly, Control group co-cultures showed opposite effects for NR4A1 (higher) and NR4A3 (lower) mRNA expression. These results strengthen our hypothesis of NR4A subfamily members participating as immune restrictive/promotive factors for embryo implantation and development.

522.307. RELATIONSHIP BETWEEN MATE CHOICE AND THE EXPRESSION OF BOVINE MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX GENES

Thaise Melo¹, Louise Faverzani¹, Evandro Neves², Daniele Beraldo³, Elgion Loreto¹, Diego Zeni¹, Pamela Otto¹, Fernanda Breda¹, Gilson Pessoa¹

1. Federal University of Santa Maria

2. Federal University of Alfenas

3. Professor Edson Antônio Velano University

Fixed-time artificial insemination (FTAI) is a technique that has been employed in the reproduction of domestic animals. Despite facilitating reproductive management and reducing costs, this tool does not allow animals to choose their sexual partner. The ability to choose a sexual partner may be related to reproductive success. The major histocompatibility complex (MHC) gene complex is associated with immunological processes and, in recent decades, has been linked to reproductive success in mammals. The aim of this study was to evaluate the expression levels of MHC genes (*MHC*, *NC-1*, *NC-2*, *NC-3*, and *NC-4*) in bovine couples with successful reproduction, mated under two systems: inseminated animals (FTAI) and natural mating (NM). A total of 16 couples with successful pregnancies (10 NM and 6 FTAI) from the Hereford and Braford breeds were used. For gene expression analysis, firstly RNA was extracted from blood tissue, followed by cDNA synthesis, finally, it was performed the RT-PCR. The analysis was conducted in R Studio software, where outliers were checked, and normality and homoscedasticity of variances were evaluated. Upon detecting a violation of these assumptions, a Box-cox transformation was performed, and a mean comparison test at a 5% sig-

nificance level was carried out to identify which genes differed between the NM and FTAI groups. Gene expression in the FTAI couples was generally higher: *MHC*= 3.62^a, *NC-1*= 0.34^a, *NC-2*= 2.76^a, *NC-3*= 1.29^a, and *NC-4*= 1.67^a, than in NM: *MHC*=0.84^b, *NC-1*= 0.92^b, *NC-2*= 0.90^b, *NC-3*=1.12^a, and *NC-4*=0.97^a. Significant differences ($P<0.05$) were observed in the expression of the *MHC*, *NC-1*, and *NC-2* genes between the NM and FTAI groups. These results indicate a possible relationship between *MHC* genes and reproductive success, which may be involved in mate choice and reproductive success in cattle.

523.310. EXPRESSION OF MAJOR HISTOCOMPATIBILITY COMPLEX GENES ASSOCIATED WITH REPRODUCTIVE SUCCESS IN BEEF CATTLE

Louíse Belmonte Faverzani¹, Evandro Neves², Daniele Beraldo³, Diego Zeni¹, Thais Machado¹, Gilson Pessoa¹, Elgion Loreto¹, Thaise Pinto de Melo¹

1. Federal University of Santa Maria

2. Federal University of Alfenas

3. Professor Edson Antônio Velado University

The major histocompatibility complex (MHC) consists of a set of genes primarily related to immunological processes, but in recent decades, it has been associated with reproductive success in mammals. The aim of this study was to evaluate the expression of MHC genes (*MHC*, *NC-1*, *NC-2*, *NC-3*, and *NC-4*) in bovine couples subjected to artificial insemination (FTAI) in two groups: a group of couples with successful pregnancy (GS) and a group of couples with failed pregnancy (GF). A total of 12 pairs (6 GS and 6 GF) of the Hereford breed were used. For gene expression analysis, firstly RNA was extracted from blood tissue, followed by cDNA synthesis, later, it was performed the RT-PCR. R Studio software was used for statistical analyses, and a Student's T-test with Bonferroni correction was conducted to compare means at a 5% significance level to identify which genes differed in their expression between the MN and FTAI groups. The results showed a significant difference at the 5% level ($P<0.05$) for the *MHC* (GS= 3.35 vs GF= 2.91) and *NC-4* (GS= 1.67 vs GF= 0.26) genes. It was observed that the GS group had higher expression levels of *MHC* and *NC-4* compared to the GF group. These results suggest that the expression of *MHC* and *NC-4* genes is associated with pregnancy success, as higher expression was ob-

served in pairs that successfully produced a calf. These findings indicate that the *MHC* and *NC-4* genes may play a role in reproductive success in cattle, possibly acting at some stage of the conception and fetal recognition process.

524.453. SEMEN INFLAMMATION TO FERTILITY CHALLENGES: UNRAVELING THE IMMUNE CROSS-TALK BETWEEN MALE AND FEMALE GENITAL TRACTS AND ITS IMPACT ON OFFSPRING

María Sol Martínez¹, Fernando Nicolás Ferrera¹, Yair Aron Chocobar¹, Yamila Fariz¹, Daniela Andrea Paira¹, Carolina Olivera¹, Virginia Elena Rivero¹, Rubén Darío Motrich¹
1. FOCIS Center of Excellence Centro de Inmunología Clínica de Córdoba (CICC), CIBICI-CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

Background: Male infertility accounts for up to 50% of all infertility cases, with urogenital inflammation, particularly chronic prostatitis, contributing to 15% of these cases. Chronic prostatitis patients show semen inflammation and reduced sperm quality. Given that the seminal fluid is crucial not only for fertilization but also for inducing immunoregulation in the female genital tract (FGT) to support embryo implantation and pregnancy development, chronic prostatitis could have further effects beyond semen inflammation.

Objective: To investigate the impact of Experimental Autoimmune Prostatitis (EAP) on male fertility, immunomodulation in the FGT, and offspring development. **Methods:** C57BL/6 male mice were immunized with prostate antigens (PA) or saline (C) to induce EAP. The PA-specific immune response, prostate histopathology, and sperm quality were evaluated. Mating experiments with female BALB/c mice were performed to assess fertility parameters, uterine immune cell infiltration and cytokine/chemokine expression, and offspring development. Statistical analysis was performed using the Mann-Whitney test or ANOVA ($p<0.05$). **Results:** EAP males exhibited chronic prostate inflammation, semen inflammation and oxidative stress, and reduced sperm quality. Females mated with EAP males showed significantly increased uterine leukocyte infiltration, upregulated expression of IL-1 β and IL-17A, along with reduced IL-10, and downregulated expression of embryotropic factors crucial for implantation and decidualization (LIF, IL-6 and IGFBP-1, respectively) whereas increased



33º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA

A inovação, os desafios e o futuro da Zootecnia

13 a 16/05/2024

Chapecó - SC

FATORES QUE AFETAM O DIAGNÓSTICO DE GESTAÇÃO EM FÊMEAS TAURINAS SUBMETIDAS A IATF

Louíse Belmonte Faverzani^{*1}; Andreia Kasparzy Zwirtes¹; Gilson Antonio Pessoa¹; Isabela dos Santos Cabral¹; Luciana Almeida da Silva Olivera¹; Nathalia Pereira Seixas¹; Thaise Pinto de Melo¹

¹Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria/RS.

O uso de biotécnicas de amplificação reprodutiva como a Inseminação Artificial em Tempo Fixo (IATF) tem sido cada vez mais frequentes em rebanhos bovinos, com a finalidade de disseminar animais mais produtivos e precoces. O sucesso da IATF depende de alguns fatores intrínsecos e extrínsecos ao animal. Objetivou-se analisar os fatores relacionados ao trato reprodutivo da fêmea que influenciam no sucesso da gestação em vacas de raças taurinas que foram submetidas a protocolos de inseminação artificial em tempo fixo. Foram utilizados animais das raças Angus, Brangus e Wagyu, totalizando 194 fêmeas com 366 registros de diagnóstico de gestação (avaliadas em dois anos reprodutivos), de uma propriedade localizada em Júlio de Castilhos, Rio Grande do Sul. Os fatores analisados foram: raça, touro, ano de reprodução, categoria da fêmea, área pélvica, diâmetro dos cornos uterinos, no início da vida reprodutiva (14 meses), inclinação e largura de garupa, presença de muco uterino no momento da inseminação artificial, presença de corpo lúteo no primeiro dia de protocolo, manifestação de cio no período anterior a inseminação e posição uterina. Foi realizada uma regressão logística binária stepwise utilizando o programa R, função glm. O teste de Wald foi empregado para verificar a significância dos efeitos do modelo. Efeitos com P-valor $\leq 0,05$ foram considerados significativos. Os fatores estatisticamente significativos afetando o diagnóstico final de gestação foram: ano de reprodução ($p=0,002$), inclinação da garupa ($p=0,025$), presença de muco no útero na IA ($p=0,018$), diâmetro do útero ($p=2,59 \times 10^{-7}$), presença do corpo lúteo no primeiro dia de protocolo ($p=0,008$). Um total de 70,7% (259/366) dos registros obtiveram sucesso na gestação, destes, 57,1% (209/366) estavam no ano de reprodução de 2021 e 42,8% (157/366) no ano de 2022; 3% apresentaram garupa escorrida, 33,6% (123/366) apresentaram garupa invertida e 63,3% (232/366), nivelada; 76% (278/366) não apresentaram muco uterino e 24% (88/366) apresentaram; 37,4% (137/366) não tiveram a manifestação de cio antes da IATF e 62,5% (229/366) tiveram a manifestação; o diâmetro médio dos cornos uterinos das fêmeas que tiveram sucesso em parir foi de $20,5 \pm 4,53$ mm enquanto das que não tiveram sucesso foi de $16,9 \pm 2,53$ mm. A maior parte dos fatores que afetaram o diagnóstico de prenhez estavam relacionados com a morfologia do trato reprodutivo. Estas características ainda são pouco avaliadas na rotina reprodutiva das fazendas e podem ter um impacto significativo na taxa de prenhez em protocolos de IATF.

Palavras-chave: bovinos de corte; morfologia uterina; sucesso reprodutivo.



33º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA

A inovação, os desafios e o futuro da Zootecnia

13 a 16/05/2024

Chapecó - SC

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO E DO TRATO REPRODUTIVO DE FÊMEAS BOVINAS

Louíse Belmonte Faverzani^{*1}; Andreia Kaspary Zwirtes¹; Gilson Antonio Pessoa¹; Isabela dos Santos Cabral¹; Nathalia Pereira Seixas¹; Thaise Pinto de Melo¹

¹Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria/RS.

Características relacionadas com a morfologia do trato reprodutivo em fêmeas bovinas estão relacionadas com parâmetros como a precocidade sexual e o sucesso na gestação. A literatura aponta que vacas que apresentam menor área pélvica tem menor desempenho reprodutivo comparado à fêmeas com maiores dimensões pélvicas. Além disso, vacas de leite com maior tamanho uterino apresentaram menores taxas de concepção por uma série de fatores morfo-fisiológicos. O objetivo com este trabalho foi avaliar correlações fenotípicas entre características relacionadas com a morfologia do trato reprodutivo de fêmeas bovinas submetidas a protocolos de inseminação artificial (IA). Utilizou-se os dados de 194 animais das raças Hereford e Braford, totalizando 497 registros de dados coletados nos anos de 2021 e 2022, em uma propriedade situada no interior do Rio Grande do Sul. As características avaliadas foram: diâmetro uterino, área pélvica, largura de garupa, altura pélvica, largura pélvica e peso avaliado na data da inseminação artificial. Utilizou-se o programa Rstudio para a obtenção das correlações fenotípicas de Pearson, implementadas através da função `cor.test`. Os valores de correlação fenotípica entre as características avaliadas foram significativos ($P < 0,01$), positivos e variaram de 0,90 a 0,24. A maior correlação fenotípica foi observada entre a largura pélvica e a área pélvica (0,90), seguida da área pélvica com a altura pélvica (0,83). As correlações mais baixas foram observadas entre a largura de garupa e a altura pélvica (0,24) e a largura de garupa e o diâmetro do útero (0,25). Observou-se que dentre as características avaliadas, a largura de garupa foi a que apresentou as menores correlações fenotípicas com as demais características. Apenas a correlação desta característica com o peso na data de inseminação foi de maior magnitude (0,49). Os resultados também apontaram que animais com maior diâmetro uterino também apresentaram maiores dimensões pélvicas (correlação com a área pélvica, 0,53 e largura pélvica, 0,55) e maior peso na IA (0,45). As características avaliadas apresentaram correlações moderadas a alta e foram positivas. A relação da área pélvica com o sucesso reprodutivo aponta esta como sendo uma característica morfológica interessante e de fácil mensuração a ser avaliada em rebanhos de corte.

Palavras-chave: bovinos de corte; correlação de Pearson; morfologia reprodutiva.

RPS18 E GAPDH COMO GENES REFERÊNCIA PARA ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA EM TECIDO SANGUÍNEO

Thaís Ferreira Machado.¹(PG); Louise Belmonte Faverzani¹(PG); Evandro Neves Silva³; Diego Zeni²; Gilson Antônio Pessoa⁴; Danielly Beraldo dos Santos Silva³; Thaise Pinto de Melo¹(O);

¹*Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria*

²*Colégio Politécnico, Universidade Federal de Santa Maria*

³*Farmacogenética e Biologia Molecular - Universidade José do Rosário Vellano*

⁴*Departamento da Clínica de Grandes Animais, Universidade Federal de Santa Maria*

Estudos de expressão gênica vêm sendo amplamente utilizados na ciência há mais de 40 anos. Com o avanço das técnicas de biologia molecular, podemos quantificar a expressão de genes com alta precisão e em grande escala. Essas técnicas podem otimizar a seleção genética, melhorar o desempenho reprodutivo e aumentar a resistência a doenças no gado, contribuindo significativamente para o avanço da produtividade da pecuária e da saúde animal. Os genes de referência são fundamentais para a normalização dos dados de expressão gênica, servindo como um controle que garante que as variações observadas nos genes alvo sejam realmente significativas. Assim, o objetivo deste estudo foi comparar o uso de dois genes de referência: *GAPDH* e *RPS18* para avaliar a expressão dos genes *MHC*, *NC-1*, *NC-2*, *NC-3* e *NC-4* em tecido sanguíneo de fêmeas bovinas. Foi realizada a coleta de sangue de 6 fêmeas da raça Braford em propriedade parceira na cidade de Santa Margarida do Sul, submetidas ao protocolo de Inseminação Artificial em Tempo Fixo (IATF). Após a coleta, a análise de expressão gênica no sangue foi realizada através da técnica de RT-PCR. Os resultados da Análise de Variância (ANOVA) revelaram diferenças significativas entre os dois genes de referência ($p < 0,001$). O gene *RPS18* (47,94) apresentou uma expressão média maior que o *GAPDH* (1,03), um padrão encontrado em todos os animais. Essa diferença significativa demonstra que o *RPS18* pode ser usado como referência, evidenciando sua sensibilidade e, possível, precisão para a determinação das variações na expressão gênica em comparação com o *GAPDH*. Desta forma, concluímos que o gene *RPS18* oferece uma maior amplitude nas medições de expressão em relação ao *GAPDH*, que apresenta valores mais baixos e menos variabilidade. Essa maior amplitude é crucial na escolha de genes de referência, pois permite capturar variações reais na expressão gênica, tornando os resultados mais confiáveis. No entanto, é importante ressaltar que a escolha do gene de referência deve considerar o tipo de tecido analisado. Embora o *RPS18* tenha se mostrado superior para o tecido sanguíneo coletado e os genes alvo analisados, o *GAPDH* é frequentemente utilizado como gene de referência em outros tecidos, como músculo e fígado, devido à sua estabilidade em diferentes condições. Assim, é interessante o uso de pelo menos dois genes de referência em estudos de expressão gênica, garantindo que as conclusões sejam adequadas para cada contexto específico. A seleção cuidadosa de genes de controle é essencial para a precisão das análises, reduzindo potenciais erros e garantindo a confiança nos resultados obtidos em pesquisas.

Trabalho apoiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do RS (FAPERGS; 23/2551-0000959-5, ARD/ARC)

IDENTIFICAÇÃO DE QTLS LOCALIZADOS NO COMPLEXO DE HISTOCOMPATIBILIDADE PRINCIPAL EM BOVINOS

Saymon Silva Rocha.¹(GR); Louise Belmonte Faverzani ²(PG); Thais Ferreira Machado (PG)²; Andreia Kasparzy Zwirtes² (PG); Nathalia Pereira Seixas² (IC); Luiza Comin da Silveira² (EX); Thaise Pinto de Melo² (O).

¹ Universidade Federal do Pampa; ²Departamento de zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;

O Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC) é um grupo de genes presentes em todas as espécies animais responsável pela codificação de glicoproteínas que desempenham um papel fundamental na apresentação de antígenos na superfície celular. Nos mamíferos, o MHC compreende cerca de 200 genes organizados em três classes principais: classe I, classe II e classe III, cada uma com funções específicas no sistema imunológico. O objetivo deste estudo foi identificar QTLs (Quantitative Trait Loci) localizados em regiões de genes do MHC na espécie bovina (*Bos taurus*), relacionados com características de sanidade, produção, reprodução, conformação e etologia. A busca foi realizada no website Animal QTL Database e os QTLs encontrados foram tabulados e categorizados por característica. As buscas se concentraram nos meses de agosto a setembro de 2024 e foram realizadas por um único autor (SR). A localização dos genes do MHC foi realizada em etapa prévia, utilizando o website NCBI. Ao todo, foram encontrados 280 QTLs nas regiões buscadas, relacionados com características de produção, reprodução, conformação, sanidade e etologia, fornecendo uma base sólida para futuras aplicações no melhoramento genético da espécie. Estes QTLs estavam distribuídos nos cromossomos 3, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 23, 25 e 28 do genoma bovino. Dos 280 QTLs identificados, 147 deles foram identificados para características de produção. Estes estavam distribuídos por todos os cromossomos, porém, o cromossomo 23 apresentou o maior número de QTLs identificados para estas características (49) e a maioria destes estavam relacionados com a produção de leite (34). Para as características reprodutivas foram identificados um total de 52 QTLs em regiões do MHC. Os mesmos estavam distribuídos nos cromossomos 3, 7, 8, 9, 13, 15, 17, 18, 19, 23 e 25 e a maioria também concentrada no cromossomo 23, que abrigou um total de 25 QTLs. Para as características de sanidade foram encontrados 36 QTLs, nos cromossomos 3, 5, 6, 7, 9, 17, 18, 19, 23, 25 e 28, a maioria localizada no cromossomo 23 com 18 QTLs. Características de conformação corporal possuíam 35 QTLs distribuídos nos cromossomos 3, 5, 7, 9, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 23 e 25, e a maioria situada no cromossomo 9 com 11 QTLs. Já os QTLs relacionados a etologia foram um total de 10, localizados nos cromossomos 3, 6, 7, 8, 11, 16, 19 e 23. O cromossomo 23 apresentou o maior número de QTLs situados em regiões dos genes do MHC para as características avaliadas, em especial para as características de produção e reprodução em *Bos taurus*. A região de maior frequência dos QTLs estava localizada entre 27,7 a 28,5 Mbp do cromossomo 23, indicando que estas regiões onde se localizam os genes do MHC apresentam possivelmente efeito pleiotrópico sobre diversas características de interesse econômico na bovinocultura.

Palavras chave: Bovinocultura, cromossomos bovinos, genes de produção, seleção genética.



33º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA

A inovação, os desafios e o futuro da Zootecnia

13 a 16/05/2024

Chapecó - SC

AValiação DO IMPACTO DE DIFERENTES GRUPOS DE CONTEMPORÂNEOS SOBRE PARÂMETROS GENÉTICOS DA NC53 EM FÊMEAS NELORE

Nathalia Pereira Seixas^{*1}; Andreia Kasparzy Zwirter¹; Isabela dos Santos Cabral¹; Louise Belmonte Faverzani¹; Delvan Alves Silva³; Pamela Itajara Otto¹; Lucia Galvão de Albuquerque²; Thaise Pinto de Melo¹

¹Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria/RS; ²Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho – Jaboticabal/SP; ³Universidade Federal de Viçosa

O número de partos aos 53 meses de idade (NC53) é uma característica reprodutiva que está relacionada a longevidade das fêmeas bovinas, ou seja, quanto mais longeva é uma fêmea, mais tempo se mantém no rebanho produzindo bezerros e dando lucro ao produtor. Na formação dos grupos de contemporâneo (GC) para avaliações genéticas da NC53 diferentes efeitos fixos têm sido considerados nos modelos, tais como como safra, estação de nascimento, fazenda, grupo de manejo ao sobreano, entre outros. O objetivo com o estudo foi avaliar o impacto da inclusão de diferentes efeitos fixos na formação dos GC sobre as estimativas de variância e herdabilidade da NC53. Os dados da NC53 de 353,613 foram cedidos pela Base Aliança Nelore, incluindo informação de animais de rebanhos do Brasil e Paraguai. O pedigree continha 1.348.164 animais. A NC53 é uma característica categórica e pode ser codificada como 0 para fêmeas que não produziram bezerros, 1 para um bezerro, 2 para dois bezerros ou 3, para três bezerros até os 53 meses de idade. Foram avaliados três modelos: 1) MD1, com efeitos fixos dentro de GC de safra, estação de nascimento, fazenda e grupo de manejo ao sobreano e como co-variáveis, a idade da vaca (linear e quadrática); 2) MD2 com efeitos dentro de GC de estação de nascimento, fazenda, grupo de manejo ao sobreano e fora de GC a safra; e 3) MD3 com safra, fazenda e grupo de manejo ao sobreano dentro de GC e a estação de nascimento fora de GC. Foram excluídos os GC com menos de três animais. As variâncias aditiva (VGA) e residual (VR) foram obtidas usando programas da família BLUPF90. A inclusão dos efeitos fixos de safra e estação de nascimento fora de GC não apresentou grande impacto nas estimativas dos parâmetros genéticos avaliados. A inclusão da IDV (linear e quadrático) não apresentou efeito significativo sobre os resultados. A VGA foram: MD1 (0,069), MD2 (0,068) e MD3 (0,071). A VR para os três modelos foi de 0,72. A herdabilidade foram no MD1 0,087, MD2 de 0,086 e o MD3, 0,089. As diferentes definições de GC avaliadas não afetaram as estimativas de variância e herdabilidade para a NC53.

Palavras-Chave: Efeitos fixos; Herdabilidade; Variância genética aditiva; Variância residual.

Agradecemos a concessão da bolsa do fundo de incentivo a extensão (FIEEX) à primeira autora e a bolsa CAPES pela concessão da bolsa à segunda autora.

AVALIAÇÃO DE EXPRESSÃO GÊNICA DOS GENES DO COMPLEXO PRINCIPAL DE HISTOCOMPATIBILIDADE SOBRE A REPRODUÇÃO BOVINA

Nathalia Pereira Seixas¹(IC); Louise Belmonte Faverzani¹(PG); Evandro Neves Silva²(CO); Diego Zeni¹(CO); Élgion Lucio Da Silva Loreto¹(CO); Gilson Antônio Pessoa¹(CO); Thaise Pinto de Melo¹(O)

¹*Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria;* ²*Universidade Federal de Alfenas;*

Ao decorrer dos anos, tecnologias avançadas de reprodução em bovinos tomaram conta do mercado, à exemplo da inseminação artificial em tempo fixo que vem tornando-se cada vez mais comum nas propriedades rurais, como uma grande ferramenta na reprodução dos animais. A literatura tem reportado que alguns genes do complexo de histocompatibilidade principal (MHC) pode afetar como as fêmeas escolhem parceiros sexuais em mamíferos. O MHC desempenha uma função importante no sistema imunológico dos animais, identificando e impedindo que corpos estranhos entrem ou se espalhem pelo organismo. O objetivo deste estudo foi comparar os níveis de expressão gênica dos genes *MHC*, *NC1*, *NC2*, *NC3* e *NC4* em casais que foram submetidas a monta natural e tiveram sucesso ou não na prenhez. Doze pares (seis machos e seis fêmeas) da raça Hereford foram empregados no estudo. A coleta de material para análise genética iniciou com a extração do RNA do sangue, seguida pela produção de cDNA e, por fim, a realização do RTPCR. As avaliações estatísticas foram realizadas utilizando o software R Studio, e um teste T de Student com correção de Bonferroni foi aplicado para comparar as médias com um nível de significância de 5%, a fim de identificar quais genes apresentaram diferenças em sua expressão entre os grupos MN e IATF. Os resultados mostraram diferenças significativas na expressão gênica dos genes *MHC*, *NC1* e *NC2*, (0.84, 0.92, 0.90, 1.12 e 0.97, respectivamente), mas não para os genes *NC3* e *NC4*, que se expressaram basicamente igual tanto para casais positivos (com prenhez) tanto para casais negativos (não houve prenhez). Estes genes foram visivelmente mais expressos nas fêmeas do que nos machos, o resultado também foi observado não apenas a nível de casal, mas também individualmente. Os níveis de expressão dos genes avaliados em geral baixos para machos em comparação com as fêmeas, indica que quando estes genes são altamente expressos nas fêmeas, e pouco expressos nos machos, há tendência de não haver sucesso na escolha do parceiro e/ou prenhez. Além do nível de expressão gênica outros fatores como as frequências alélicas podem estar relacionados com estes resultados. Estudos futuros de sequenciamento gênico podem auxiliar numa maior compreensão sobre as funções reprodutivas que estes genes atuam.

Palavras-chave: MHC; monta natural; genes; diversidade alélica

Os autores agradecem ao programa FIPE Júnior CCR pela concessão de bolsa a primeira autora e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do RS pelo suporte financeiro do projeto (FAPERGS, 223/2551-0000959-5, ARD/ARC).



33º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA

A inovação, os desafios e o futuro da Zootecnia

13 a 16/05/2024

Chapecó - SC

IMPACTO DA AÇÃO DE EXTENSÃO NA FORMAÇÃO DE ACADÊMICOS DO CURSO DE ZOOTECNIA DA UFSM

Luiza Comin da Silveira*; Andreia Kasparzy Zwirtes¹; Isabela dos Santos Cabral¹; Louise Belmonte Faverzani¹; Nathalia Pereira Seixas¹; Thaise Pinto de Melo¹

¹Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria/RS.

As ações de extensão têm o potencial de beneficiar não apenas a sociedade externa ao ambiente acadêmico, mas também os alunos e profissionais envolvidos na iniciativa. Existem diversas formas de atuação na área de extensão, uma das quais é a organização e participação em eventos específicos para as mais diferentes áreas de atuação. No âmbito das ciências agrárias, o envolvimento de alunos, profissionais e produtores rurais cria oportunidades para estabelecer novas conexões e redes de contato. O objetivo do estudo foi avaliar o impacto de uma atividade de extensão na forma de organização de um evento, o II GENEPEC – UFSM, sobre a formação acadêmica dos estudantes envolvidos na ação, realizada na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) na área de melhoramento genético animal nos meses de setembro de 2023. Foi administrado um questionário utilizando o modelo Google Forms direcionado aos participantes alunos extensionistas, com um total de 8 respostas obtidas. A análise do questionário revelou que 88% dos respondentes eram do sexo feminino, com idades predominantemente entre 18 e 25 anos, notou-se que as principais sugestões eram: redução do número de dias do evento e redução dos horários do evento. Além disso, 58,3% dos participantes eram discentes do curso de Zootecnia na UFSM e os mesmos avaliaram o evento como ótimo, aliás, 66,7% dos respondentes estavam envolvidos com as seguintes atividades: elaboração de artes para divulgação, cerimonial, mediação, transmissão do evento, elaboração dos formulários e certificados. Os outros 24,75% estiveram envolvidos na organização geral do evento sendo na parte de apoio e divulgação do mesmo. Todos os participantes relataram que a experiência na organização foi positiva, auxiliando na comunicação e proporcionando uma oportunidade valiosa para adquirir experiência. Esses resultados sugerem que o evento teve um impacto positivo na trajetória acadêmica dos envolvidos, proporcionando uma valiosa oportunidade para networking e abrindo novas portas para os discentes.

Palavras-chave: questionário, extensão universitária, melhoramento animal.



33º CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECCIA

A inovação, os desafios e o futuro da Zootecnia

13 a 16/05/2024

Chapecó - SC

FATORES QUE INFLUENCIAM NA POSIÇÃO UTERINA DE FÊMEAS BOVINAS SUBMETIDAS A IATF

Luiza Comin da Silveira^{*1}, Andreia Kaspary Zwirtes¹, Gilson Antonio Pessoa¹, Isabela dos Santos Cabral¹, Louise Belmonte Faverzani¹, Luciana Almeida da Silva Olivera¹, Nathalia Pereira Seixas¹, Thaise Pinto de Melo¹

¹Universidade Federal de Santa Maria – Santa Maria/RS.

O muco intrauterino estando presente resulta no comprometimento da motilidade dos espermatozoides causando prejuízos no percurso desde o local de deposição do sêmen até o ponto de fertilização nos ovidutos, e na influência das taxas de prenhez durante o período ovulatório. Além disso, o muco intrauterino apresenta relação com involução uterina deficiente no pós-parto, ocasionando em maiores riscos por infecções bacterianas e endometriose. Objetivou-se com o estudo avaliar o efeito de determinados fatores, tais como, categoria, tipo de garupa, largura externa da garupa e diâmetro do útero sobre a posição do trato reprodutivo em fêmeas bovinas submetidas a IATF. Dessa forma, utilizou-se um total de 194 fêmeas, sendo 62 da raça Aberdeen Angus, 95 Red Angus, 10 Brangus e 27 Wagyu, pertencentes todos de uma propriedade localizada no município de Júlio de Castilhos, Rio Grande do Sul. Realizou-se uma análise de Regressão Logística Stepwise para avaliar os fatores que influenciam o diagnóstico final de gestação, codificando as fêmeas não prenhas com 0 e fêmeas prenhas igual a 1. A seleção do modelo para cada variável foi baseada na minimização dos valores de Informação de Akaike (AIC), visando identificar o modelo que melhor se ajustasse aos dados observados. A construção do modelo foi realizada utilizando pacotes do software R, e o teste de Ward foi empregado para verificar a significância dos modelos. Os efeitos com P-valor $\leq 0,05$ foram considerados significativos. Assim, usou-se os seguintes fatores: categoria (14 meses ou primíparas precoces), tipo de garupa (escorrida, invertida ou nivelada), largura externa da garupa e diâmetro do útero. Os fatores estatisticamente significativos que afetaram a posição do útero foram: categoria da fêmea ($p=3,88 \times 10^{-5}$), tipo de garupa ($p=0,024$), largura externa da garupa ($p=0,001$) e diâmetro do útero ($p=0,0004$). A posição uterina foi influenciada apenas por fatores intrínsecos ao animal, alguns destes externos e de fácil visualização. Devido à baixa sensibilidade às variações ambientais e à correlação genética favorável com a precocidade sexual, a posição uterina pode ser utilizada como um critério de seleção para animais com melhor performance reprodutiva.

Palavras-chave: bovinocultura de corte, eficiência reprodutiva, útero, vacas.

ANÁLISE DE IMAGENS E APLICAÇÕES DA VISÃO COMPUTACIONAL NA PECUÁRIA

Daniele Alves de Oliveira.¹(PG); Thaise Pinto De Melo¹(O); Andreia Kaspary Zwirtes ¹
(PG); Louíse Belmonte Faverzani ¹(PG); Thaís Ferreira Machado ¹(PG); Luiza Comin da
Silveira ¹(IC); Pamela Itajara Otto¹

¹*Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.*

Na busca por maior eficiência na pecuária, a visão computacional (SVC) e a análise de imagens têm se mostrado ferramentas promissoras para otimizar o manejo e o bem-estar animal, com impactos diretos no melhoramento genético. O avanço das tecnologias, como câmeras, termografia infravermelha e sensoriamento remoto, permite uma coleta mais precisa de dados fenotípicos, facilitando a seleção de animais com características desejáveis, além de monitorar a saúde e comportamento de forma não invasiva. O objetivo com este estudo foi realizar uma revisão de literatura sistemática para explorar o uso de tecnologias de SVC no melhoramento animal, selecionando artigos relevantes sobre monitoramento e bem-estar de animais. A busca foi realizada utilizando-se palavras-chave específicas (visão computacional, melhoramento genético, fenótipos, termografia infravermelha e bem-estar animal) e bases de dados científicas, como Scielo, Scopus, Web of Science e Google Scholar, além de referências citadas em artigos revisados por pares. Os estudos foram analisados qualitativamente com foco no impacto dessas tecnologias na identificação de fenótipos, saúde animal e progresso genético dos rebanhos. Essas tecnologias, impulsionadas pelo aumento do volume de dados de imagem, têm se mostrado promissoras no melhoramento animal. Desde 2005, o uso de SVC para monitoramento e medição de características fenotípicas em rebanhos tem crescido, com aplicações na avaliação do comportamento, peso corporal e saúde animal. Tecnologias como a termografia infravermelha têm sido eficazes na identificação de doenças como mastite, auxiliando diretamente na seleção de animais mais saudáveis e produtivos, fator essencial para o progresso genético. Além disso, a identificação individual de animais com base em padrões de pelagem por câmeras térmicas facilita a implementação de sistemas automatizados, otimizando a seleção e o manejo reprodutivo sem a necessidade de mudanças na infraestrutura das fazendas. Essa precisão na coleta de dados fenotípicos contribui significativamente para os programas de melhoramento genético, acelerando o ganho genético e melhorando a eficiência reprodutiva. Além disso, a detecção do estro (cio) por meio de câmeras e sensores facilita o planejamento reprodutivo, aumentando a taxa de sucesso das inseminações artificiais e acelerando o progresso genético. A integração dessas tecnologias com os programas de seleção genética tem potencial para melhorar a identificação de fenótipos complexos e maximizar o ganho genético nas futuras gerações. Em suma, o estudo demonstra que o uso da visão computacional na pecuária contribui significativamente para uma produção mais eficiente e lucrativa, ao aumentar o número de fenótipos coletados com maior eficiência e em um menor intervalo de tempo, otimizar a seleção de animais desejáveis no rebanho/plantel, melhorar a saúde e o bem-estar e aumentar a precisão nas decisões de manejo. Portanto, a implementação de tecnologias de visão computacional nas fazendas tem potencial de acelerar o progresso genético dos rebanhos, além de gerar impactos econômicos e sociais positivos.

Trabalho apoiado pelo programa CAPES.

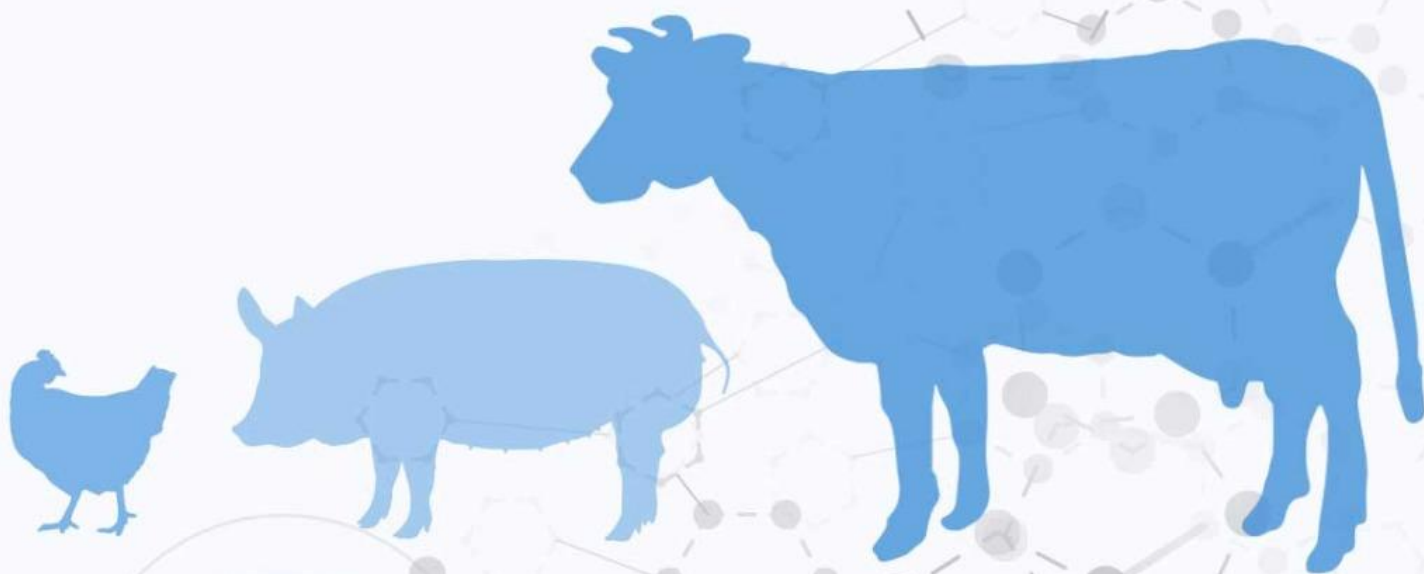
II SIMPÓSIO DE Investigação em produção animal

ORGANIZADORES:

Tiago Antonio Del Valle

Catarina Stefanello

Eduardo Bohrer de Azevedo



PATROCINADORES E APOIADORES



ORGANIZADORES:

Tiago Antonio Del Valle

Catarina Stefanello

Eduardo Bohrer de Azevedo

II SIMPÓSIO DE

Investigação em produção animal

Canoas
2024



II Simpósio de Investigação em Produção Animal (SIPRA)

© 2024 Mérida Publishers

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9>

Organizadores

Tiago Antonio Del Valle

Catarina Stefanello

Eduardo Bohrer de Azevedo

Adaptação da capa e desenho gráfico

Luis Miguel Guzmán



Canoas - RS - Brasil

contact@meridapublishers.com

www.meridapublishers.com

Todos os direitos autorais pertencem a Mérida Publishers. A reprodução total ou parcial dos trabalhos publicados, é permitida desde que sejam atribuídos créditos aos autores.



Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)

S446 II Simpósio de Investigação em Produção Animal / Organizadores
Tiago Antonio Del Valle, Catarina Stefanello, Eduardo Bohrer de
Azevedo. – Canoas, RS: Mérida Publishers, 2024.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

Inclui bibliografia

ISBN 978-65-84548-29-9

1. Zootecnia – Brasil – Congressos. 2. Produção animal. I. Del
Valle, Tiago Antonio. II. Stefanello, Catarina. III. Azevedo, Eduardo
Bohrer de.

CDD 636.00981

Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422

Prefácio

Sediado na região Central do Rio Grande do Sul, o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria (PPGZ-UFSM) encontra na região de abrangência, ampla variabilidade de sistemas produtivos agropecuários, moldados para produzir em condições climáticas desafiadoras, solos diversos e características culturais únicas. Com o objetivo de contribuir para que todas essas nuances sejam reconhecidas como impulsionadoras do desenvolvimento regional, o PPGZ-UFSM vem atuando desde 1974 no desenvolvimento de pesquisas e na formação de profissionais. No ano de 2024, além de todas as dificuldades que o setor produtivo vem enfrentando em função das catástrofes climáticas na região, o PPGZ-UFSM completa 50 anos de atuação. A missão do PPGZ-UFSM é capacitar pessoas a analisar e a propor soluções técnico-científicas que sejam socialmente responsáveis, ambientalmente sustentáveis e economicamente viáveis, levando em consideração as características da região de atuação.

O PPGZ-UFSM conta atualmente com 17 docentes que desenvolvem suas atividades em diferentes áreas da produção animal. Apesar de sediado no Centro de Ciências Rurais (CCR) da UFSM - Campus Sede, hoje o PPGZ-UFSM também conta com docentes do Centro de Ciências da Saúde e do Campus UFSM de Palmeira das Missões. O dinamismo das interações institucionais e dos sistemas produtivos torna necessário o estabelecimento de canais de comunicação que permitam melhorar a identificação dos principais atributos de cada grupo por parte dos integrantes do PPGZ-UFSM e de potenciais discentes.

Nos últimos anos, o PPGZ-UFSM tem dedicado esforços significativos para aprimorar o seu processo de autoavaliação. Mais do que simplesmente apresentar relatórios e pareceres que permitam se autoavaliar, consideramos importante que docentes, discentes, técnicos e egressos se conheçam e tenham boa interação. A proposta de estabelecimento do Simpósio de Investigação em Produção Animal (SIPRA) é promover a integração entre os membros do PPGZ-UFSM e divulgar as ações desenvolvidas internamente. No ano de 2023, a

primeira edição do SIPRA permitiu que o PPGZ-UFSM se integrasse de maneira mais efetiva. Neste ano, ao longo dos dez capítulos que compõem esta publicação, os leitores terão a oportunidade de conhecer e de se familiarizar com trabalhos realizados pelos grupos de pesquisa que compõem o nosso Programa de Pós-Graduação, que completa meio século de atuação.

Comissão organizadora

Tiago Antonio Del Valle

Catarina Stefanello

Eduardo Bohrer de Azevedo

Pamela Itajara Otto

Bruna Fernandes Machado

Daniele Alves de Oliveira

Dinah Pereira Abbott Rodrigues

Francine Basso Facco

Andressa Pelizari

Duvan Sanabria Bautista

Eduarda Ribas de Oliveira

Eliana Bordin Dutra

Louise Belmonte Faverzani

Lucas Biscaglia Miranda

Nathália Mesquita Veronezi

Paola de Oliveira Selau

Thaís Ferreira Machado

Índice

CAPÍTULO 1..... 10

Uso estratégico de enzimas carboidrases em rações para frangos de corte

Catarina Stefanello, Guilherme L. de Godoy, Yuri K. Dalmoro, Eduarda A. Taschetto, Valéria Biselo, Natielli S. Witt

CAPÍTULO 2..... 25

Complexo de Histocompatibilidade Principal na produção animal: estrutura, funções e perspectivas futuras

Thais Ferreira Machado, Andreia Kaspary Zwirtes, Daniele Alves de Oliveira, Saymon Silva Rocha, Luiza Comin da Silveira, Louise Belmonte Faverzani, Nathalia Pereira Seixas, Danielly Beraldo dos Santos Silva, Evandro Neves Silva, Thaise Pinto de Melo

CAPÍTULO 3..... 46

Fontes proteicas para a nutrição de peixes: geração de conhecimento e de inovação

Gregorio Cargnin, Maurício Antônio Paz Martins, Diuly Bortoluzzi Falcone, Rafael Lazzari, Leila Picolli da Silva

CAPÍTULO 4..... 58

Utilização de taninos na alimentação de ruminantes: Impacto sobre eficiência da utilização da proteína dietética e produção de metano

Maria Eduarda Pieniz Hamerski, Sofia Luz del Cielo Bonafé, Lauren Machado Pereira, Gilberto Vilmar Kozloski

CAPÍTULO 5..... 74

Comportamento de vacas leiteiras durante o período de emergência climática no Rio Grande do Sul em 2024

Francine B. Facco, Letícia M. Winck, Eduarda R. de Oliveira, Nathália M. Veronezi, Paola O. Selau, Duvan S. Bautista, Pamela I. Otto, Julio Viégas, Tiago A. Del Valle

CAPÍTULO 6 87

Gênero *Paspalum*: potencialidades e perspectivas futuras

Juliana Medianeira Machado, Miguel Dall'Agnol, Carine Simioni, Roberto Luis Weiler, André Pich Brunes, Marlon Risso Barbosa, Larissa Arnhold Graminho, Fernando Forster Furquim, Paula Montagner

CAPÍTULO 7 117

Composição estrutural e estimativa de produção de pastagens de trigo submetidas a duas somas térmicas como intervalo de pastoreio

Paola de Oliveira Selau, Francine Basso Facco, Monique Évelyn de Lima Antunes, Tiago Antonio Del Valle, Julio Viégas

CAPÍTULO 8 131

Fezes e urina como indicadores da eficiência do uso de nutrientes por ruminantes em pastejo

Eduardo Bohrer de Azevedo, Eliana Bordin Dutra, Lucas Biscaglia Miranda, Eduarda Jahnke Kepplin

CAPÍTULO 9 149

O azevém como alternativa forrageira para recria de bezerras de corte

Luciana Pötter, Érica Dambros de Moura, Eduarda Proença de Oliveira, Bruna Fernandes Machado, Dinah Pereira Abbott Rodrigues, Fabielly de Jesus Depra dos Santos, Marta Gomes da Rocha

CAPÍTULO 10 164

Exigências protéicas e de aminoácidos para a nutrição de Jundiá (*Rhamdia quelen*)

Rafael Lazzari, Edirlene Andrea Arnhold, Andressa Pelizari, Thamara Luisa Staudt Schneider, Leila Picolli da Silva

CAPÍTULO 1

Uso estratégico de enzimas carboidrases em rações para frangos de corte

Catarina Stefanello, Guilherme L. de Godoy, Yuri K. Dalmoro, Eduarda A. Taschetto, Valéria Biselo, Natielli S. Witt

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c1>

Resumo

As enzimas exógenas são amplamente utilizadas em rações para aves, variando de acordo com os ingredientes utilizados nas formulações. A cada ano, compreendemos melhor as funções e os mecanismos de ação de cada enzima, com o objetivo de melhorar a recuperação enzimática e aprimorar as matrizes para que sejam competitivas e eficazes. Comercialmente, estão disponíveis enzimas monocomponentes, que possuem atividade declarada de apenas uma enzima, e complexos enzimáticos ou *blends*, que apresentam atividades enzimáticas declaradas de mais de uma enzima em um único produto. Muitas melhorias em tecnologia e qualidade estão sendo realizadas pelas empresas que produzem enzimas, em busca da redução dos custos das formulações e, ao mesmo tempo, manter ou melhorar o desempenho produtivo das aves. Depois da enzima fitase, que está presente em praticamente a totalidade das rações formuladas para aves no mundo, as carboidrases são as enzimas mais importantes e utilizadas, destacando-se as xilanases, glucanases e amilases. Neste capítulo é abordado o uso estratégico de enzimas carboidrases com foco na produção de frangos de corte.

1. Introdução

As enzimas exógenas são específicas para seus substratos; portanto, a qualidade dos ingredientes, os níveis de substrato para cada enzima e a quantidade de nutrientes e energia das rações podem afetar a eficiência de um produto enzimático. Além da redução dos custos de formulação das rações, a utilização de xilanases e glucanases se justifica, pois existem substratos nas rações para os quais não há secreção de enzimas endógenas, além de ajudar a

reduzir os efeitos antinutricionais dos polissacarídeos não amiláceos (PNA). Adicionalmente, essas enzimas atuam rompendo a parede celular das células vegetais, que encapsula os nutrientes fazendo com que estes estejam indisponíveis para a digestão, além de reduzirem os efeitos negativos das fermentações e do crescimento de microrganismos no trato intestinal das aves, contribuindo para a modulação favorável da microbiota intestinal, o que melhora a digestão e a absorção de nutrientes.

A utilização de amilases exógenas em rações para aves se justifica pela grande quantidade de amido presente nas formulações, associada ao alto consumo de ração, especialmente nos frangos de corte. Essa condição pode levar à insuficiência das amilases endógenas para uma digestão otimizada. Através da utilização de enzimas exógenas, também é possível incluir ingredientes considerados alternativos nas rações para aves. Rações formuladas com milho e farelo de soja são mais digestíveis em comparação às dietas que contêm ingredientes com maiores quantidades de PNA; no entanto, qualquer melhoria na digestibilidade e no aproveitamento dos ingredientes é desejável para aprimorar os índices produtivos.

As informações geradas pelas pesquisas realizadas nesta área permitem ampliar os conhecimentos, registrar e avaliar novas enzimas para o mercado, melhorando ainda mais a qualidade dos alimentos, a eficiência produtiva e a sustentabilidade da avicultura. A seguir, são descritas as principais enzimas carboidrases economicamente importantes para frangos de corte, com resultados de pesquisas realizadas na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM).

2. Principais enzimas carboidrases utilizadas em rações para aves

2.1. Complexo Multicarboidrase

O milho e o farelo de soja são os principais ingredientes utilizados em rações para aves. O milho é a principal fonte de energia, que é um componente importante do custo das rações para frangos de corte e contribui com cerca de 65% da energia metabolizável da ração, enquanto o farelo de soja pode fornecer até 80% da proteína bruta (PB) total da dieta. Além do milho, outros grãos de

cereais e coprodutos são fontes de energia nas rações; entretanto, esses ingredientes, juntamente com fontes proteicas vegetais, podem conter percentuais significativos de PNA, incluindo arabinoxilanos (xilose e arabinose) no trigo e centeio, e β -glucanos na aveia e cevada (KNUDSEN, 2014).

Os PNA presentes nos ingredientes vegetais são resistentes às enzimas digestivas das aves e podem ser classificados como PNA solúveis em água (PNA-s) ou PNA insolúveis (PNA-i) (CHOCT et al., 2004). Os efeitos antinutricionais dos PNA-i ocorrem porque esses polímeros, presentes na parede celular vegetal, encapsulam os nutrientes, resultando no efeito conhecido como "cage-effect". Os PNA-i têm pouco impacto na viscosidade do conteúdo intestinal e não prejudicam a digestibilidade de nutrientes, porém podem aumentar a taxa de passagem e o enchimento do intestino. Adicionalmente, os PNA-i podem ser facilmente degradados no intestino das aves, gerando fermentações desejáveis e maior produção de ácidos graxos de cadeia curta, sugerindo benefícios das fibras em rações para aves, quando presentes em baixas quantidades. Por outro lado, os PNA-s aumentam a viscosidade da digesta, interferindo na digestão e absorção de lipídios, proteínas e amido, o que reduz a energia metabolizável aparente (EMA) da ração e gera fermentações indesejáveis no intestino das aves, resultando em efeitos mais negativos do que os PNA-i (CHOCT et al., 2004; KNUDSEN, 2014).

O mecanismo de ação das enzimas presentes em produtos comercialmente disponíveis depende de sua eficácia na degradação dos diferentes substratos presentes nos ingredientes da ração e na quantidade desses substratos. Estima-se que o conteúdo de PNA-s no milho seja de 8%, sendo os arabinoxilanos os mais abundantes, correspondendo a aproximadamente 5%. Já o farelo de soja possui aproximadamente 3% de PNA-s e 16% de PNA-i. Em relação a outros PNA, as dietas à base de milho e farelo de soja são pobres em beta-glucanos, com uma estimativa de 0,26%, sendo que esses compostos estão presentes em maior quantidade na aveia, trigo e cevada, o que exige maior atenção ao utilizar esses ingredientes. O conteúdo de PNA no milho varia de acordo com a genética e as condições de cultivo, e no farelo de soja, além do efeito dos fatores ambientais na produção, a composição é afetada

pelo processamento, gerando variações que precisam ser conhecidas para otimizar a formulação das rações para aves (KNUDSEN, 2014).

Diante do conhecimento da composição dos principais ingredientes utilizados nas rações e da busca constante por maior eficiência produtiva, as enzimas carboidrases surgiram para degradar compostos para os quais as aves não produzem enzimas endógenas, como as xilanases e beta-glucanases, que reduzem os efeitos negativos dos PNA. Também são utilizadas alfa-amilases para potencializar a atuação das amilases endógenas, principalmente em rações para frangos de corte. Para isso, é importante lembrar o conceito da especificidade enzimática, ou seja, a ação das enzimas exógenas será otimizada com base no conhecimento dos substratos presentes nas rações, influenciando sua indicação de uso na prática.

Na produção comercial de frangos de corte, combinações de diferentes tipos de enzimas em complexos multienzimáticos são utilizadas para aumentar a disponibilidade de nutrientes e energia, especialmente com o uso de carboidrases. As carboidrases que degradam PNA, particularmente as xilanases, têm sido utilizadas há muito tempo em dietas para aves. Nesse sentido, as endoxilanases auxiliam na degradação dos arabinoxilanos, hidrolisando a espinha dorsal do xilano. No entanto, múltiplas substituições de arabinose reduzem a eficiência da xilanase, especialmente no milho e seus subprodutos (KNUDSEN, 2014). As arabinofuranosidases podem clivar a arabinose da espinha dorsal da xilose, permitindo melhor acesso à atividade da endoxilanase (COZANNET et al., 2017). Consequentemente, a utilização de enzimas de desramificação é uma maneira eficiente de aumentar o efeito geral de um produto enzimático.

A partir do conhecimento dos carboidratos presentes nas rações e dos benefícios esperados com o uso de carboidrases, os autores deste capítulo realizaram um estudo para avaliar os efeitos da suplementação de um complexo multcarboidrases contendo arabinofuranosidase + endo-1,4- β -xilanase + endo 1,3(4)- β -glucanase (CMC) para frangos de corte. Este projeto foi desenvolvido na UFSM, em parceria com uma agroindústria produtora de aves e uma multinacional que desenvolve e comercializa soluções para nutrição e saúde animal. Foram avaliados frangos de corte de 1 a 42 dias de idade, alimentados

com seis rações experimentais: uma dieta controle com níveis práticos comerciais de energia e nutrientes (Controle Positivo, CP), uma dieta com redução de 60 kcal/kg (Controle Negativo 1, CN1) e outra dieta com redução de 60 kcal/kg e do dobro da recomendação da matriz de aminoácidos do produto (Controle Negativo 2, CN2). Para compor os tratamentos restantes, essas dietas foram suplementadas com o complexo multcarboidrases (50 g/ton).

Até os 14 dias de idade, o ganho de peso (GP) e a conversão alimentar (CA) dos frangos foram similares. Entretanto, no período de 15 a 28 dias de idade, as dietas suplementadas com CMC resultaram em maior GP e melhor CA em comparação aos controles sem enzima. As melhorias na CA foram de 3, 2,7 e 2,4 pontos entre CP e CP+CMC; CN1 e CN1+CMC; e CN2 e CN2+CMC, respectivamente. No período total, a CA melhorou em 3,7 pontos na ração CP+CMC em comparação ao CP, e em 4,6 pontos quando os frangos receberam CN2+CMC em comparação a CN2. O uso de carboidrases melhorou o GP acumulado em 76, 35 e 56 gramas nas rações CP+CMC, CN1+CMC e CN2+CMC, respectivamente (dados da tese de doutorado do Guilherme de Godoy, PPGZ UFSM).

Outro estudo realizado na UFSM avaliou o mesmo produto enzimático para frangos de corte de 1 a 43 dias de idade. O CMC foi utilizado juntamente com uma fitase (1.000 FTU/kg de ração). As dietas experimentais foram: uma dieta controle com níveis comerciais de energia e nutrientes (Controle Positivo, CP) e uma dieta com redução de 5% na EMA, 5% nos aminoácidos digestíveis, 0,16% de cálcio (Ca), 0,17% de fósforo disponível (P disp.) e 0,03% de sódio (Controle Negativo, CN). Para compor os quatro tratamentos, ambos os controles foram suplementados com o complexo multcarboidrase com fitase (CMCP, 100 g/ton). Os frangos que receberam a ração CN+CMCP tiveram maior GP e melhor CA do que os alimentados com o CN. A CA melhorou em ambos os controles com a suplementação de CMCP. Aos 21 dias de idade, a EMA e a digestibilidade ileal da matéria seca (MS), PB, Ca, P, fibra e aminoácidos foram maiores com a utilização de CMCP, demonstrando resultados significativos da utilização de um complexo com arabinofuranosidase, xilanase e glucanase para frangos de corte alimentados com dietas à base de milho e farelo de soja (dados da tese de doutorado do Guilherme de Godoy, PPGZ UFSM).

Para enfatizar o efeito da fitase, observou-se um maior percentual de cinzas, Ca e P nas tíbias dos frangos, além de maior resistência óssea quando receberam rações suplementadas com CMCP. Demonstrando os efeitos das enzimas como aditivos eubióticos, foi identificada uma maior diversidade de microrganismos no conteúdo ileal das aves, incluindo táxons associados a uma melhor saúde intestinal. Por fim, ao destacar a utilização das enzimas como aditivos sustentáveis, o CMCP resultou na diminuição da emissão de dióxido de carbono equivalente por kg de frango produzido, com uma redução de 3,4% no CP+CMCP e de 9% no CN+CMCP, em comparação ao CP. A ração CN+CMCP também reduziu a excreção de nitrogênio em 24% e a excreção de P em 67%, comparada ao CP. Esses dados serão cada vez mais necessários para garantir uma produção avícola economicamente eficiente e mais sustentável.

2.2. Xilanases

A suplementação de xilanases tem sido cada vez mais utilizada em todo o mundo, com vários produtos comerciais disponíveis para rações de aves. As xilanases podem ter origem em diferentes microrganismos, como bactérias e fungos, o que pode influenciar significativamente seu modo de ação (MOERS et al., 2003). Nesse contexto, as xilanases podem apresentar níveis variáveis de inclusão, diferentes unidades de atividade enzimática, afinidade ao substrato e resistência a inibidores de xilanase. Com o avanço da tecnologia, novas gerações de produtos enzimáticos têm sido desenvolvidas, e diversos efeitos benéficos da suplementação de xilanase podem ser esperados em formulações de ração para frangos de corte.

A xilanase de *Bacillus subtilis* hidrolisa os polímeros de arabinoxilanos (AX) no trato gastrointestinal, gerando produtos que variam conforme os substratos presentes nos ingredientes. Os AX do milho e do farelo de soja não são adequadamente hidrolisados pelas aves devido à falta de enzimas endógenas, o que compromete a digestibilidade dos nutrientes. O AX insolúvel é um dos principais componentes dos PNA no milho e no farelo de soja, sendo um importante fator antinutricional, pois aprisiona nutrientes, tornando-os indisponíveis para digestão e utilização pelas aves. As xilanases bacterianas parecem ter maior afinidade pela fração insolúvel de AX, em comparação às

xilanases de origem fúngica. Assim, os efeitos positivos de uma xilanase bacteriana em dietas à base de milho e farelo de soja podem ocorrer devido à maior degradação do AX insolúvel e à menor inibição da xilanase, aumentando a utilização de nutrientes e energia e reduzindo os agentes causadores de estresse na mucosa do intestino delgado.

Os produtos da digestão liberados pela ação da xilanase podem estimular diferentes processos digestivos e fermentativos em frangos de corte (VANDEPLAS et al., 2009). Os principais efeitos das xilanases bacterianas, que resultam em melhorias na saúde intestinal, digestibilidade de nutrientes e desempenho de crescimento dos frangos de corte, são atribuídos ao aumento da hidrólise e solubilização dos AX da parede celular das plantas, juntamente com a redução do peso molecular desses compostos. As xilanases bacterianas podem liberar oligossacarídeos derivados dos arabinoxilanos, como os oligossacarídeos de arabinoxilano (AXOS), que são mais facilmente fermentados pela microbiota intestinal e podem aumentar a produção de ácidos graxos de cadeia curta (KIARIE et al., 2013). Assim, o efeito benéfico das xilanases bacterianas sobre o equilíbrio da microbiota intestinal seria atribuído a duas ações principais: a redução de nutrientes residuais disponíveis no intestino posterior para o crescimento de bactérias potencialmente patogênicas e o aumento da quantidade de AXOS no intestino, que podem ser utilizados pela microbiota benéfica.

Atualmente, mais atenção tem sido dada à saúde intestinal, e diferentes modelos de desafio intestinal têm sido estudados. A suplementação de aditivos nas dietas de aves tem sido amplamente utilizada com o objetivo de melhorar a saúde intestinal e o desempenho zootécnico. Foi relatado anteriormente que a xilanase de *B. subtilis* melhorou a eficiência alimentar de frangos de corte sob desafio intestinal com *Salmonella* Typhimurium (VANDEPLAS et al., 2009). Esses efeitos foram atribuídos à degradação dos AX e à redução da população de bactérias potencialmente patogênicas devido à eubiose no intestino. Por essa razão, um efeito benéfico adicional da xilanase de *B. subtilis* pode ser esperado na presença de desafios entéricos ou de bactérias patogênicas. Desafios com *Eimeria* spp. e *Clostridium perfringens* demonstraram provocar disbiose intestinal em nossos experimentos anteriores. Nesses ensaios, a redução do

desempenho produtivo dos frangos de corte foi atribuída à alta inflamação intestinal, ao aumento da permeabilidade intestinal e aos danos à mucosa causados por esses desafios e pelas toxinas produzidas, resultando em perdas na homeostase (STEFANELLO et al., 2020; LEE & LILLEHOJ, 2022).

Há escassez de dados avaliando a xilanase de *B. subtilis* suplementada em dietas formuladas com milho e farelo de soja para frangos de corte, assim como seus efeitos quando um desafio intestinal é imposto. Os autores deste material conduziram uma pesquisa na UFSM com o objetivo de avaliar os efeitos de uma endo 1,4- β -xilanase de *B. subtilis* na utilização de nutrientes e energia, saúde intestinal, concentrações de ácidos graxos de cadeia curta no ceco e desempenho de frangos de corte submetidos a um modelo de desafio intestinal com *Eimeria* spp. e *C. perfringens*, alimentados com dietas com redução de energia.

As aves foram distribuídas em três tratamentos com 10 repetições, e as rações experimentais foram: dieta controle (CT); dieta com redução de energia (RE); e T3, dieta com redução de energia suplementada com xilanase de *B. subtilis* (RE+xilanase, 100 g/ton). As reduções de energia foram aplicadas conforme as recomendações da empresa, que é calculada de acordo com os ingredientes e a composição nutricional das rações, e foram 80, 82, 87 e 92 kcal/kg para as fases pré-inicial, inicial, crescimento e final, respectivamente.

No período total, de 1 e 42 dias de idade, o GP e a CA dos frangos alimentados com a dieta RE+xilanase melhoraram em 5% e 4%, respectivamente, em comparação àqueles alimentados apenas com a dieta RE. A suplementação de xilanase em dietas com energia reduzida neste experimento aumentou a energia digestível ileal (EDI) em 9,1% e 3,9% aos 21 e 42 dias, respectivamente, atingindo níveis semelhantes ao grupo controle. A digestibilidade da MS também melhorou em 8,2% e 4,8% aos 21 e 42 dias, respectivamente, com a suplementação de xilanase. Adicionalmente, aos 42 dias, a digestibilidade da PB foi 2,8% maior nos frangos suplementados com xilanase em comparação àqueles alimentados com a dieta RE. Observou-se também um aumento nas concentrações cecais de ácidos acético, propiônico e butírico aos 21 dias nos frangos alimentados com a dieta suplementada com xilanase. Os frangos alimentados com a dieta RE+xilanase apresentaram melhor

integridade intestinal e maior expressão de mucina no jejuno (dados ainda não publicados).

Em um estudo anterior realizado para o registro e avaliação de uma nova xilanase fúngica para frangos de corte, foram observadas melhorias no desempenho dos frangos associadas a maior digestibilidade dos nutrientes e da eficiência na utilização de energia (STEFANELLO et al., 2017). Estimativas precisas sobre o impacto das xilanases exógenas na digestibilidade de energia são essenciais para ajustar a formulação das dietas, especialmente com a inclusão de diferentes ingredientes. Isso é relevante porque a eficiência na utilização da energia oriunda dos PNA é inferior à eficiência do uso de energia proveniente de gordura, amido ou proteína para o crescimento das aves. Entretanto, a digestibilidade dos PNA contribui para o aumento da EMA, como resposta à suplementação de xilanase em algumas dietas ou fases dos frangos.

Os xilooligossacarídeos liberados durante a degradação dos PNA pelas xilanases exógenas no intestino delgado são fermentados pela microbiota intestinal, e os produtos dessa fermentação são utilizados como substratos geradores de energia para os frangos. Embora os ácidos graxos de cadeia curta resultantes da fermentação tenham algum valor energético para as células intestinais, o pH mais baixo no intestino pode ser ainda mais importante, pois restringe a proliferação de microrganismos indesejáveis, estimula a proliferação de enterócitos e pode mediar o esvaziamento gástrico (LIU et al., 2021). Além disso, se a microbiota intestinal desempenha um papel central no efeito da xilanase exógena, esses benefícios podem se acumular à medida que o microbioma se adapta ao aumento do fornecimento de substratos.

Embora a literatura apresente diversos relatos sobre a eficácia da xilanase ou de misturas enzimáticas à base de xilanase no valor nutricional de dietas à base de milho, há uma lacuna no conhecimento sobre o impacto específico da xilanase em dietas com diferentes fontes de arabinoxilanos, como o milho e o farelo de soja, avaliadas de forma independente. Portanto, mais estudos são necessários para determinar se a xilanase atua predominantemente sobre as fibras do milho ou também sobre os carboidratos contendo arabinoxilanos no farelo de soja. Embora o farelo de soja tenha uma concentração muito baixa de arabinoxilanos, é possível que a hidrólise desses compostos no milho possa

influenciar indiretamente a digestibilidade dos nutrientes no farelo de soja, alterando o pH intestinal, a taxa de passagem e outros fatores digestivos.

Em um estudo anterior, foram avaliados níveis crescentes de uma nova xilanase (0, 50, 100, 150 e 200 unidades de xilanase fúngica/kg, FXU) em rações à base de milho e farelo de soja, ou em rações contendo 60% de substituição da dieta por milho (STEFANELLO et al., 2016). Nesse estudo, observou-se que a EDI, a digestibilidade da PB e da gordura foram maiores nos frangos alimentados com a dieta completa milho-soja, em comparação com as rações contendo maiores proporções de milho (~80%). A digestibilidade da PB e da energia em todas as dietas aumentou com a suplementação de xilanase.

Quando a β -xilanase foi testada em dietas à base de milho e farelo de soja, observou-se que 92 FXU/kg e 124 FXU/kg foram suficientes para maximizar a EDI e a EMA, respectivamente. Entretanto, em dietas com maiores proporções de milho ou com 100% de milho, a máxima resposta de liberação de energia não foi atingida até a inclusão de 200 FXU/kg, sugerindo que atividades enzimáticas maiores de xilanase são necessárias para otimizar os resultados nessas dietas e no milho. Os autores associaram o aumento na utilização de energia com a suplementação de xilanase à melhora na digestão do amido e da gordura do milho, além de uma melhor utilização da proteína do milho e da soja, bem como dos carboidratos provenientes dos componentes da dieta.

2.3. Amilases

Em rações práticas para frangos de corte, além das xilanases, há substratos para outras enzimas exógenas. A combinação entre uma xilanase (100 FXU/kg) e uma amilase (80 kilo-novo unidades de amilase, KNU/kg), ambas monocomponentes, resultou em aumentos de digestibilidade do amido em 3,5% e 2,7% para frangos de corte em duas pesquisas diferentes (STEFANELLO et al., 2015; 2023). O incremento de EMA foi de 99 kcal/kg com a utilização de amilase + xilanase em rações milho-farelo de soja para frangos de corte com 24 dias de idade (STEFANELLO et al., 2023). Finalmente, em uma pesquisa realizada em colaboração com uma agroindústria do Brasil, foi utilizada uma ração com redução de 100 kcal/kg de EMA, e observou-se que a amilase e a

xilanase foram suficientes para compensar a redução de energia e melhorar o GP e a CA dos frangos de corte (STEFANELLO et al., 2017).

Ao avaliar os efeitos de uma amilase, foram reportadas melhorias de 2,2% (STEFANELLO, 2015) e 2,3% (STEFANELLO et al., 2023) na digestibilidade do amido no jejuno de frangos de corte, com incrementos de energia de 70 kcal/kg. Essas pesquisas são importantes porque definem as recomendações práticas de uso de matrizes dessas enzimas em rações para aves, de acordo com os ingredientes da ração e as respostas esperadas, além de auxiliar nas melhorias a serem realizadas para obter melhores produtos enzimáticos, utilizando novas tecnologias e focando em termoestabilidade.

O amido presente nos cereais é quantitativamente a fonte de energia mais importante para aves. Por exemplo, o milho contém mais de 60% de amido, o que contribui para sua alta presença em rações para aves. Estimativas precisas do valor energético do milho são necessárias para que os frangos aproveitem adequadamente este ingrediente na ingestão diária, otimizando os custos econômicos se comparados a fontes de energia mais caras, como a gordura. O preço de mercado do milho influencia o preço das rações, e a produtividade das lavouras de milho varia substancialmente dependendo de vários fatores locais, o que provoca mudanças na composição nutricional e flutuações nos custos de formulação de rações. Portanto, espera-se que o milho cultivado em diferentes áreas geográficas tenha variações em sua capacidade de fornecer energia e nutrientes para as aves.

O amido do milho é bem digerido pelas aves; porém, esse processo não é completo. Em dietas convencionais formuladas com milho e farelo de soja contendo 3.000 kcal/kg de EMA, estima-se que 450 kcal/kg estejam disponíveis para utilização através de enzimas exógenas, das quais até 37% podem vir de amido não digerido (COWIESON et al., 2010). As amilases suplementares são capazes de complementar a secreção endógena, permitindo uma maior degradação do amido. Adicionalmente, na prática comercial, as respostas à suplementação enzimática em rações para frangos variam dependendo de fatores como atividade enzimática, especificidade e interações entre enzimas, qualidade e tipo de ingredientes, concentração de substrato, nível de nutrientes na dieta e idade das aves (STEFANELLO et al., 2015).

Embora os pintinhos se adaptem à utilização de amido logo após a eclosão, o alto consumo de ração dos frangos de corte das genéticas atuais pode gerar uma limitação fisiológica à digestão do amido (SVIHUS, 2014). O trato digestório das aves é considerado pequeno em relação ao crescimento dos animais e à capacidade de consumo de ração; por isso, cada vez mais se discute a necessidade de suplementação de enzimas exógenas que complementem a atuação de enzimas endógenas, como amilases e proteases, bem como as respostas de secreção endógena diante da utilização de enzimas industriais na ração.

A suplementação de α -amilase resultou em melhorias no desempenho de frangos de corte na fase inicial ou em fases posteriores (STEFANELLO et al., 2016; 2017), associadas a maior digestibilidade do amido e de nutrientes. STEFANELLO et al. (2023) compararam a digestibilidade para frangos de corte de milho proveniente do estado do Rio Grande do Sul ou do Mato Grosso e concluíram que a origem do milho afetou a utilização de energia e a digestibilidade de nutrientes, sendo que o milho de melhor qualidade resultou em melhores respostas. Os efeitos das carboidrases liberadoras de energia suplementadas ao milho variaram de acordo com as diferenças de substrato na ração. Quanto à textura do grão, o milho classificado como semiduro apresentou a maior EMA e digestibilidade de extrato etéreo, enquanto o milho semidentado apresentou a maior digestibilidade do amido resistente para frangos. Por esse motivo, a textura do endosperma também pode influenciar os valores energéticos e a digestibilidade dos nutrientes do milho para frangos de corte. Isso demonstra a importância do conhecimento da composição dos ingredientes para um maior aproveitamento através da utilização das enzimas mais favoráveis para cada tipo de dieta.

3. Considerações finais

Os estudos desenvolvidos na UFSM são inovadores e possuem relevância nacional e internacional, trazendo resultados práticos de utilização de enzimas avaliadas por empresas através das demandas das principais agroindústrias do país. Isso contribui para o crescimento e a capacitação dos discentes do Programa de Pós-graduação em Zootecnia da UFSM.

O uso de enzimas exógenas em dietas para aves é uma realidade em todo o mundo, e isso contribuiu para reduzir os custos de produção e melhorar a eficiência alimentar e o desempenho das aves. Mesmo quando utilizadas em dietas à base de milho e farelo de soja, que são consideradas altamente digestíveis, ainda há margem para melhorar a digestibilidade dos nutrientes e o aproveitamento da energia. Por fim, com o desenvolvimento das enzimas, começamos a obter dados e realizar mais pesquisas avaliando o efeito das carboidrases não apenas nas melhorias de desempenho produtivo, mas também na redução de perdas endógenas, diminuindo fermentações indesejáveis no intestino, modulando a microbiota intestinal, melhorando a saúde intestinal e reduzindo a excreção de nutrientes na natureza.

4. Referências bibliográficas

- CHOCT, M., et al. A comparison of three xylanases on the nutritive value of two wheats for broiler chickens. **British Journal of Nutrition**, v.92, n.1, p.53-61. 2004. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15230987/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1079/BJN20041166.
- COWIESON, A., et al. Interactions between xylanase and glucanase in maize-soy-based diets for broilers. **British Poultry Science**, v.51, n.2, p.246-257. 2010. Disponível em: <<https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/00071661003789347>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1080/00071661003789347.
- COZANNET, P., et al. Next-generation non-starch polysaccharide-degrading, multi-carbohydrase complex rich in xylanase and arabinofuranosidase to enhance broiler feed digestibility. **Poultry Science**, v.96, n.8, p.2743-2750. 2017. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0032579119314725>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3382/ps/pex084.
- KIARIE, E., et al. The role of added feed enzymes in promoting gut health in swine and poultry. **Nutrition Research Reviews**, v.26, n.1, p.71-88. 2013. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23639548/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1017/s0954422413000048.
- KNUDSEN, B. Fiber and nonstarch polysaccharide content and variation in common crops used in broiler diets. **Poultry Science**. 2014. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0032579119323934>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3382/ps.2014-03902.
- LEE, K. W.; H. S. LILLEHOJ. Role of *Clostridium perfringens* necrotic enteritis B-like toxin in disease pathogenesis. **Vaccines**, v.10, n.1, p.61. 2022.

Disponível em: <<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8780507/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3390/vaccines10010061.

LIU, L., et al. Biological function of short-chain fatty acids and its regulation on intestinal health of poultry. **Frontiers in Veterinary Science**, v.8, p.736739. 2021. Disponível em: <<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8558227/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3389/fvets.2021.736739.

MOERS, K., et al. A screening method for endo-beta-1,4-xylanase substrate selectivity. **Analytical Biochemistry**, v.319, n.1, p.73-7. 2003. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12842109/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1016/s0003-2697(03)00161-1.

STEFANELLO, C., et al. Protected blend of organic acids and essential oils improves growth performance, nutrient digestibility, and intestinal health of broiler chickens undergoing an intestinal challenge. **Frontiers in Veterinary Science**, v.6. 2020. Disponível em: <<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2019.00491>>. Acesso em: 09/09/2023. doi: 10.3389/fvets.2019.00491.

STEFANELLO, C., et al. Energy and nutrient utilization of broiler chickens fed corn-soybean meal and corn-based diets supplemented with xylanase. **Poultry Science**, v.95, n.8, p.1881-7. 2016. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26976897>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3382/ps/pew070.

STEFANELLO, C., et al. Effects of energy, α -amylase, and β -xylanase on growth performance of broiler chickens. **Animal Feed Science and Technology**, v.225, p.205-212. 2017. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0377840116303820?via%3Dihub>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1016/j.anifeedsci.2017.01.019.

STEFANELLO, C., et al. Research Note: Corn energy and nutrient utilization by broilers as affected by geographic areas and carbohydrases. **Poultry Science**, v.102, n.2, p.102366. 2023. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0032579122006605>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.1016/j.psj.2022.102366.

STEFANELLO, C., et al. Starch digestibility, energy utilization, and growth performance of broilers fed corn-soybean basal diets supplemented with enzymes. **Poultry Science**, v.94, n.10, p.2472-2479. 2015. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S003257911931956X?via%3Dihub>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3382/ps/pev244.

SVIHUS, B. Function of the digestive system. **Journal of Applied Poultry Research**, v.23, n.2, p.306-314. 2014. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1056617119303939>>. Acesso em: 09/09/2023. doi: 10.3382/japr.2014-00937.

VANDEPLAS, S., et al. Efficiency of a *Lactobacillus plantarum*-xylanase combination on growth performances, microflora populations, and nutrient digestibilities of broilers infected with *Salmonella* Typhimurium. **Poultry Science**, v.88, n.8, p.1643-54. 2009. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19590080/>>. Acesso em: 10/10/2024. doi: 10.3382/ps.2008-00479.

Autores

Catarina Stefanello, Guilherme L. de Godoy, Yuri K. Dalmoro, Eduarda A. Taschetto, Valéria Biselo, Natielli S. Witt

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.

CAPÍTULO 2

Complexo de Histocompatibilidade Principal na produção animal: estrutura, funções e perspectivas futuras

Thais Ferreira Machado, Andreia Kaspary Zwirter, Daniele Alves de Oliveira, Saymon Silva Rocha, Luiza Comin da Silveira, Louise Belmonte Faverzani, Nathalia Pereira Seixas, Danielly Beraldo dos Santos Silva, Evandro Neves Silva, Thaise Pinto de Melo

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c2>

Resumo

Neste capítulo abordaremos o tema relacionado ao Complexo de Histocompatibilidade Principal (MHC), os genes que fazem parte deste complexo e como estes genes atuam afetando características de interesse zootécnico em populações de animais domésticos. O MHC é um complexo de genes altamente polimórfico cuja principal e mais conhecida função é atuar na defesa imunológica dos mamíferos. A estrutura do MHC varia pouco entre as principais espécies de mamíferos domésticos, sendo formada basicamente pelas Classes I, II e III. Os primeiros estudos com o MHC relacionaram este complexo com o sucesso no transplante de enxertos em humanos. Posteriormente, descobriu-se que os genes do MHC desempenham funções na regulação das respostas imunes. Com o avanço nos estudos moleculares das últimas décadas, outros papéis foram atribuídos aos genes do MHC como funções reprodutivas e relacionadas a qualidade de carne e carcaça. Vários QTLs para diferentes características têm sido reportados próximos ou nas regiões de genes do MHC nas diversas espécies de interesse zootécnico. Apesar dos estudos com o MHC serem importantes, a grande variabilidade genética destes genes em animais domésticos, representam um desafio significativo. Avanços nas últimas décadas nas técnicas moleculares tem auxiliado com esta questão, tais como a técnica do sequenciamento de nova geração (NGS). Muitas das vias moleculares envolvendo o MHC ainda precisam ser estudadas a fim de uma melhor compreensão do seu papel na produção animal.

1. Introdução

O Complexo de Histocompatibilidade Principal (MHC, *Major Histocompatibility Complex*) é um complexo de genes altamente polimórfico, expresso em todas as espécies de mamíferos, os quais apresentam múltiplos *loci* e envolve um grupo de genes fortemente ligados que realizam a codificação de glicoproteínas de superfície celular. Em mamíferos este complexo contém cerca de 200 genes onde são expressos em três regiões conforme a sua classe (classe I, classe II e classe III) (TIZARD, 2019).

Entre os diversos papéis do MHC, destaca-se sua importância nas respostas imunes. Embora as funções do MHC relacionadas a estes processos estejam bem estabelecidas, seu papel influenciando outras características de interesse econômico ainda está não é bem elucidado. Na reprodução, já se sabe que ele participa do reconhecimento embrionário, sucesso gestacional e escolha dos parceiros sexuais, além disso, alguns QTLs para outras características de interesse zootécnico têm sido reportados em regiões do MHC. Neste capítulo, exploraremos a estrutura básica do MHC compartilhada entre a maioria dos mamíferos domésticos, as diversas funções e a importância dos genes do MHC relacionadas a características de sanidade, reprodução, crescimento e carcaça, revelando como esse complexo de genes está associado com o desempenho das principais espécies zootécnicas de mamíferos, isto é, bovinos, ovinos, suínos e equinos. Por fim, trazemos os principais desafios em trabalhar com este grupo de genes bem como perspectivas futuras de estudos sobretudo com aplicação do sequenciamento de nova geração (NGS).

2. Complexo de Histocompatibilidade Principal nas espécies domésticas

2.1. Estrutura do MHC nas principais espécies de mamíferos domésticos

Os genes do MHC são encontrados nas principais espécie de animais domésticos, em algumas variando a sua denominação, assim como em bovinos BoLA (*Bovine Lymphocyte Antigen*), em ovinos OLA (*Ovine Lymphocyte Antigen*), em cães DLA (*Dog Leukocyte Antigen*), em gatos Feca (*Felis Chain Antigen*), coelhos RLA (*Rabbit Leukocyte Antigen*), em suínos SLA (*Swine Leukocyte Antigen*), em equinos ELA (*Equine Leukocyte Antigen*) e búfalos BuLA

(*Bubalus Leukocyte Antigen*), entre outros. A localização e extensão dos genes MHC também é variada entre as espécies. Diante disso, em uma busca no site “NCBI genes” com os termos “nome da espécie” e “MHC”, identificou-se o número de genes (e pseudogenes) e sua posição mapeados para cada espécie avaliada (Tabela 1).

Tabela 1. Mapeamento de genes do MHC e seus cromossomos em diferentes espécies.

Espécie/ Subespécie	Nº de genes MHC ^a	Cromossomos ^b	Cromossomo ^c	Nº de genes Cromossomo ^d
<i>Bos taurus</i>	112	3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 23, 25 e 28.	23	31
<i>Bos indicus</i>	83	2, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 15, 16, 17, 18, 23, 25 e 28.	23	29
<i>Bos taurus x Bos indicus</i>	96	2, 3, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 17, 18, 23, 25 e 28.	23	26
<i>Ovis aries</i>	85	1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 14, 17, 20, 24 e 25	20	31
<i>Sus scrofa domesticus</i>	61	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 14, 15 e 17.	7	34
<i>Equus caballus</i>	117	1, 2, 3, 5, 6, 7, 10, 13, 14, 15, 20, 22, 23, 25, 31 e X.	20	45
<i>Bubalus bubalis</i>	86	2, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 14, 17, 18 e 24.	2	31
<i>Lagomorpha</i>	328	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 13, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 24, 27, 29, 32, 33 e X.	3	36
<i>Canis lupus familiaris</i>	65	1, 4, 6, 7, 10, 11, 12, 15, 17, 18, 20, 24, 26, 27, 28, 30, 35, 37, 38 e X.	12	21
<i>Felis catus</i>	71	A1, A2, A3, B1, B2, B3, B4, C1, D2, D3, D4, E2, E3, F1 e X.	B2	28

Nº de genes MHC^a: número total de genes e pseudogenes do MHC encontrados na espécie; Cromossomos^b: localização cromossômica dos genes encontrados na espécie; Cromossomo^c: Cromossomo que apresentou maior concentração de genes na espécie; Nº de genes Cromossomo^d: número de genes MHC encontrados em Cromossomo^c.

O MHC é dividido em três classes principais de genes para a maioria dos mamíferos domésticos. Os genes do MHC de classe I estão presentes em todas as células nucleadas, tendo como função principal apresentar antígenos endógenos para os linfócitos T CD8+. Os produtos dos genes do MHC de classe II estão presentes nas células apresentadoras de antígenos (APCs), tais como células dendríticas (DC), macrófagos e linfócitos B (ABBAS et al., 2019). Enquanto os genes de classe III codificam proteínas envolvidas em funções imunológicas, mas estas não estão diretamente envolvidas na apresentação de antígenos.

Quando comparamos a estrutura do MHC em diferentes espécies de animais domésticos, regiões como a de classe III são geralmente bem conservadas, enquanto as regiões de classe I e II apresentam maior variabilidade, com diferenças no número e na posição dos *loci* de genes do MHC entre as espécies. A classe III do MHC é mais conservada pois inclui genes envolvidos em processos imunológicos essenciais, como a produção de proteínas do complemento e de fatores de necrose tumoral, que desempenham funções semelhantes em várias espécies. Já as classes I e II são mais variáveis pois estão diretamente envolvidas na apresentação de antígenos e evoluem mais rapidamente para lidar com patógenos específicos em cada espécie.

A região do MHC de classe II na maioria das espécies de mamíferos domésticos (ovinos, bovinos, búfalos, equinos e suínos) possui genes com funções semelhantes às dos humanos, codificando moléculas que auxiliam na apresentação de antígenos. Esta região possui o gene *DRA* responsável pela codificação da cadeia α da molécula HLA-DR e o gene *DRB*, que codifica a cadeia β desta mesma molécula.

Em ovinos os genes *DQA1* e *DQB1* codificam a cadeia α e β respectivamente da molécula HLA-DQ, já os genes *DQA2* e *DQB2* atuam como pseudogenes dessa espécie; genes *DNA* e *DOB* apresentam papel regulador na produção de antígenos e codificam a molécula HLA-DO; os genes *DYA* e *DYB* são formadores do complexo HLA-DY e não apresentam função clara nos ovinos; os genes *DMA* e *DMB* são codificadores da proteína HLA-DM que atuam como preparadores de antígenos para as moléculas do MHC de classe II. De acordo com TIZARD (2019) os ovinos expressam uma estrutura de MHC básica

semelhante a outros mamíferos. O número de *loci* varia de acordo com o haplótipo, sendo que, existem no mínimo oito *loci* de classe I. A região de classe II contém um *DRA*, quatro *DRBs* (um codificante e três pseudogenes), um *DQA1*, dois *DQA2*, e um *DQB1*, *DQB2*, *DNA*, *DOB*, *DYA*, *DYB*, *DMA* e *DMB*, o *loci* dessa região é ordenado da seguinte maneira: *DQB2*, *DQA2*, *DQB1*, *DQA1* e *DRB1*, e todos são transcritos e para a região de classe III, há os genes *C4*, *C2*, *Bf* e *TNF- α* .

Em bovinos há vários estudos envolvendo os genes MHC. Assim como em ovinos, os bovinos possuem o gene *DRA* que codifica a cadeia α e o gene *DRB* que codifica a cadeia β da molécula equivalente ao *HLA-DR* humano. Os genes *DQA* e *DQB* também codificam as cadeias α e β da molécula correspondente ao *HLA-DQ*. Nesta espécie ocorre a inversão do segmento cromossômico movimentando diversos genes de classe II para próximo do centrômero do cromossomo 23. Essa movimentação resultou na região classe II do BoLA estar dividida em duas sub-regiões denominadas IIa e IIb (Figura 1). Os genes da classe IIb estão separados dos genes da classe IIa por uma região de 17 centimorgans (cM).

A região BoLA de classe II inclui os genes *DRA*, *DRB*, *DQA*, *DQB*, *DYA*, *DYB*, *DMA* e *DMB*, mas a organização e o número de cópias de alguns genes podem variar. Os genes *DRB* apresentam mais alto polimorfismo em bovinos e ovinos se comparado a equinos e suínos, o que gera uma grande diversidade de moléculas de MHC capazes de apresentar diferentes antígenos. Apresentam no mínimo seis *loci* de classe Ia, mas somente um, ou combinações de dois ou três, é expresso em diferentes haplótipos. Os bovinos expressam somente duas proteínas de classe II, DQ e DR, embora o *locus* DQ esteja duplicado em muitos haplótipos bovinos. Ruminantes possuem genes classe II específicos (*DYA*, *DYB* e *DI*) e não têm o *locus* DP. Poucos estudos do MHC foram relatados para bubalinos, mas acredita-se que sua estrutura seja similar em toda a família *Bovidae* (Figura 1) (TIZARD, 2019).

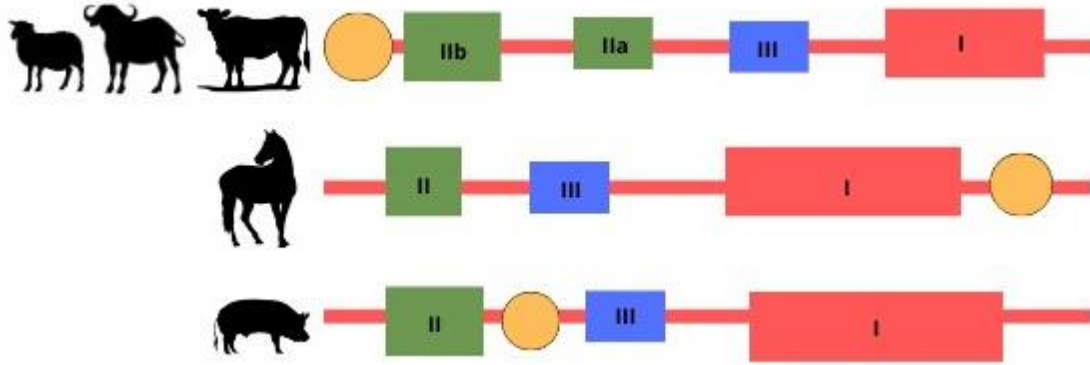


Figura 1. Disposição das regiões gênicas no MHC nas diferentes espécies de mamíferos domésticos. Adaptado de Tizar (2018). Círculo amarelo: centrômero; Retângulo vermelho: MHC classe I; Retângulo verde: MHC classe II*; Retângulo azul: classe MHC classe III. Família *Bovidae* (primeira linha) inclui bovinos, ovinos, caprinos, búfalos, antílopes e outros ruminantes silvestres.

O MHC dos equinos também é dividido em classes I, II e III. Os genes de classe II incluem *DRA*, *DRB*, *DQA*, *DQB*, *DMA*, e *DMB*, desempenhando papéis similares aos de bovinos e ovinos na apresentação de antígenos. Assim como em bovinos e ovinos, o gene *DRA* codifica a cadeia α e o *DRB* a cadeia β da região análoga ao *HLA-DR*. Os genes *DQA* e *DQB* codificam as cadeias α e β do *HLA-DQ*. Os equinos possuem menor polimorfismo nos genes de classe II em comparação com bovinos (HEDRICK et al., 1999). Em equinos foi identificado a presença de oito pseudogenes de classe I, onde seus haplótipos se diferenciaram de acordo com número de genes de classe I expressos, variando de dois a cinco. Foram descritos ao menos sete *loci* de MHC da classe I e dez haplótipos. A organização do haplótipo do MHC nos equinos é similar àquela descrita para os bovinos e ovinos (TIZARD, 2019).

Já em suínos, os genes MHC são um dos mais estudados entre os animais domésticos devido ao seu uso na pesquisa biomédica, especialmente em transplantes xenogênicos. O gene *SLA-DR* apresenta função semelhante ao gene *HLA-DR* de ovinos, sendo ela apresentação de peptídeos derivados de patógenos às células do sistema imunológico; o gene *SLA-DQ* têm como função contribuir para a resposta imunológica adaptativa; o gene *SLA-DM* atua auxiliando as moléculas dos genes *SLA-DR* e *SLA-DQ* no carregamento de

peptídeos e o gene *SLA-DO* apresenta função moduladora auxiliando na regulação funcional do gene *SLA-DM*. Os suínos apresentam sete genes da classe Ia e três genes da classe Ib, mas somente três genes da classe Ia são funcionais (*SLA-1*, 2 e 3) e os outros são pseudogenes. Os genes suínos de classe II incluíram as cadeias α e β do *SLA-DR*, *DQ*, *DM*, e *-DO*. Não há a região DP. A região de classe III do SLA é próxima à região de classe I (TIZARD, 2019).

2.2. O papel do MHC na função imunológica dos animais domésticos

Os genes que compõem o MHC têm uma importância fundamental na resposta imune em variadas espécies de animais domésticos. Apesar da função primária do MHC — que é a apresentação de antígenos às células T (Figura 2) — ser semelhante entre as diferentes espécies, existem diferenças significativas na estrutura genética, no número de *loci* e no grau de polimorfismo dos genes envolvidos, fatores que impactam a resposta imunológica em nível molecular (KLUMPLEROVA et al., 2020).

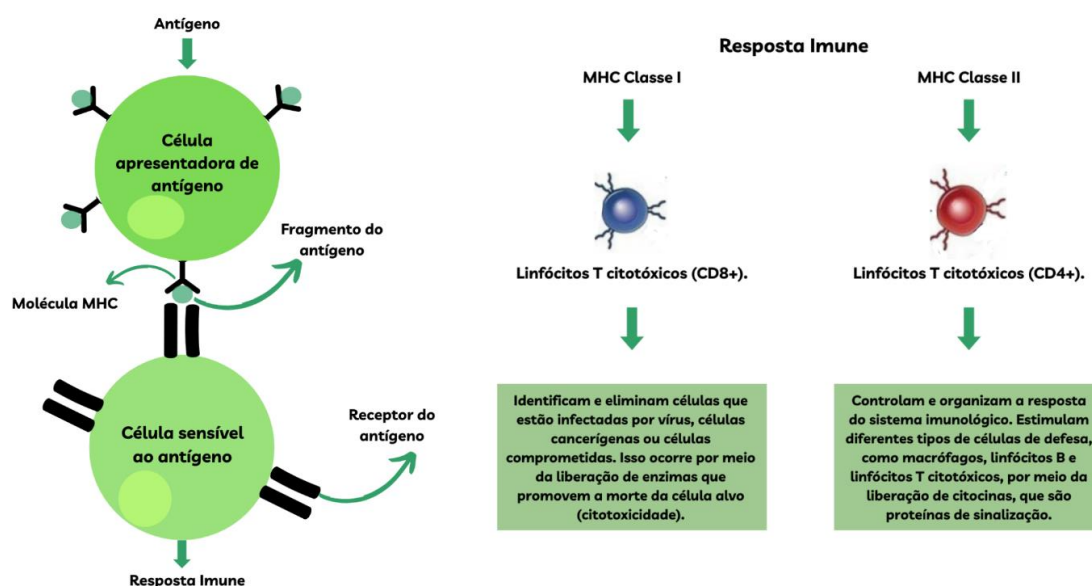


Figura 2. Ilustração sumarizada de como ocorre a apresentação de antígenos e regulação da resposta imune. Adaptado de Tizard (2019).

Tais variações genéticas influenciam a forma como cada espécie reage a infecções e a outros desafios imunológicos, resultando em discrepâncias no número de genes funcionais, como demonstrado em investigações com equinos e camelos, assim como em bovinos e suínos, os quais apresentam distintos níveis de polimorfismo e organizações no MHC (PLASIL et al., 2016).

Entre as diversas espécies, nota-se uma ampla variação na quantidade de *loci* de MHC. Por exemplo, bovinos e suínos apresentam um número superior de *loci* das classes I e II quando comparados a outras espécies como equinos e ovinos. Essa variabilidade genética, mediada pela vantagem dos heterozigotos permite respostas imunes mais eficazes, capazes de enfrentar uma maior diversidade de patógenos (SOMMER, 2005).

O nível de polimorfismo dos genes do MHC também varia entre as espécies. Animais com um maior polimorfismo têm uma capacidade aumentada de reconhecer diferentes antígenos, resultando em uma resposta imune mais eficaz. Em contraste, espécies com menor polimorfismo pode ser mais vulneráveis a certos patógenos (PIERINI; LENZ, 2018).

O MHC se adapta conforme os desafios ambientais e os patógenos enfrentados por cada espécie. Aqueles que estão suscetíveis a infecções causadas por vírus, bactérias ou parasitas tendem a apresentar variantes genéticas do MHC que favorecem uma resposta imunológica mais direcionada aos desafios específicos de cada espécie. Essa adaptação tem um impacto direto na resistência a doenças e na eficácia das vacinas (COLLIN et al., 2013).

O MHC é responsável pela apresentação de antígenos para as células T, onde desempenha um papel crucial para a resposta imune. O MHC-I, encontra-se em todas as células nucleadas apresenta antígenos intracelulares, gerados dentro das células com os linfócitos T citotóxicos (CD8⁺). O MHC-II está localizado nas células apresentadoras de antígenos, como macrófagos e linfócitos B e apresenta antígenos do meio extracelular às células de defesa (ZAVALA-RUIZ et al., 2003). Assim, as moléculas de MHC atuam como um marcador, permitindo que o sistema imune diferencie as células do próprio organismo e células estranhas. Uma função crucial, evitando reações autoimunes, onde o sistema imune ataca células do próprio organismo (FERNANDES, 2003).

Em casos de transplante de órgãos a compatibilidade entre o MHC do doador e receptor é um fator importante para o sucesso deste tipo de procedimento (MAHDI, 2013). Estudos sobre a compatibilidade do MHC em transplantes caninos mostram que a correspondência entre o MHC do doador e do receptor é crucial para o sucesso do procedimento. Em um estudo, por exemplo, analisou-se a taxa de compatibilidade do MHC em cães da raça Maltese e em cães de rua na Coreia, destacando a importância da compatibilidade para prevenir a rejeição do enxerto (WAGNER et al., 1999).

A diversidade genética do MHC varia amplamente entre as espécies. Por exemplo, os níveis de diversidade do MHC são adaptativos e refletem a exposição histórica a diferentes patógenos a qual a espécie em questão foi exposta. Espécies com histórico de gargalos populacionais em sua escala evolutiva como o guepardo (*Acinonyx jubatus*), apresentam baixa variabilidade no MHC, o que pode prejudicar sua capacidade de enfrentar novos patógenos (PIKUS; DUNN; MINIAS, 2022). A taxa de alterações na sequência de aminoácidos nos sítios de ligação ao antígeno do MHC é maior em espécies como porcos e bovinos, em comparação com humanos e chimpanzés, indicando um nível de pressão seletiva diferente em cada espécie devido à exposição a patógenos distintos (GRAÇA; KOUYOUMDJIAN, 2015).

Em uma busca realizada no website Animal QTL Database foram identificados 18 QTLs relacionados com características de sanidade em bovinos, tais como susceptibilidade a doenças e mastite em regiões próximas aos genes do MHC no cromossomo 23. Em equinos há uma maior concentração no cromossomo 20, onde se concentram a maior parte dos genes MHC nesta espécie, de QTLs relacionados com imunidade, como a sensibilidade a picada de inseto na região 30.9-31.7 (Mbp) (SCHURINK et al., 2012). Em suínos o cromossomo 2 se destaca com maior número de genes do MHC. Neste cromossomo o estudo de OKAMURA et al. (2012) identificou um QTL relacionado com a suscetibilidade à pneumonia micoplasmática na região 10.8-21.1 (Mbp).

Essas diferenças entre as espécies elucidam as variações na resistência a infecções e na capacidade de resposta do sistema imunológico. Além disso, ressaltam a relevância de estudos comparativos para a formulação de vacinas

eficientes e para o desenvolvimento de estratégias de controle de doenças em diversas espécies animais.

2.3. Papel do MHC em funções reprodutivas

O papel do MHC em respostas imunes é bem conhecido e documentado na literatura, porém, seu papel em funções reprodutivas vem sendo mais estudado nas últimas décadas, em especial com o avanço da genômica nos estudos das diferentes espécies domésticas. Em funções reprodutivas o MHC atua em diferentes etapas do processo reprodutivo, tais como na escolha do parceiro sexual das fêmeas, durante e após a fertilização dos oócitos, com interação entre os gametas, no reconhecimento materno-fetal, permitindo a manutenção da gestação (ZIEGLER et al., 2005).

Estudos com camundongos demonstram que quando é dada a oportunidade da escolha do parceiro sexual, as escolhas dos camundongos tendem a ser com o parceiro mais distante em termos de histoglobulinas, existindo a tendência de os acasalamentos serem escolhidos com base na dissimilaridade de genes de histocompatibilidade (OTTO, 2000).

Os quimiorreceptores nasais têm importante papel na escolha da fêmea por seu parceiro sexual. No canal olfativo da fêmea se encontram quimiorreceptores nasais capazes de identificar o polimorfismo dos genes MHC dos machos (MOMBAERTS, 2004). Existem evidências de que a seleção por parte da fêmea acontece também no período pós cópula, durante a corrida dos espermatozoides até o óvulo. Os quimiorreceptores nas fêmeas além de cumprir a função de reconhecimento de ligantes distintos através da via nasal (importante para a primeira seleção de encontro com potenciais parceiros), também têm o papel de selecionar os espermatozoides no encontro com o óvulo, via quimiorreceptores que influenciam a motilidade espermática no trato reprodutivo da fêmea (ZIEGLER et al., 2005). Alguns estudos, no entanto, preconizam que a seleção pela similaridade dos alelos do MHC ocorre apenas no período de implantação uterina (JEANNERAT et al., 2020).

Em humanos, casais com histórico de abortos espontâneos repetidos (RSA), são geralmente indivíduos mais semelhantes em MHC, ou seja, são mais histocompatíveis que casais controle férteis. Além disso, os embriões que

sobrevivem, e são histocompatíveis com suas mães, tendem a ter pesos mais baixos ao nascer. Há teorias que defendem que este é um fenômeno essencialmente genético, refletindo os efeitos de aumento de homozigose de alelos localizados no MHC. Há a hipótese de que o sucesso na implantação e na gravidez requer uma resposta imune controlada, em que a mãe reconhece as histoglobulinas embrionárias não-próprias – as que são produtos dos alelos de MHC herdados do pai – e responde a elas de maneira controlada (NICHOLAS, 1999). Os dois últimos mecanismos de seleção ocorrem em populações de bovinos que utilizam inseminação artificial, após a deposição do sêmen no aparelho reprodutivo na fêmea e pode justificar o não sucesso na prenhez ou na manutenção da gestação com a inseminação.

Em diversos estudos foi demonstrada a preferência na escolha de indivíduos através do olfato, por MHC dissimilares entre si. Nos estudos de WEDEKIND et al. (1995) e SANTOS et al. (2005), realizado em humanos, onde foi usado algodão por 4 dias na região do peitoral dos candidatos, coletado amostras de HLA – A e B, e feitos exames de urinas nos candidatos foi encontrada uma preferência por MHC dissimilares por mulheres que sentiram o cheiro de odores dos candidatos masculinos.

Nos mamíferos a fêmea é quem tipicamente escolhe seus parceiros sexuais, sendo o MHC um método de seleção através de quimiorreceptores de odor, que são capazes de reconhecer o polimorfismo dos genes MHC entre os indivíduos e assim, evitar cruzamento entre parentes, aumentando a heterozigose de MHC e diminuindo o risco de doenças homozigóticas recessivas, assegurando a sobrevivência dos seus descendentes. Segundo Darwin a seleção por parte da fêmea era feita somente na hora da escolha do macho, entretanto novos estudos mostram que a seleção é feita na escolha do parceiro, antes, durante e pós cópula (ZIEGLER et al., 2005).

A conexão entre o MHC e a seleção de parceiros é uma consequência da importância do MHC em respostas imunes, nas quais duas classes de genótipos são favorecidas: heterozigotos e alelos raros. Onde os heterozigotos MHC apresentam uma vantagem sobre homozigotos, porque mais peptídeos podem ser apresentados às células T e alelos MHC raros podem prevenir patógenos e aumentar a eficiência das respostas imunes do hospedeiro.

Estudos com equinos vêm investigando a relação dos genes do MHC com o sucesso reprodutivo. BURGER et al. (2017a) realizaram um experimento com éguas para verificar a relação entre MHC similares e o sucesso na taxa de concepção. Como resultado, verificaram que o sucesso na taxa de prenhez reduziu à medida que aumentou o número de antígenos MHC compartilhados entre as fêmeas e os machos de estímulo, isto é, garanhões que foram expostos as fêmeas antes da inseminação com sêmen de outros machos doadores. BURGER et al. (2017b) identificaram uma relação entre a dissimilaridade dos genes MHC e o grau de interesse de éguas na fase do diestro. Os autores também observaram que os níveis de testosterona dos machos variaram significativamente de acordo com o número de alelos de MHC compartilhados com as fêmeas. Vários estudos com ratos levantados na revisão de JORDAN e BRUFORD (1998) verificaram maior consistência na preferência dos ratos com parceiros sexuais mais dissimilares. Um estudo feito com pássaros domésticos (pardal) verificou que a diversidade do MHC estava relacionada com a taxa de sobrevivência e o maior volume de massa corporal das aves jovens (LUKASCH et al., 2017).

Em uma busca feita ao QTLdatabase para bovinos foram identificados 52 QTLs localizados em regiões do MHC, a maioria deles no cromossomo 23, relacionados com características reprodutivas, como: taxa de ovulação, índice de parto, facilidade de parto, volume de sêmen e idade ao primeiro parto. Estes resultados demonstram que genes do MHC apresentam importante relação e possivelmente efeitos pleiotrópicos com características reprodutivas e funções imunológicas.

2.4. O papel do Complexo de Histocompatibilidade Principal sobre características de produção e qualidade de carne e carcaça

Embora a maioria dos estudos que identificaram genes do MHC ou regiões genômicas próximas como candidatas estão relacionadas com características de saúde e resposta imune, existem alguns QTLs relacionados com características de produção de leite, qualidade de carne e carcaça que têm sido reportados em regiões genômicas próximas aos genes do MHC ou nos próprios genes. Em uma busca no site do QTLdatabase vimos que havia um total

de 147 QTLs, reportados em regiões dos genes do MHC para características de produção e qualidade de carne e carcaça reportadas para bovinos.

Um estudo feito por CHEN et al. (2020), sobre velocidade de ordenha e temperamento em bovinos da raça Holandês, considerado como características essenciais na produção e manejo criação de gado leiteiro, identificou genes relacionados a respostas imunológicas no cromossomo 23, incluindo o antígeno não clássico do MHC classe I (*BOLA-NC1*) e complexo de histocompatibilidade principal classe I (*LOC512672*). O autor propõe que pode existir uma relação entre velocidade de ordenha e a saúde do úbere.

Em um estudo conduzido para identificar QTLs associados à composição da carcaça e à qualidade da carne em ovinos, foram identificados quatro QTLs no cromossomo 20, vinculados à luminosidade da carne (*BM1815-DRB1* posição 42cM), área óssea (*OMHC1* posição 55cM) e densidade óssea (*OLARDB-OMHC1* posição 52cM e *MCMA36-CP73* posição 21cM) (KARAMICHOUE et al., 2008). Outra pesquisa feita com bovinos (LEE et al., 2012) analisando à área da seção transversal do músculo *Longissimus dorsi* (também conhecida como área muscular ocular), encontrou genes no BTA 23, na posição 3.94 cM (*BOLA-DMB*, *LOC525727* e *DSB*) associados ao processamento de antígenos semelhantes ao MHC, o autor sugere que mais pesquisas devem ser feitas para compreender sobre a relação existente entre o MHC e à área muscular ocular em bovinos.

ISO-TOURU et al. (2016) realizaram estudos de associação genômica ampla para características de produção de leite em bovinos da raça Holandês e Jersey, utilizando variantes imputadas de sequenciamento genômico completo. Nesse estudo, foi identificada uma variante intrônica no gene *TRIM26*, localizada no cromossomo 23 na região 28.56 Mbp, que estava associada ao rendimento de gordura no leite e se encontrou próxima à região do MHC classe I. (GARCÍA-GÁMEZ et al., 2012) conduziram um estudo em ovinos que identificou QTLs relacionados à produção de leite, produção de proteína, teor de gordura do leite e rendimento de gordura, localizados em torno do MHC-II, na região *OAR20* (23.7–29.6 Mbp).

Em um estudo para detecção de QTLs relacionados com características de gordura e composição de carcaça em suínos, GILBERT et al. (2007),

identificaram QTLs para estas características no cromossomo 7 na região de 30 cM. Próximo a esta região situam-se genes do MHC suíno.

Silva et al., (2020), ao investigar genes emendados no musculo de bovinos da raça Nelore e sua relação com a qualidade da carcaça e da carne, identificou o gene TRIP12 localizado no cromossomo 3, na posição 3 (11,0-11,6 Mbp). Esse gene está envolvido em funções essenciais de regulação e manutenção celular, sendo um importante regulador da resposta a danos no DNA. Além disso, TRIP12 participa de vias relacionadas ao processamento e à apresentação de antígenos, mediadas pelo MHC da Classe I.

Outro estudo, feito por Fonseca et al. (2020), que analisou o perfil de expressão gênica e a identificação de genes centrais em bovinos Nelore com diferentes níveis de marmoreiro, destacou o gene JSO.1 (MHC Classe I, localizado no locus 23:28469732-28473374). Além disso, foi identificado o gene BoLA-BQB (antígeno MHC Classe II, também conhecido como antígeno leucocitário bovino, localizado no locus 23:25855144-25863045). Ambos os genes fazem parte da família do MHC, que desempenham um papel crucial na imunidade adaptativa.

Com base nos estudos apresentados, é evidente que do MHC e regiões próximas desempenham um papel crucial não apenas na saúde e resposta imune de bovinos, suínos, equinos e ovinos, mas também na produção e qualidade de carne, carcaça e leite. Embora as conexões entre o MHC e essas características ainda estejam sendo desvendadas, ainda há muito a explorar para compreender plenamente como a variabilidade genética dentro do MHC pode impactar a produção animal. Esse conhecimento tem o potencial de permitir a criação de animais com melhores características de produção, aliadas a uma maior resistência a doenças, beneficiando assim a indústria agropecuária.

2.5. Dificuldades e perspectivas futuras de estudos com genes do MHC

Nas últimas décadas, com o avanço da genômica aplicada a diversas espécies de interesse zootécnico, os genes do complexo MHC têm sido mais compreendidos. No entanto, a alta complexidade e o extenso polimorfismo do

MHC dificultam a compreensão detalhada da expressão destes genes e suas variantes e o impacto sobre características de interesse econômico.

Estudos de sequenciamento completo do genoma são promissores, pois mapeiam todas as variantes alélicas. Isso facilita a seleção genética em programas de melhoramento, a identificação de marcadores associados a características desejáveis e a descoberta de novas variantes em espécies como humanos (*Homo sapiens*), bovinos (*Bos taurus*), roedores (*Mus musculus*) e peixes (*Danio rerio*). A compreensão mais profunda dessas variações alélicas pode oferecer novas estratégias para aumentar a resistência a doenças e melhorar a produtividade animal (VASOYA et al., 2016). Um exemplo é o polimorfismo no gene BoLA-DRB3.2, parte do MHC em bovinos. A análise deste gene revelou que certos alelos estão associados a maior resistência a patógenos, sendo útil em programas de seleção genética. Além disso, o polimorfismo pode ser utilizado no desenvolvimento de vacinas específicas, melhorando a saúde animal, a eficiência produtiva e reduzindo a dependência de antibióticos (MEHDI et al., 2022).

O sequenciamento de nova geração (NGS) em bovinos revelou mais de 140 novos genes clássicos de MHC I e 62 novos haplótipos, expandindo o conhecimento sobre as variações imunológicas entre diferentes populações (VASOYA et al., 2016). O NGS permite o sequenciamento do DNA em larga escala, desta forma, também identificou variações imunogenéticas entre raças em condições ambientais distintas, favorecendo estratégias de manejo e seleção genética mais eficazes, destacando o potencial do sequenciamento genômico para melhorar a resistência a patógenos e aumentar a produtividade dos rebanhos (MEHDI et al., 2022). Contudo, devido ao alto grau de polimorfismo dos genes do MHC e à repetitividade de sequências (LEWIN; RUSSELL; GLASS, 1999), o NGS para este complexo de genes exige um pouco mais de atenção.

O uso de métodos de sequenciamento de alta capacidade é ideal para os genes do MHC, entretanto o protocolo MiSeq tem se mostrado eficaz e acessível para a análise de MHC-I e MHC-DR, facilitando estes estudos em larga escala (VASOYA et al., 2016) quando a aplicação da técnica é bem-sucedida. Embora não seja um sistema de alta capacidade como o NovaSeq, o MiSeq tem

contribuído para o entendimento da evolução dos genes MHC em populações bovinas e suas associações com saúde e produção (VASOYA et al., 2021).

A investigação dos genes MHC-I e MHC-DR em bovinos no Brasil, especialmente nas raças *Bos indicus*, revela oportunidades para o melhoramento genético e a identificação de novos alelos que podem aumentar a imunidade natural nesta subespécie (BEHL et al., 2012). Além disso, caracterizar essa diversidade genética beneficia programas de melhoramento, pois aumentar a diversidade de alelos do MHC fortalece a resistência das populações bovinas a desafios ambientais (BIRCH et al., 2006), impactando positivamente a produtividade e a adaptação às condições tropicais, onde há alta pressão de doenças (VASOYA et al., 2021).

As perspectivas futuras incluem avanços em tecnologias genômicas, como o NGS e a genômica funcional, que podem fornecer uma compreensão mais profunda das interações entre o MHC e o desempenho produtivo. Ferramentas como a edição gênica CRISPR/Cas9 também oferecem possibilidades para a modificação direcionada de alelos do MHC, como sugerem GHAFFARI, KHALILI e REZAEI, (2021) e GU et al. (2021) em células cancerígenas de humanos. Da mesma forma, BEHL et al. (2012) afirmaram que esta técnica pode permitir maior resistência a doenças sem prejuízo da produtividade em rebanhos bovinos.

Embora os estudos com o MHC sejam uma área complexa, repleta de desafios que exigem estudos aprofundados, ferramentas genômicas e biotecnológicas emergentes, como o NGS e a edição gênica, se destacam como grandes aliadas. Essas inovações abrem oportunidades para pesquisas genéticas mais amplas, permitindo aprimorar programas de seleção e identificar novas associações genéticas entre o MHC e a resposta imunológica dos animais domésticos. A integração dessas tecnologias com estratégias de manejo e seleção genética é promissora para superar as barreiras atuais. Contudo, questões como a variabilidade genética do MHC, as interações gene-ambiente, possíveis estudos envolvendo edição gênica e as conexões com a saúde animal ainda precisam ser exploradas, reforçando a importância de continuar investindo em estudos na área da biotecnologia para impulsionar o progresso na produção animal.

3. Considerações finais

Os genes do complexo de histocompatibilidade principal possuem em geral sua estrutura bem conservada entre as principais espécies de mamíferos de interesse zootécnico, havendo algumas diferenças e particularidades de cada espécie de acordo com os patógenos que a espécie está mais frequentemente exposta.

Os resultados de estudos recentes têm apontado que os genes do MHC parecem desempenhar outros papéis importantes, além do imunológico, nos organismos dos indivíduos, tendo sido encontrados QTLs para outras características reprodutivas e de qualidade de carne e carcaça em regiões do MHC.

Com os avanços nas técnicas laboratoriais, como a aplicação do NGS espera-se que haja progressos no estudo destes genes, mesmo com o alto grau de polimorfismo que eles apresentam e seja mais bem compreendido sua importância sobre as diversas características e espécies de interesse zootécnico.

4. Referências bibliográficas

- ABBAS AK; LICHTMAN AH; PILLAI S. **Imunologia Celular e Molecular**. 9th ed. Rio de Janeiro: Elsevier; 2019.
- BEHL, J. D. et al. The Major Histocompatibility Complex in Bovines: A Review. **ISRN Veterinary Science**, v. 2012, p. 1-12, 28 maio 2012. doi: 10.5402/2012/872710.
- BIRCH, J. et al. Generation and maintenance of diversity in the cattle MHC class I region. **Immunogenetics**, v. 58, n. 8, p. 670-679, 2006. doi: 10.1007/s00251-006-0137-y.
- BURGER, D. et al. Major histocompatibility complex-linked social signalling affects female fertility. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 284, n. 1868, p. 20171824, 2017a. doi: 10.1098/rspb.2017.1824.
- BURGER, D. et al. MHC-correlated preferences in diestrous female horses (*Equus caballus*). **Theriogenology**, v. 89, p. 318-323. e1, 2017b. doi: 10.1016/j.theriogenology.2016.09.015.

- CHEN, Shi Yi et al. Using imputed whole-genome sequence variants to uncover candidate mutations and genes affecting milking speed and temperament in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 11, p. 10383–10398, 2020. doi: 10.3168/jds.2020-18897.
- COLLIN, H. et al. Combining molecular evolution and environmental genomics to unravel adaptive processes of MHC class IIB diversity in european minnows (*phoxinus phoxinus*). **Ecology and Evolution**, v. 3, n. 8, p. 2568–2585, 1 ago. 2013. doi: 10.1002/ece3.650.
- FERNANDES, A. P. M. et al. Como entender a associação entre o sistema HLA e as doenças auto-imunes endócrinas. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia**, v. 47, n. 5, p. 601–611, out. 2003. doi: 10.1590/S0004-27302003000500015.
- FONSECA, L. F. S. et al. Gene expression profiling and identification of hub genes in Nellore cattle with different marbling score levels. **Genomics**, v. 112, n. 1, p. 873–879, 2020. doi: 10.1016/j.ygeno.2019.06.001.
- GARCÍA-GÁMEZ, E et al. GWA Analysis for Milk Production Traits in Dairy Sheep and Genetic Support for a QTN Influencing Milk Protein Percentage in the LALBA Gene. **PLoS ONE**, v. 7, n. 10, p. 1–9, 2012. doi: 10.1371/journal.pone.0047782.
- GHAFFARI, S.; KHALILI, N.; REZAEI, N. CRISPR/Cas9 revitalizes adoptive T-cell therapy for cancer immunotherapy. **BioMed Central Ltd**, 2021. doi: 10.1186/s13046-021-02076-5.
- GILBERT, H. et al. Linked and pleiotropic QTLs influencing carcass composition traits detected on porcine chromosome 7. **Genetical Research**, v. 89, n. 2, p. 65-72, 2007. doi: 10.1017/S0016672307008701.
- GRAÇA, C. R.; KOUYOUMDJIAN, J. A. Expressão de antígenos MHC classe I e de células CD4 e CD8 na polimiosite e dermatomiosite. **Revista Brasileira de Reumatologia**, v. 55, n. 3, p. 203–208, 2015. doi: 10.1016/j.rbr.2014.10.005.
- GU, S. S. et al. Therapeutically increasing MHC-I expression potentiates immune checkpoint blockade. **Cancer Discovery**, v. 11, n. 6, p. 1524-1541, 2021. doi: 10.1158/2159-8290.CD-20-0812.
- HEDRICK, P. et al. Major Histocompatibility Complex Variation in the Endangered Przewalski's Horse. **Genetics**, p. 1701–1710, 1999.
- ISO-TOURU, T. et al. Genome-wide association analysis of milk yield traits in Nordic Red Cattle using imputed whole genome sequence variants. **BMC Genetics**, v. 17, n. 1, p. 1–12, 2016. doi:10.1186/s12863-016-0363-8.
- JEANNERAT, E. et al. Embryo survival in the oviduct not significantly influenced by major histocompatibility complex social signaling in the horse. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 1-8, 2020. doi: 10.1038/s41598-020-58056-w.

- JORDAN, W. C.; BRUFORD, M. W. New perspectives on mate choice and the MHC. **Heredity**, v. 81, n. 2, p. 127-133, 1998. doi: 10.1038/sj.hdy.6884280.
- KARAMICHOUE, E. et al. Detection of Quantitative Trait Loci for Meat Quality and Carcass Composition Traits in Blackface Sheep. **Animal Genetics**, v. 39, n. 1, p. 51–61, 2008. doi: 10.1111/j.1365-2052.2007.01682.x.
- KLUMPLEROVA, M. et al. Genetic diversity, evolution and selection in the major histocompatibility complex DRB and DQB loci in the family Equidae. **BMC Genomics**, v. 21, n. 1, 30 set. 2020. doi: 10.1186/s12864-020-07089-6.
- LEE, SH. et al. Genome wide QTL mapping to identify candidate genes for carcass traits in Hanwoo (Korean Cattle). **Genes and Genomics**, v. 34, n. 1, p. 43–49, 2012. doi: 10.1007/s13258-011-0081-6.
- LEWIN HA.; RUSSELL GC.; GLASS EJ. Comparative organization and function of the major histocompatibility complex of domesticated cattle. **Immunological reviews**, v. 167, p. 145-158, 1999. doi:10.1111/j.1600-065x.1999.tb01388.x
- LUKASCH, B. et al. Major histocompatibility complex genes partly explain early survival in house sparrows. **Scientific reports**, v. 7, n. 1, p. 1-11, 2017. doi: 10.1038/s41598-017-06631-z.
- MAHDI, B.M. A glow of HLA typing in organ transplantation. **Clinical and Translational Medicine**, v. 6, 2013. doi: 10.1186/2001-1326-2-6
- MEHDI, R. M. et al. Disease Prevention, Genetic Selection, and Vaccination Based on BoLA-DRB3.2 Polymorphism: A Model for Immunogenetic Studies. **Journal of Advanced Biomedical Sciences**, v. 12, 2022. doi: 10.18502/jabs.v12i1.8867
- MOMBAERTS, Peter. Genes and ligands for odorant, vomeronasal and taste receptors. **Nature Reviews Neuroscience**, v. 5, n. 4, p. 263-278, 2004. doi: 10.1038/nrn1365.
- NICHOLAS, F. W. **Introdução à genética veterinária**. Artmed Editora, 1999.
- OKAMURA, T. et al. A genome-wide scan for quantitative trait loci affecting respiratory disease and immune capacity in Landrace pigs. **Animal Genetics**, v. 43, n. 6, p. 721–729, dez. 2012. doi:10.1111/j.1365-2052.2012.02359.x
- OTTO, P. G. **Genética básica para veterinária**. Editora Roca, 2000.
- PIERINI, F.; LENZ, T. L. Divergent Allele Advantage at Human MHC Genes: Signatures of Past and Ongoing Selection, **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, 9th ed., p. 2145–2158, set 2018. doi: 10.1093/molbev/msy116

- PIKUS, E.; DUNN, P. O.; MINIAS, P. High MHC diversity confers no advantage for phenotypic quality and reproductive performance in a wild bird. **Journal of Animal Ecology**, v. 91, n. 8, p. 1707–1718, 1 ago. 2022. doi: 10.1111/1365-2656.13737.
- PLASIL, M. et al. The major histocompatibility complex in Old World camelids and low polymorphism of its class II genes. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, 1 mar. 2016. doi: 10.1186/s12864-016-2500-1.
- SANTOS, P. S. C. et al. New evidence that the MHC influences odor perception in humans: a study with 58 Southern Brazilian students. **Hormones and behavior**, v. 47, n. 4, p. 384-388, 2005. doi: 10.1016/j.yhbeh.2004.11.005.
- SCHURINK, A. et al. Genome-wide association study of insect bite hypersensitivity in two horse populations in the Netherlands. **Genetics Selection Evolution**, v. 44, n. 1, 2012. doi:10.1186/1297-9686-44-31.
- SILVA, D. B. S. et al. Spliced genes in muscle from Nelore Cattle and their association with carcass and meat quality. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–13, 2020. doi: 10.1038/s41598-020-71783-4.
- SOMMER, S. The importance of immune gene variability (MHC) in evolutionary ecology and conservation. **Frontiers in Zoology**, 20 out. 2005. doi: 10.1186/1742-9994-2-16
- TIZARD, I. R. **Imunologia Veterinária**. 10. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2019.
- VASOYA, D. et al. High throughput analysis of MHC-I and MHC-DR diversity of Brazilian cattle populations. **HLA: Immune Response Genetics**, v. 98, n. 2, p. 93-113, 2021. doi: 10.1111/tan.14339.
- VASOYA, D. et al. Rapid identification of bovine MHC I haplotypes in genetically divergent cattle populations using next-generation sequencing. **Immunogenetics**, v. 68, n. 10, p. 765-781, 2016. doi: 10.1007/s00251-016-0945-7.
- WAGNER, J.L. et al. Organization of the canine major histocompatibility complex: current perspectives. **The Journal of heredity**, v. 90, n.1, p. 23–26, 1999 doi: 10.1093/jhered/90.1.35.
- WEDEKIND, C. et al. MHC-dependent mate preferences in humans. **Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences**, v. 260, n. 1359, p. 245-249, 1995. doi: 10.1098/rspb.1995.0087.
- ZAVALA-RUIZ, Z. et al. Exploration of the P6/P7 Region of the Peptide-binding Site of the Human Class II Major Histocompatibility Complex Protein HLA-DR1. **Journal of Biological Chemistry**, v. 278, n. 45, p. 44904–44912, 7 nov. 2003. doi: 10.1074/jbc.M307652200.

ZIEGLER, A.; KENTENICH, H.; UCHANSKA-ZIEGLER, B. Female choice and the MHC. **Trends In Immunology**, v. 26, n. 9, p. 496-502, set. 2005. Elsevier BV. doi: 10.1016/j.it.2005.07.003.

Autores

Thais Ferreira Machado¹, Andreia Kasparzy Zwirtes¹, Daniele Alves de Oliveira¹, Saymon Silva Rocha², Luiza Comin da Silveira¹, Louise Belmonte Faverzani¹, Nathalia Pereira Seixas¹, Danielly Beraldo dos Santos Silva³, Evandro Neves Silva⁴, Thaise Pinto de Melo¹

1. Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.
2. Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Pampa, Uruguaiana, Brasil.
3. Universidade Professor Edson Antônio Velano, Alfenas, Brasil.
4. Departamento de Microbiologia e Imunologia, Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, Brasil.

CAPÍTULO 3

Fontes proteicas para a nutrição de peixes: geração de conhecimento e de inovação

Gregorio Cargnin, Maurício Antônio Paz Martins, Diuly Bortoluzzi Falcone, Rafael Lazzari, Leila Picolli da Silva

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c3>

Resumo

A aquicultura global tem crescido rapidamente, com projeções de expansão contínua nos próximos anos. Esse cenário aumenta a demanda por rações eficientes e economicamente viáveis, estimulando a diversificação de ingredientes, especialmente os concentrados proteicos. Atento a essa necessidade crescente, o Laboratório de Piscicultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria tem conduzido diversos estudos sobre fontes proteicas não convencionais na alimentação de peixes, avaliando seus efeitos no crescimento, metabolismo e produção animal. Nossas pesquisas focam desde a análise composicional dos ingredientes até a compreensão de seus impactos na produção, contribuindo para o desenvolvimento de tecnologias que maximizem a eficiência na conversão em proteína animal, com custos acessíveis e baixo impacto ambiental.

1. Fontes proteicas para a piscicultura

A aquicultura mundial cresceu 5,3% ao ano no período de 2005 a 2022, com expectativa igualmente ascendente para os próximos anos (FAO, 2024). A expansão da atividade tem gerado elevada demanda por rações zootecnicamente eficientes, economicamente viáveis e ambientalmente sustentáveis. Neste sentido, se faz necessário mudanças na matriz alimentar dos organismos aquáticos, com especial esforço para diversificação de ingredientes. A sazonalidade, elevado custo e heterogeneidade das fontes tradicionais, tem motivado inúmeras pesquisas que buscam fontes alternativas,

preferencialmente de origem vegetal, de baixo impacto ambiental e de custo compatível, para inclusão em distintas formulações de ração.

As características nutricionais das fontes proteicas vegetais podem ser otimizadas através de técnicas específicas, tais como aquelas que inativam fatores antinutricionais e/ou que concentram as frações proteicas. Essas estratégias são usadas com vistas a limitar efeitos negativos dos compostos antinutricionais e a promover melhorias na composição nutricional (GATLIN III et al., 2007). Normalmente, as técnicas usadas para obtenção de concentrados proteicos causam modificações não só na concentração, mas também no perfil aminoacídico, com efeitos marcantes na diminuição de antinutrientes e inibidores enzimáticos, quando comparados a fontes *in natura*. No caso de proteínas vegetais, que estão fortemente ligadas a compostos antinutricionais e/ou indigestíveis pelos monogástricos, as distintas formas de concentração proteica refletem-se positivamente no aumento de acessibilidade das enzimas digestivas aos nutrientes (LINDEN; LORIENT, 1996).

Nesse contexto, ao longo dos anos o Laboratório de Piscicultura do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Santa Maria tem direcionado suas pesquisas para a identificação e desenvolvimento de tecnologias que aumentem a eficiência de uso de fontes proteicas vegetais não tradicionais na nutrição de peixes. Os estudos buscam a identificação de compostos antinutricionais, o desenvolvimento de estratégias tecnológicas para sua minimização e o desenvolvimento de processos de concentração proteica, a fim de aumentar o leque de alternativas para uso nas rações aquícolas. Além disso, o Laboratório investe na busca de estratégias analíticas que permitam a avaliação criteriosa dessas fontes quanto aos seus efeitos fisiológicos, metabólicos e nutricionais.

2. Fontes proteicas alternativas e seus reflexos sobre o crescimento e metabolismo de peixes

A proteína desempenha papel essencial para a produção animal, influenciando decisivamente sobre o crescimento, o desenvolvimento e a saúde dos organismos aquáticos. As exigências proteicas são elevadas nas dietas de

peixes, com níveis de inclusão, em sua maioria, acima de 28% de proteína bruta (PB), o que varia de acordo com o hábito alimentar, fase de criação, sexo, condições ambientais ou experimentais das distintas espécies.

Nas últimas duas décadas o Laboratório de Piscicultura da UFSM conduziu vários estudos abordando a substituição parcial ou integral da matriz proteica tradicionalmente usada nas rações de peixes (ingredientes de origem animal, como as farinhas de peixe, de carne e de carne e ossos), por concentrados proteicos vegetais, tradicionais (ex. farelo de soja) ou esporadicamente usados na nutrição animal (farelos de canola, girassol, crambe, linhaça etc). Os primeiros trabalhos abordaram aspectos sobre a nutrição de carpas capim (*Ctenopharyngodon idella*) e húngara (*Cyprinus carpio*) (VEIVERBERG et al., 2010; BERGAMIN et al., 2010; BERGAMIN et al., 2011), com o objetivo de melhor entender as necessidades nutricionais dessas espécies e a viabilidade de alternativas proteicas vegetais.

A investigação com carpa capim versou sobre o impacto da variação na fonte proteica sobre o crescimento e a qualidade do pescado. Este trabalho revelou a necessidade de um nível mínimo de 44% de proteína na dieta para promover o máximo crescimento durante a fase de recria, evidenciando que variações nos níveis deste nutriente impactam o metabolismo da espécie, refletindo-se em alterações nos parâmetros sanguíneos e de carcaça. Ao explorar a viabilidade de fontes proteicas vegetais - farelos de canola e de girassol - os resultados demonstraram que os ingredientes podem ser utilizados com sucesso nas dietas, desde que suplementadas com aminoácidos essenciais. O estudo com carpa húngara avaliou a viabilidade de diferentes fontes proteicas vegetais (farelo de soja, farelo de canola, farelo de girassol e farelo de linhaça) como substitutas da farinha de carne suína. Os resultados mostraram que a substituição parcial da fonte de origem animal por fontes vegetais reduziu o desempenho dos animais. Os piores resultados de desempenho foram observados quando o farelo de linhaça foi usado como fonte proteica alternativa nas dietas para juvenis de carpa húngara.

A temática teve continuidade com estudo avaliando combinações de fontes proteicas de origem animal e vegetal (farinha de carne suína e de vísceras de aves; farelos de soja, canola e girassol) na dieta de juvenis de jundiá

(*Rhamdia quelen*), com o objetivo de aprimorar o conhecimento sobre a substituição da farinha de peixe em dietas da referida espécie (VEIVERBERG, 2011). Os resultados indicaram que as fontes vegetais, desde que suplementadas com aminoácidos, promovem desempenho zootécnico similar aos obtidos pelo uso das fontes proteicas de origem animal.

Muitos dos resultados obtidos nestes estudos demonstraram que as fontes vegetais, apesar de seu elevado teor proteico e possibilidade de balanceamento de aminoácidos essenciais, nem sempre expressavam efeitos satisfatórios sobre o desempenho dos animais, o que poderia estar atrelado à presença de fatores antinutricionais intrínsecos (ex. taninos, compostos fenólicos, ácido fítico, polissacarídeos não amídicos solúveis, etc). Neste cenário, iniciamos a busca por estratégias (químicas, enzimáticas e físicas) para minimizar a presença destes antinutrientes, melhorando o aproveitamento nutricional das respectivas fontes.

3. Estratégias para melhoria do aproveitamento de fontes proteicas vegetais: identificação, redução e inativação de compostos antinutricionais

No decorrer do tempo nosso grupo iniciou estudos abordando a identificação e técnicas de inativação e/ou redução de antinutrientes em fontes proteicas vegetais (BERGAMIN et al. 2013a; BERGAMIN et al. 2013b; PRETTO et al, 2014; PRETTO et al, 2017; PRETTO et al, 2020). As pesquisas concentraram-se na inativação de compostos antinutricionais em farelos de crambe, tungue, canola, girassol e soja.

O tratamento ácido-alcoólico foi aplicado no farelo de crambe, sendo observadas reduções nos teores de taninos, ácido fítico e compostos fenólicos reduzidos. Resultado semelhante foi obtido usando o mesmo procedimento para farelo de tungue; porém, sem observar alterações nos compostos fenólicos. Ensaio biológico conduzido com juvenis de jundiá demonstraram que a inclusão de farelo de tungue tratado quimicamente na dieta, propiciou maior crescimento em relação ao farelo integral, possivelmente devido à remoção de antinutrientes e substâncias tóxicas (PRETTO, et al. 2020). Quanto ao farelo de

crambe, o tratamento químico, embora tenha provocado redução de antinutrientes, apresentou efeito similar a sua forma integral para o crescimento dos peixes (PRETTO, et al. 2014). Os mesmos ingredientes também foram submetidos ao pré-tratamento com fitase comercial (Natuphos/BASF, 1400 U/Kg), que se mostrou eficiente para redução do ácido fítico no farelo de tungue; e com fitase+tanase não comercial (ação de fitase e tanase 1400 U e 1100 U/Kg), que atuou efetivamente sobre a redução de taninos no farelo de crambe. Porém, o tratamento enzimático não foi suficientemente capaz de minimizar os impactos dos antinutrientes sobre o crescimento de juvenis de jundiá, que foi afetado negativamente e de forma mais pronunciada para os peixes que receberam farelo de tungue na dieta (PRETTO, et al. 2017).

Tratamentos semelhantes foram usados por Bergamin et al. (2011), onde a lavagem com água em pH 1,0, seguida por etanol, demonstrou eficácia da remoção de ácido fítico, fenóis totais e taninos totais dos farelos de canola, girassol e soja. Este tratamento também promoveu aumento na concentração de aminoácidos nos farelos de canola, girassol e soja, potencializando sua utilização em dietas para peixes. Os farelos de soja e canola minimizados em antinutrientes foram usados para compor rações fornecidas à juvenis de jundiá, constatando-se tais ingredientes podem ser usados em substituição de até 30% da proteína da farinha de peixe, sem comprometer o desempenho dos animais. Em contrapartida, os farelos não tratados resultaram em alterações morfológicas no intestino dos peixes, como o aumento da espessura do epitélio e do número de vilosidades, o que sugere a presença ativa de outros fatores antinutricionais. Além disso, a remoção de antinutrientes contribuiu para a melhoria na digestibilidade da matéria seca do farelo de canola, enquanto os farelos de soja e girassol não apresentaram alterações significativas em sua digestibilidade.

GOULART et al. (2015) desenvolveu um processo aquoso para redução da mucilagem de linhaça, que impactou positivamente não só na redução do antinutriente, mas também, na elevação do teor e da qualidade da proteína do farelo resultante. Em ensaio biológico, foi constatado que o farelo demucilado de linhaça pode substituir até 35% da proteína de origem animal, mantendo o crescimento satisfatório de jundiás.

Concomitantemente à minimização de fatores antinutricionais, iniciamos outra vertente de estudo, baseada em gerar informações que contribuíssem para acelerar as mudanças de paradigmas no modelo de produção zootécnica tradicional, tornando-o mais inteligente e eficiente, a fim de garantir a sustentabilidade futura quanto à produção racional de alimentos em larga escala. Neste cenário, nos focamos no desenvolvimento de tecnologias para melhorar o aproveitamento de matérias primas não tradicionais, geralmente tratadas como co-produtos e/ou resíduos gerados na obtenção de produtos principais. Os trabalhos exploram estratégias para a concentração proteica, o que aumenta a eficiência de uso da biomassa gerada na agricultura, especialmente proveniente de passivos do cultivo e da industrialização.

4. Concentração de proteínas vegetais para a nutrição de peixes

Os concentrados proteicos de origem vegetal têm se tornado uma alternativa promissora às fontes tradicionais de proteína animal. Porém, há carência de informações sobre tecnologias que garantam a sustentabilidade produtiva, com adequado custo benefício, sobretudo quando usadas matérias primas não convencionais para a concentração deste nutriente.

Considerando a temática, nosso Laboratório conduziu estudos de concentração proteica por pH isoeletrico, com crambe e girassol, obtendo concentrados com teor de proteína bruta (PB) superior aos 50%, com elevação nos teores de lisina e metionina, quando comparados aos farelos tradicionais (LOVATTO et al., 2017). Em ensaio biológico, a substituição de 50% da fonte proteica animal pelos concentrados vegetais obtidos, se refletiram em desempenho similar ao tratamento controle, demonstrando a viabilidade de uso dos novos concentrados proteicos vegetais na nutrição de juvenis de jundiá (LOVATTO et al., 2014; LOVATTO et al., 2018).

Com a mesma técnica de pH isoeletrico, também foram obtidos concentrados proteicos de linhaça e de folha de mandioca, que foram testados em combinação com os concentrados de crambe e de girassol, em substituição ao farelo de soja nas dietas de juvenis de jundiá (TYSKA et al., 2013). Neste estudo os concentrados foram usados de forma combinada, demonstrando que

a combinação de concentrados de crambe e de linhaça promoveram o maior crescimento dos animais.

LOVATTO et al. (2020) usou a fosforilação como técnica para concentração de proteínas de semente de abóbora, obtendo um produto final com 62,56% de PB. Ao testar o concentrado em dietas para jundiás em crescimento, a autora concluiu que a substituição da proteína da farinha de peixe em até 50% por concentrado proteico de semente de abóbora não altera o desempenho dos peixes, podendo ser amplamente utilizado na nutrição do jundiá.

O farelo de arroz, que é um subproduto amplamente produzido no estado do Rio Grande do Sul, também foi objeto de estudo para concentração proteica por pH isoeletrico. LOUREIRO et al. (2019) testou o concentrado proteico de farelo de arroz (média de 40% de PB) em substituição a farinha de peixe em dietas para jundiá, concluindo que o produto pode substituir em até 20% a fonte proteica animal (LOUREIRO et al., 2019). A pesquisa teve continuidade usando o farelo de arroz desfitinizado para concentração proteica, pela mesma estratégia metodológica anteriormente citada. O fornecimento de 25% do concentrado proteico obtido em substituição à farinha de peixe na ração, demonstrou ser igualmente eficiente para o desempenho de juvenis de jundiá (LOUREIRO et al, 2024).

Os coprodutos da produção de etanol também foram alvos de estudo pelo nosso grupo de pesquisa. DALCIN et al. (2018) testou a inclusão do concentrado proteico obtido após digestão enzimática do arroz (residual intermediário do processo para produção de etanol), revelando que a substituição de até 25% da farinha de peixe pela fonte proteica alternativa, não comprometeu o crescimento, além de resultar em redução de 8% no custo da dieta de jundiás. Já SILVA et al. (2020), trabalhando com a mesma fonte proteica alternativa (61% de PB), observou resultados negativos da inclusão deste ingrediente em substituição a farinha de peixe nas dietas de jundiás. Os resultados contraditórios demonstraram que, apesar da elevada concentração proteica, se faz necessário ampliar os estudos sobre esse concentrado vegetal, a fim de garantir seu uso seguro e eficiente na nutrição de peixes.

Dentro de nosso universo de trabalho, a linhaça tem recebido especial atenção nos últimos anos, por ser uma cultura de outono-inverno em franca expansão de cultivo na região Sul do País, que carece de informações sobre tecnologias de processamento e aplicabilidade de produtos potenciais na nutrição de peixes. Neste tema, ADORIAN et al. (2021) testaram formas químicas de concentração proteica de linhaça, observando que o pH isoeletrico resultou em maior eficiência (53,24% de PB), quando comparados aos tratamentos ácido (42,85) e alcalino (33,13%). O concentrado obtido por pH isoeletrico foi usado em substituição à farinha de peixe em dietas para juvenis de jundiá (PIANESSO et al, 2021), onde foi observado que o produto pode substituir a proteína da farinha de peixe em até 40%. Nesta concentração, o concentrado de linhaça manteve o adequado crescimento, eficiência de utilização da proteína e gordura para deposição corporal, bem como, também promoveu efeitos benéficos na renovação celular intestinal. Posteriormente, CARGNIN (2023) desenvolveu uma nova estratégia de concentração proteica de linhaça, usando somente processos físicos, que minimizem riscos ambientais e diminuam a possibilidade de ocorrência de resíduos alimentares contaminantes. O concentrado obtido resultou em um produto com 47,26% de PB, que foi testado em substituição crescente ao farelo de soja em dietas para jundiás. Neste estudo foram avaliados parâmetros metabólicos, antioxidantes e pró-oxidantes, índices digestivos, composição corporal, deposição de nutrientes, rendimento corporal e crescimento dos peixes. Os resultados obtidos demonstraram que o produto pode ser usado em até 30% de substituição ao farelo de soja, sem causar alterações negativas sobre os índices avaliados.

5. Considerações finais

A retrospectiva apresentada demonstra que, ao longo dos anos, o Laboratório de Piscicultura tem evoluído de maneira significativa na geração de conhecimento sobre fontes proteicas, desde a análise de suas variáveis composicionais até a compreensão de seus reflexos sobre a produção animal. Paralelamente, o Laboratório investe em estratégias analíticas inovadoras que permitem avaliar criteriosamente os efeitos fisiológicos, metabólicos e nutricionais dessas fontes.

As tecnologias desenvolvidas para aumentar a eficiência no uso de fontes proteicas não tradicionais passaram por modificações substanciais, com foco no desenvolvimento de processos ecologicamente sustentáveis, que garantam menor impacto ambiental e a segurança no uso dos produtos gerados. Esperamos que os resultados dessas pesquisas ampliem o leque de alternativas de ingredientes para rações aquícolas, promovendo, ao mesmo tempo, a sustentabilidade ambiental e agregando valor às matérias-primas produzidas por nossa vasta cadeia agrícola, especialmente em nível regional.

Acreditamos que a pesquisa deve responder às demandas urgentes da sociedade, tanto no que diz respeito à sustentabilidade ambiental quanto às exigências do mercado. Diante desse cenário, seguimos motivados para desenvolver estudos que impulsionem a geração de conhecimento e a aplicação de tecnologias viáveis, com o objetivo de continuar contribuindo para o avanço de uma piscicultura sustentável, produtiva e inovadora.

6. Referências bibliográficas

- ADORIAN, T. J et al. **Fractionation of linseed and obtaining ingredients rich in protein and fibers: alternatives for animal feed.** JOURNAL OF THE SCIENCE OF FOOD AND AGRICULTURE, v. 1, p. 1, 2021. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/anu.12927>>. Acesso em: 18 out. 2024.
- BERGAMIN, G.F. et al. **Extração de antinutrientes e aumento da qualidade nutricional dos farelos de girassol, canola e soja para alimentação de peixes.** Ciência Rural, v.43, n.10, p.1878-884, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0103-84782013001000024> >. Acesso em: 14 out. 2024.
- BERGAMIN, G.T. et al. **Digestibilidade aparente de farelos vegetais tratados para remoção de antinutrientes em dietas para jundiá.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.48, n.8, p.928-934, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000800017>>. Acesso em: 11 out. 2024.
- BERGAMIN, G.T. et al. **Fontes proteicas vegetais na alimentação da carpa húngara.** Ciência Rural, v. 41, n.9, p. 1660-1666, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0103-84782011000900028>>. Acesso em: 11 out. 2024.
- BERGAMIN, G.T. et al. **Substituição da farinha de carne suína por fontes vegetais em dietas para carpa-húngara.** Pesquisa Agropecuária

Brasileira (Online), v. 45, n. 10, p. 1189-1197, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010001000019>>. Acesso em: 11 out. 2024.

CARGNIN, G. **Concentrado proteico de linhaça como substituto do farelo de soja na dieta de jundiás (*Rhamdia quelen*)**. 72p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia), Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, 2023. Disponível em: <<https://repositorio.ufsm.br/handle/1/28697>>. Acesso em: 13 out. 2024.

DALCIN, M.O. et al. **Rice protein concentrate in the feeding of silver catfish (*Rhamdia quelen*)**. Zootecnia e Tecnologia e Inspeção de Produtos de Origem Animal; Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 70, n. 01, p. 1-10, jan.-fev. 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/1678-4162-9730>>. Acesso em: 17/10/2024.

FAO. 2024. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Informe da FAO: **A produção mundial de pesca e aquicultura atinge novo recorde histórico**. Disponível em: <<https://www.fao.org/brasil/noticias/detail-events/en/c/1696371/>>. Acesso em: 02 out. 2024.

GATLIN III, D.M. et al. **Expanding the utilization of sustainable plant products in aquafeeds: a review**. Aquaculture research, v. 38, p. 551-579, 2007. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2109.2007.01704.x>>. Acesso em: 02 out. 2024.

GOULART, F. R. et al. **Alternative protein sources in nutrition and metabolism of jundiá: in natura and demucilaged linseed meal**. Arquivos da Escola de Medicina Veterinária da Universidade Federal da Bahia, v. 16, p. 244-252, 2015. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbspa/a/DVzFWpW8hyJJ4qVbZPJVHqm/?lang=en>>. Acesso em: 18 out. 2024.

LINDEN, G.; LORIENT, D. **Revalorización alimentaria de la producción agrícola**. Bioquímica Agroindustrial. 454p. 1996.

LOUREIRO, B. B. et al. **Effects of rice bran protein concentrate on the growth performance and digestive enzyme activities of jundiá (*Rhamdia quelen*) (Quoy and Gaimard, 1824)**. Aquaculture Nutrition, v. 1, p. 1, 2019. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/anu.12927>>. Acesso em: 18 out. 2024.

LOUREIRO, B. B. et al. **Growth performance, plasma and hepatic biochemistry of jundiá *Rhamdia quelen* fed dephytinized rice bran protein concentrate**. Anais da Academia Brasileira de Ciências, v. 96, p. 1, 2024. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/aabc/a/CjWgsTnG8ynbWfy9XTN4KNN/?lang=en>>. Acesso em: 17 out. 2024.

- LOVATTO, N. de M. et al. **Effects of diets containing vegetable protein concentrates on performance and activity of digestive enzymes in silver catfish (*Rhamdia quelen*)**. Ciências Agrárias (Londrina), v. 35, n. 2, p. 1071-1081, 2014. Disponível em: <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20143171660>. Acesso em: 17 out. 2024.
- LOVATTO, N. de M. et al. **Effects of phosphorylated protein concentrate of pumpkin seed meal on growth and digestive enzymes activity of silver catfish (*Rhamdia quelen*)**. Aquaculture Nutrition, v. 23, p. 201-209, 2017. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/anu.12381>. Acesso em: 17 out. 2024.
- LOVATTO, N. de M. et al. **Phosphorylated protein concentrate pumpkin seed (*Cucurbita moschata*): optimization by response surface methodology and nutritional characterization**. Ciência Rural, v. 50, p. 1, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/XmRtw5MmzHbKVSTqyrs5K5m/?lang=en>. Acesso em: 18 out. 2024.
- LOVATTO, N. de M. et al. **Sunflower protein concentrate and crambe protein concentrate in diets for silver catfish *Rhamdia quelen* (Quoy and Gaimard, 1824): use as sustainable ingredients**. Anais da Academia Brasileira de Ciências (Online), v. 90, p. 3781-3790, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/aabc/a/Mn8PbKWbvsvrN6QGB8Q5Dhyf/>. Acesso em: 18 out. 2024.
- PIANESSO, D. et al. **Linseed protein concentrate as alternative to fishmeal in diets for silver catfish, *Rhamdia quelen***. Journal of the World Aquaculture Society, v. 52, p. 316-328, 2021. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jwas.12746>. Acesso em: 17 out. 2024.
- PRETTO, A. et al. **Nutrientes, antinutrientes e detoxificação do farelo de crambe para uso na nutrição animal**. SEMINA - Ciências Agrárias, v. 35, n.6, p. 3345-3354, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2014v35n6p3345>. Acesso em: 11 out. 2024.
- PRETTO, A. et al. **Farelo de crambe nas formas *in natura* ou reduzida em antinutrientes na dieta do jundiá**. Ciência Rural, v.44, n.4, p.692-698, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782014000400020>. Acesso em: 14 out. 2024.
- PRETTO, A. et al. **Effect of feeding crude or treated tung meal (*Aleurites fordii*) in the diet of *Rhamdia quelen* on growth, digestive enzymes and biochemical parameters**. Ciência Animal Brasileira, v. 21, p. e-46276, 2020. Disponível em: [10.1590/1809-6891v21e-46276](https://doi.org/10.1590/1809-6891v21e-46276).

- PRETTO, A. et al. **Tratamento enzimático em farelo de crambe e aplicação em dietas para *Rhamdia quelen***. Caderno de Ciências Agrárias, v. 9, n.1, p. 62-74, 2017. Disponível em: <<https://periodicos.ufmg.br/index.php/ccaufmg/article/view/2944>>. Acesso em: 12 out. 2024.
- SILVA, V. C., et al. **Rice ethanol distillery residue as a protein source in the diet of silver catfish (*Rhamdia quelen*)**. Journal of Applied Aquaculture (Print), v. 1, p. 1-15, 2020. Disponível em: <<https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/10454438.2020.1822255>> Acesso em: 13 out. 2024.
- TYSKA, D. et al. **Concentrados proteicos vegetais na alimentação de Jundiás (*Rhamdia quelen*)**. Ciência Rural, v. 43, p. 1251-1257, 2013. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/bNhvSG65LgFwmRqkVHzhFSR/?lang=pt>>. Acesso em: 18 out. 2024.
- VEIVERBERG, C. A. **Alimentos convencionais e não-convencionais na engorda e qualidade de pescado do jundiá (*Rhamdia quelen*)**. 91p. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, 2011. Disponível em: <<https://repositorio.ufsm.br/handle/1/4327>>. Acesso em: 14 out. 2024.
- VEIVERBERG, C. A. et al. **Alimentação de juvenis de carpa capim com dietas à base de farelos vegetais e forragem**. Acta Scientiarum. Animal Sciences, v. 32, p. 247-253, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.4025/actascianimsci.v32i3.9052>>. Acesso em: 10 out. 2024.

Autores

Gregorio Cargnin, Maurício Antônio Paz Martins, Diuly Bortoluzzi Falcone, Rafael Lazzari, Leila Picolli da Silva

Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil

CAPÍTULO 4

Utilização de taninos na alimentação de ruminantes: Impacto sobre eficiência da utilização da proteína dietética e produção de metano

Maria Eduarda Pieniz Hamerski, Sofia Luz del Cielo Bonafé, Lauren Machado Pereira, Gilberto Vilmar Kozloski

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c4>

Resumo

A degradação de proteína no rúmen é necessária para a síntese de proteína microbiana. Porém, o excesso de proteína degradável no rúmen pode gerar perdas de nitrogênio através da urina. Os taninos vêm sendo utilizados para otimizar o uso dos compostos nitrogenados da dieta, reduzindo a degradação excessiva da proteína no ambiente ruminal e aumentando o aporte de aminoácidos no duodeno. Além disso, esses compostos podem ser benéficos por mitigar as emissões de metano (CH₄). O objetivo do presente trabalho foi realizar uma revisão de literatura para avaliar os efeitos dos taninos na alimentação animal. Os efeitos da adição de taninos sobre degradação ruminal e digestibilidade intestinal não foram consistentes nos diferentes estudos. Fatores como o tipo de tanino (hidrolisado ou condensado), fontes e dose afetam tais respostas. Em adição, os estudos demonstraram que a excreção urinária de N reduziu, bem como a produção de CH₄. Além disso, na maioria dos estudos, a adição de taninos aumentou a retenção de N. Conclui-se, portanto, que a adição desses compostos fenólicos é benéfica por reduzir a emissão de metano, bem como para reduzir excreções urinárias de nitrogênio, gerando benefícios econômicos e ambientais. No entanto, os resultados de redução da degradação da proteína dietética no ambiente ruminal e digestibilidade intestinal desses compostos nitrogenados são variados.

1. Introdução

A proteína é um nutriente imprescindível para maximizar o crescimento e produtividade dos ruminantes, por isso, aumentar a eficiência do uso é o principal

objetivo na nutrição desses animais (SHAKERI et al., 2020). A Proteína Bruta (PB) dietética pode ser dividida em duas frações: Proteína Degradável no Rúmen (PDR) e Proteína Não Degradável no Rúmen (PNDR) (NRC, 2001). Visando atender as demandas proteicas que os animais de alta produção almejam, focando na otimização e intensificação da produção, deve-se fornecer fontes de PNDR (MEZZOMO et al., 2011), o que permitiria aumentar a proteína metabolizável (PM). Segundo ORLANDI et al. (2015) o suprimento de energia e PM afetam diretamente o desempenho animal.

A degradação de proteína no rúmen é necessária para a síntese de proteína microbiana. Porém, o excesso de proteína degradável no rúmen pode gerar perdas de nitrogênio através da urina. Isso causa prejuízos econômicos e ambientais, pois o Nitrogênio (N) presente na urina é volátil e pode formar um gás (NO_2) (MEZZOMO et al., 2011). Além disso, a degradação no ambiente ruminal gera a produção de CH_4 , gerando perdas de energia dietética (MORAIS et al., 2006), e prejuízos ambientais.

Desse modo, diversos aditivos nutricionais têm sido utilizados com o objetivo de elevar a produtividade e desempenho animal, bem como reduzir impactos ambientais indesejáveis. Portanto, diversas pesquisas estão utilizando aditivos naturais, podendo citar como os mais utilizados os óleos essenciais, saponinas e taninos (BRUTTI, 2021). Os taninos surgem como aditivo alimentar que pode ser empregado em dietas com o intuito de modificar a fermentação ruminal e, assim, melhorar a retenção e utilização de nitrogênio pelo animal, bem como reduzir a produção de metano, minimizando impactos ambientais adversos (ÁVILA, 2018). Sendo assim, o objetivo desta revisão de literatura é abordar sobre taninos e seus efeitos como aditivo dietético sobre eficiência da utilização de proteína e mitigação de metano.

2. Desenvolvimento

2.1. Degradação Ruminal da Proteína e utilização de aditivos alimentares

Grande parte dos Compostos Nitrogenados (CN) ingeridos pelos ruminantes são degradados pelos microrganismos que estão presentes no ambiente ruminal. No rúmen, diversos fatores podem afetar a extensão de

degradação da PB, por exemplo relação de Nitrogênio Não Proteico (NNP) e proteína verdadeira, estrutura tridimensional da proteína e presença de ligações de dissulfeto, bem como a atividade proteolítica dos microrganismos ruminais, entre outros fatores (KOZLOSKI, 2011). A degradação de CN deve fornecer aos microrganismos ruminais a quantidade necessária de N para suprir suas exigências, permitindo seu crescimento (MEZZOMO et al., 2011). Quando o teor de N está além das necessidades das bactérias, o excesso é absorvido para a corrente sanguínea como amônia, metabolizada no fígado em ureia e parcialmente excretado na urina (ORLANDI et al., 2015). Reduzir a taxa de degradação da proteína dietética sem afetar negativamente a digestibilidade intestinal dessa proteína, é um grande desafio na nutrição de ruminantes (ORLANDI et al., 2015).

Manipular o ambiente ruminal pela introdução de substâncias (naturais ou sintéticas) na ração, pode aumentar a eficiência da utilização de dietas consumidas pelos ruminantes (MORAIS et al., 2006). Os aditivos mais utilizados nos últimos tempos são os antimicrobianos ionóforos como a monensina, porém tem se questionado bastante seu uso devido aos resíduos nos produtos de origem animal, além da possibilidade de resistência microbiana (PATRA E SAXENA, 2010). Nesse sentido, a utilização de aditivos naturais tem se tornado tendência na produção animal, onde os taninos são uma das alternativas propostas ao uso de ionóforos (DEVANT et al., 2007).

2.2. Taninos Hidrolisáveis e Condensados

Estruturalmente, os taninos são diversos compostos fenólicos que apresentam estrutura complexa. Tanto os taninos hidrolisáveis (TH) quanto os taninos condensados (TC) possuem grupos OH reativos que formam complexos com proteínas, incluindo enzimas e polímeros como celulose e hemicelulose (NCUBE e VAN STADEN, 2015). Quando adicionados a dieta em doses adequadas, esses compostos secundários funcionam como ótimos antioxidantes, além de melhorar a eficiência da utilização de N, e possuírem uma ação bactericida sobre os microrganismos metanogênicos (VIEIRA et al, 2020).

Além dos grupos fenólicos e anéis aromáticos, através dos quais os taninos atuam como ligantes multidentados na superfície da proteína, o aumento no número de grupos galoílo dos polifenóis afeta positivamente a eficiência de ligação às proteínas (NCUBE e VAN STADEN, 2015).

Taninos hidrolisáveis (TH): são compostos por uma molécula central de poliol, geralmente glicose (NAUMMAN et al., 2017). O grupo OH do poliol central é esterificado com ácido fenilcarboxílico, como ácido gálico (galotaninos) ou ácido elágico (elagitaninos), e surgem três subclasses principais a partir de transformações químicas (LOFTI, 2020):

-Galoglicose: pelo menos um grupo OH da molécula de glicose é esterificado com ácido gálico, representado por 1,2,3,4,6-pentagaloglicose (PGG).

-Galotaninos: unidades de ácido gálico são adicionadas aos grupos galoil existentes de galoglicoses, representados pelo ácido tânico. Os grupos galoílo ou seus derivados são combinados com polióis, catequinas ou triterpenóides.

-Elagitaninos: o acoplamento oxidativo intramolecular dimeriza os substituintes do ácido gálico e forma porções de ácido elágico. Tem pelo menos dois C-C gálicos conjugados entre si e catequinas conjugadas sem glicosídeo.

São menos utilizados por nutricionistas já que podem ser facilmente degradados no rúmen, sendo sensíveis à substâncias básicas, ácidas e esterases (NAUMMAN et al., 2017). Os TH são caracterizados por estarem presentes em pequenas concentrações nas plantas, sendo encontrados em acácia, eucaliptos e uma variedade de folhas de árvores. Foi documentado que THs produzem toxicidade aguda e inibição acentuada da digestão para o gado (DOCE et al., 2013), o que pode ser devido a uma maior atividade de ligação às proteínas de alguns TH em comparação com tanino concentrado (TC) (JAYANEGARA et al., 2015).

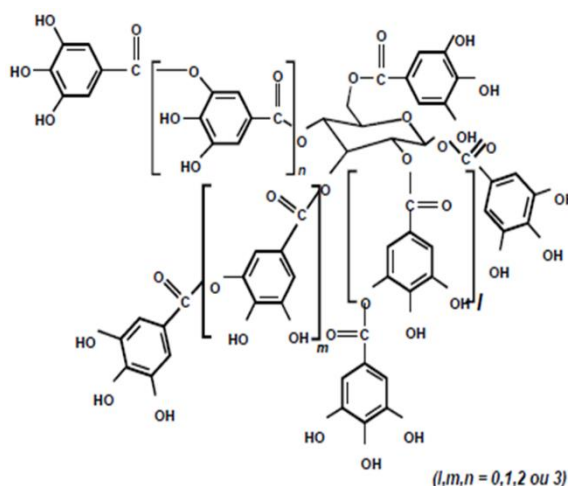


Figura 1. Estrutura química do tanino hidrolisável.

Taninos condensados (TC) ou proantocianidinas (PA): São encontrados em maior abundância que os TH e possuem estruturas mais complexas. A estrutura química condensada do TC é o que confere maior resistência à degradação, exceto em condições de pH ácido (ANDRADE et al., 2015). Eles consistem em polímeros formados por unidades monoméricas de flavan 3-óis, que são conectados através de ligações C-C ou C-O-C (SMERIGLIO et al., 2017). As unidades monoméricas possuem centros assimétricos nas posições C-2 e C-3, o que dá origem à formação de quatro isômeros, denominados procianidinas: (+) galocatequina, (-) epigalocatequina, (+) catequina e (-) epicatequina.

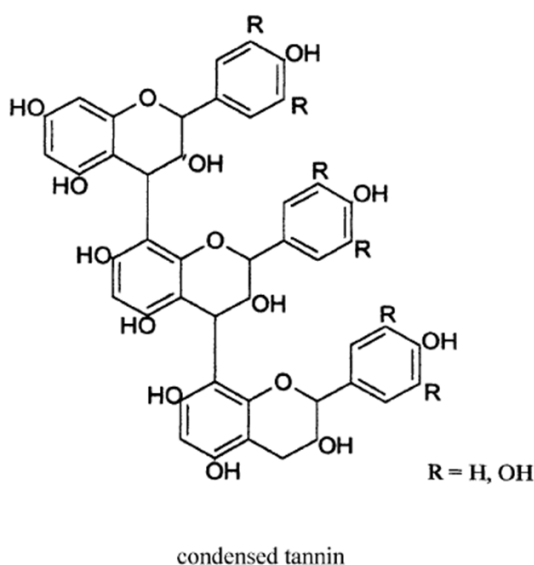


Figura 2. Estrutura química do tanino condensado.

2.3. Uso de taninos na nutrição animal

Quando ocorre ingestão de alimento que possuem compostos nitrogenados degradáveis no rúmen, esses nutrientes são metabolizados pelas enzimas bacterianas e utilizados como fonte de nitrogênio e aminoácidos para produção de amônia e proteína microbiana (KOZLOSKI, 2011). A proteína microbiana sintetizada no rúmen é considerada uma excelente fonte de aminoácidos da dieta, representando cerca de 60 a 85% da quantidade de proteína que chega ao intestino delgado, ressaltando a necessidade que aminoácidos oriundos da dieta escapem da degradação ruminal, para complementar a proteína microbiana (STORN e ORSKOV, 1983).

A adição de taninos em dietas balanceadas em energia e proteína, podem reduzir a degradação da proteína a nível ruminal (BRUTTI et al., 2023), esses compostos antes vistos como antinutricionais na nutrição animal, passam a se tornar objetos de estudo interessantes quando empregados em dosagens corretas. A complexação formada entre tanino e proteína aumenta o teor de PNDR, possibilitando que parte da proteína dietética chegue intacta ao abomaso, sendo que essa complexidade pode ser reversível (MEZZOMO, 2011). No entanto, esses complexos também podem não ser dissociados pós ruminalmente dependendo do pH (MUELLER- HARVEY, 2006), e do complexo tanino-proteína formados.

A interação entre taninos-proteínas pode ocorrer através de pontes de hidrogênio, interações hidrofóbicas ou pelas duas formas conjuntamente, para gerar uma maior quantidade de PNDR de origem dietética. Os complexos formados por meio de ligações de hidrogênio são mais interessantes, pois formam complexos mais fortes com proteínas alimentares (MUELLER- HARVEY, 2006), para que a interação entre taninos e proteínas seja recomendável, as interações não devem ser muito fortes e nem muito fracas, a força dessas ligações irá gerar as respostas dos taninos na digestibilidade da proteína ao longo do trato digestivo.

2.4. Taninos e eficiência de utilização de nitrogênio: retenção e excreção

O processo de fermentação ruminal pode ser um processo ineficiente se não for manejado de forma correta, pois mais de 50% da proteína dietética pode ser convertida em amônia e ser excretada via urina (CALLAWAY et al., 2003). A baixa eficiência da conversão de N dietético em proteína animal, ocasiona em perda de energia, acarretando em sistemas menos produtivos, além de gerar danos ambientais por N (HERREMANS et al., 2020). O óxido nitroso e amônia são classificados como poluentes gasosos que reagem no ar (JOHANSEN et al., 2022), sendo o NO_2 um gás potencial de efeito estufa e tem capacidade de captar 300 vezes mais calor que o CO_2 (COSKUN et al., 2017). Deve-se ressaltar que a maior volatilização da amônia está relacionada ao N de origem urinária, pois o N fecal está mais frequentemente ligado a componentes orgânicos dietéticos e metabólicos não digeridos (BEHERA et al., 2013). A mudança no sítio de excreção do N urinário para o fecal é atribuída principalmente à formação do complexo tanino- proteína, que aumenta o fluxo de AA para o intestino delgado (BARRY e McNABB, 1999), e quando a ligação não é desfeita no Trato Gastrointestinal (TGI), o N é excretado via fezes.

CARULLA et al. (2005) utilizando taninos de *Acacia mearnsii* encontraram redução de excreção urinária de N, enquanto a retenção de N não foi afetada, esses resultados sugerem um potencial positivo para uso do extrato deste polifenól. ALVES et al. (2015), utilizando taninos de Acácia negra, verificaram redução na excreção urinária de N e aumento da excreção fecal de N, bem como aumento de retenção e eficiência de utilização de N. Esses resultados corroboram com STERWART et al. (2019).

MAAMOURI et al. (2011) encontraram uma retenção estimada de N de até 44,8% em animais alimentados com uma árvore que contém TC. Os taninos do estudo de STERWART et al. (2019) poderiam ter valores elevados de retenção de N em fenos tanificados, visto que alguns taninos condensados (por exemplo, os do gênero Lotus) melhoram a concentração do hormônio do crescimento, que por sua vez estimula a retenção de N em ruminantes (AERTS et al., 1999).

2.5. Utilização de taninos no farelo de soja

O Farelo de Soja (FS) é considerado uma fonte útil de proteína vegetal, com bons conteúdos de aminoácido (PATINO 2022), no entanto possui alta degradabilidade ruminal. Aditivos capazes de reduzir a degradabilidade ruminal da proteína em FS podem causar efeitos benéficos na produção animal.

O tanino é formado por núcleos polifenólicos com diversas zonas apolares, como o anel benzemico, aos quais podem ligar-se com as zonas apolares da proteína (ARCHANA et al., 2010). Na presença de água, estas zonas apolares podem associar-se por meio de ligações Van Der Waals reduzindo, desse modo, as superfícies das zonas apolares expostas à água. As moléculas de água que estavam ligadas a zonas polares de forma ordenada, ficam livres para ligar-se aos solventes, dando origem ao denominado efeito hidrofóbico (MEZZOMO, 2013). Este efeito ocorre somente na presença de água, favorecendo que os tratamentos com tanino comporem os melhores agrupamentos formados. Esta complexação desencadeia na diminuição da degradação da proteína no ambiente ruminal aumentando, assim, a disponibilidade de proteína no intestino. Todavia, os tratamentos que não receberam água chegam ao rúmen, onde há uma variedade de outras proteínas, o que pode acarretar que o tanino livre perca sua efetividade em complexar as proteínas do alimento (MEZZOMO, 2013).

O FS, possui boa capacidade de complexação com tanino devido ao seu perfil de aminoácidos visto que, os taninos possuem maior facilidade de ligação quando está presente aminoácidos na cadeia lateral da proteína, o que facilita a aproximação das zonas apolares para que ocorra a interação (MEZZOMO, 2013). Esse concentrado proteico possui, aproximadamente, 14,41% da matéria seca (MS) de aminoácidos com cadeias laterais apolares, de onde estão presentes a glicina, alanina, valina, leucina, isoleucina e prolina, isso contribuiu para que ocorram ligações hidrofóbicas (VALADARES FILHO et al., 2012).

MANFIO (2021) testou extrato tanífero de *Acacia mearnsii* em FS, nos níveis 0, 2,5% e 5%. A degradabilidade ruminal não foi afetada, no entanto a digestibilidade intestinal foi reduzida no tratamento 5% em relação aos demais. SHAKERI et al. (2020) testou 0, 5 e 10 g/kg-MS de taninos de casca de pistache em FS. A degradação ruminal da proteína foi reduzida com a dosagem de 1%

de taninos, enquanto 0 e 0,5% não apresentaram diferenças significativas. Já a degradação da PNDR não apresentou diferenças entre nenhum tratamento, bem como a digestibilidade total do TGI que foi igual estatisticamente para todos os tratamentos. FRUTOS et al. (2000) em adição de taninos de quebracho em FS, com dosagens de 0, 1, 5, 10, 15, 25 g/kg-MS, detectou que doses mais elevadas (1%, 1,5% e 2,5%) apresentaram menor degradabilidade ruminal em relação ao controle. Já a digestibilidade intestinal foi menor no tratamento de 2,5%.

2.6. Efeitos de taninos na produção de metano

O CH₄ é produzido no processo de fermentação dos alimentos ingeridos, pelos microorganismos presentes no rúmen (KOSLOSKI, 2011). Os produtos finais das atividades microbianas ruminais são ácidos graxos voláteis de cadeia curta (AGCCs), que são importantes fontes de energia para o animal, no entanto, concomitantemente ocorre a produção de CO₂ e CH₄ (HARYANTO, 2014). A concentração de CH₄ entérico é produzida pelas arqueias metanogênicas (PATRA e SAXENA, 2011), as quais utilizam como principais substratos o hidrogênio (H₂) e o gás carbônico (CO₂). O CH₄ é eliminado pelos ruminantes principalmente através de eructação, sendo considerado um gás de efeito estufa, e também envolve um desvio e perda de um 2-12% da energia total consumida por parte do animal, que poderia estar sendo destinada para crescimento e produtividade (MORAIS et al. 2006), portanto representa também um prejuízo ambiental e financeiro.

Reduzir a produção de CH₄ gerada pela fermentação ruminal é um grande desafio para os nutricionistas animais (CARDOSO- GUTIERREZ et al., 2021). BRUTTI et al., (2023) através de uma meta-análise detectou que em dietas equilibradas em relação a energia e proteína, os taninos podem reduzir a produção de CH₄, obtendo assim benefícios econômicos e ambientais. Para BHATTA et al. (2009) utilizar compostos que inibem ou reduzem a atividade dos microorganismos metanogênicos, possivelmente irá reduzir ou eliminar a produção de CH₄. Pode se considerar que os taninos podem atuar com dois mecanismos principais para mitigar de CH₄ entérico: 1) através da redução da fermentação da fibra no rúmen, o que reduz a produção de H₂ e acetato

(BEAUCHEMIN et al, 2008), e 2) afetando diretamente o metabolismo de crescimento de metanogênicos (BHATTA et al, 2009).

A ligação entre tanino-proteína da dieta pode afetar a digestão de carboidratos, principalmente dos componentes fibrosos, com efeitos adversos no processo de fermentação e na produção de AGCC, em particular na redução da produção do acetato, reduzindo assim a formação de CO₂ e H₂ (RIGOBELLO, 2022). A produção desse AGCC é menos eficiente energeticamente do que a produção de propionato (BUENO et al., 2015). BERÇA et al. (2023) detectaram em estudos *in vitro* + *in vivo* que à medida que aumentavam os níveis de TC na dieta, ocorreu aumento de proporções molares de propionato, butirato e AGV totais no rúmen, sugerindo possivelmente uma melhor fermentabilidade e uma alternativa eficiente para diminuir efeitos ambientais negativos nos sistemas pecuários de produção. Enquanto MARSHALL et al. (2022) concluíram que tanto os taninos mistos, como os hidrolisáveis reduzem a produção de AGCC não glicogênicos e aumentam a concentração de propionato no ambiente ruminal.

No processo de metanogênese os principais microorganismos envolvidos são os protozoários ciliados e arqueobactérias. Os metanógenos podem ser encontrados ligados ou dentro das células ciliadas dos protozoários e contribuem com 9 a 37% da metanogênese ruminal (MARTIN, 2010). Eles possuem uma relação sinérgica e isso pode aumentar a produção de acetato e butirato, pois os ciliados podem facilitar a transferência de H₂ para arqueias (VOGELS et al., 1980). Para HESS et al. (2003) algumas populações de metanógenos permanecem ecto e endossimbioticamente associadas aos protozoários, portanto a defaunação contribui para a redução da produção deste gás. Da mesma forma, foi demonstrado que os taninos, ao inibirem diretamente os metanógenos, reduzem o número de protozoários, o que pode reduzir a metanogênese associada aos protozoários (PATRA e SAXENA, 2011). Para MCSWEENEY (2001) a capacidade de complexidade dos taninos significa que os polifenóis são reativos com as paredes celulares bacterianas e enzimas extracelulares secretadas, e provavelmente qualquer interação deste tipo inibe o transporte de nutrientes para a célula e retarda o crescimento do organismo. Os efeitos antiprotozoários dos taninos podem ser benéficos na melhoria da utilização de proteínas e na inibição da metanogênese no rúmen.

No entanto, os mecanismos de inibição dos protozoários ruminais pelos taninos não são claramente conhecidos.

TAVENDALE et al. (2005) propuseram *in vitro* dois modos de ação dos taninos na metanogênese: um efeito direto nos metanógenos ruminais e um efeito indireto na produção de hidrogênio devido à menor degradação da dieta. Para estes autores, a inibição dos taninos no crescimento dos metanógenos é atribuída aos efeitos bacteriostáticos e bactericidas dos TC. CARULLA et al. (2005) em um experimento de pastagem hiberna de azevém suplementado com 4,1 % de taninos de *Acacia mearnsii* na MS (2,5% de TC), detectaram redução na liberação de CH₄ de 13% quando taninos foram adicionados a dieta. Nesse estudo, os autores sugerem que a redução da metanogênese foi devido a redução na degradação da fibra, visto que ocorreu queda na digestibilidade da MO com adição desses compostos secundários. A mitigação de CH₄ também foi encontrada por SILVA et al. (2024) com níveis de 0,8 g/kg MS de tanino condensados de *Acacia Mearnsii* em dietas de confinamento.

3. Considerações Finais

Conclui-se, portanto, que os efeitos dos taninos na nutrição animal são diversos entre as variáveis abordadas na presente revisão. De acordo com as pesquisas citadas, esses compostos fenólicos reduzem a excreção urinária de N e aumentam a fecal, além de que alguns resultados relatam o aumento de retenção de nitrogênio, gerando benefícios produtivos e ambientais. No entanto, os resultados na redução da degradação de proteína a nível ruminal, sem afetar a digestibilidade intestinal são inconsistentes, divergências entre os estudos indicam que as interações entre tanino-proteína não ocorrem de forma padrão, podendo ser variáveis de acordo com dosagens e composições químicas das fontes de taninos e alimento utilizado. Além disso, os taninos mostraram efeitos benéficos por reduzirem a emissão de metano por ruminantes.

4. Referências bibliográficas

- AERTS, R. J. et al. 1999. Polyphenols and agriculture: beneficial effects of proanthocyanidins in forages. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 75, p. 1–12. 1999.
- ALVES, T.P. et al. Digestibility, ruminal fermentation and duodenal flux of amino acids in steers fed grass forage plus concentrate containing increasing levels of *Acacia mearnsii* tannin extract. **Animal Feed Science and Technology**, v. 210, p. 37-45, 2015.
- ANDRADE, T. V., et al. Tanino em resíduos e subprodutos alimentares para a alimentação animal. **Nutritime**, v. 12, n.5, p.4230-4236, 2015.
- ARCHANA, A.B. et al. Potential of tannins: a review. **Asian Journal of Plant Sciences**. v.9, p.209–214, 2010.
- ÁVILA A.S. **Taninos Condensados de Acácia Negra (*Acacia mearnsii*) na alimentação de ruminantes**. Marechal Cândido Rondon: Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Estadual do Oeste do Paraná, p.75, 2018.
- BARRY, T.N e McNABB, W.C. Artigo de revisão: As implicações dos taninos condensados no valor nutritivo de forragens temperadas fornecidas a ruminantes. **British Journal of Nutrition**, v.81, p.263-272, 1999.
- BHATTA, R. et al. Difference in the nature of tannins on in vitro ruminal methane and volatile fatty acid production and on methanogenicarchaea and protozoal populations. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 11, p. 5512-5522, 2009
- BEAUCHEMIN, K.A. et al. Use of condensed 566 tannin extract from quebracho trees to reduce methane emissions from cattle. **Journal of Animal Science**, p. 1990–1996, 2007.
- BEAUCHEMIN, K. A. et al. Nutritional management for enteric methane abatement: a review. **Australian Journal of Experimental Agriculture, East Melbourne**, v. 48, n. 1, p. 21-27, 2008.
- BERÇA, A.S. et al. Meta-analysis of the relationship between dietary condensed tannins and methane emissions by cattle, **Animal Feed Science and Technology**, v.98, p.115564, 2023.
- BEDRAN - RUSSO, A.K., et al. Dentin biomodification: strategies, renewable resources and clinical applications. **Dental Materials**, v.30, n. 1, p. 62–76, 2014.
- BEHERA S.N. et al. Ammonia in the atmosphere: a review on emission sources, atmospheric chemistry and deposition on terrestrial bodies. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 20, n.11, p.8092-8131, 2013.

- BERÇA, A.S. et al. 2023. Meta-analysis of the relationship between dietary condensed tannins and methane emissions by cattle. **Animal Feed Science and Technology**, v.298, p. 115564, 2023.
- BRUTTI, D.D. **Taninos na nutrição de bovinos: revisão sistemática e meta análise**. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Porto Alegre RS. p. 146, 2021.
- BRUTTI, DD. et al. Effects of the use of tannins on the ruminal fermentation of cattle: A meta-analysis and meta-regression. **Animal Feed Science and Technology**, v. 306, p. 115806, 2023.
- BUENO, I. C. S. et al. In vitro methane production and tolerance to condensed tannins in five ruminant species. **Animal Feed Science and Technology**, v. 205, p. 1–9, 2015.
- CARDOSO-GUTIERREZ, E. et al. Effect of tannins from tropical plants on methane production from ruminants: A systematic review. **Veterinary and Animal Science**, v. 14, p. 100214, 2021.
- CALLAWAY, T.R. et al. Ionophores: their use as ruminant growth promotants and impact on food safety. **Current Issues in Intestinal Microbiology**. v. 4, n. 2, p. 43-51, 2003.
- CARULLA, J.E. et al. Supplementation of *Acacia mearnsii* tannins decreases methanogenesis and urinary nitrogen in forage-fed sheep. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.56, p. 961–970, 2005.
- COSKUN, D. et al. Nitrogen transformations in modern agriculture and the of biological nitrification inhibition. **Nature plants**, v.3, p.170774, 2017.
- DEVANT, M. et al. Effect of plant extract supplementation on rumen fermentation and metabolism in youg Holstein bulls consuming hig levels of concentrate. **Animal Feed Science and Technology**, v. 137, p.46-57, 2007.
- DOCE, R.R. et al. Effect of the administration of young leaves of *Quercus pyrenaica* on rumen fermentation in relation to oak tannin toxicosis in cattle. **Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition**, v.97, n. 48-57, 2013.
- HARYANTO, B. Manipulating protein degradability in the rumen to support higher ruminant production. WARTAZOA. **Indonesian Bulletin of Animal and Veterinary Sciences**, v. 24, 2014.
- HESS, H.D. et al. Supplementation of a tropical grass diet with forage legumes and *Sapindus saponaria* fruits: effects on in vitro ruminal nitrogen turnover and methanogenesis. **Australian Journal of Agricultural Research**. v.54, p. 703–713, 2003.
- FRUTOS, P. et al. Digestive utilization of quebracho-treated soya bean meals in sheep. **Journal of Agricultural Science**, v.134, p. 101-108, 2000.

- HERREMANS, S. et al. Effect of dietary tannins on milk yield and composition, nitrogen partitioning and nitrogen use efficiency of lactating dairy cows: A meta-analysis. **Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition**, v. 104, n.5, p.1209-1218, 2020
- JAYANEGARA, A. et al. Divergence between purified hydrolysable and condensed tannin effects on methane emission, rumen fermentation and microbial population in vitro. **Animal Feed Science and Technology**, v.209, p. 60-68, 2015.
- JOHANSEN, M. et al. 2022. Effect of age and dietary crude protein level on nitrogen excretion in dairy heifers. **Livestock Science**. v. 264 p. 105058, 2022.
- KOZLOSKI, G.V. **Bioquímica de ruminantes**. 3.ed. Santa Maria (BR): Universidade Federal de Santa Maria, 2011.
- LOTFI, R. A commentary on methodological aspects of hydrolysable tannins metabolism in ruminant: a perspective view, **Letters in Applied Microbiology**, V. 71, n.5, p. 466–478, 2020.
- MAAMOURI, O. A. et al. Effects of concentrate and Acacia cyanophylla foliage on nitrogen balance and milk production for grazing ewes. **Livestock Science**, v.139, p. 264–270, 2011.
- MANFIO, C. M. **Impacto da inclusão de taninos e tratamento térmico do farelo de soja sobre sua fermentação e digestão in vitro**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia), Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, p.34 2021.
- MARTIN, C et al. Methane mitigation in ruminants: from microbe to the farm scale. **Animals**, v. 4, n 3, p. 351-365, 2010.
- MARSHALL, C.J. et al. The effect of feeding a mix of condensed and hydrolyzable tannins to heifers on rumen fermentation patterns, blood urea nitrogen, and amino acid profile. **Livestock Science**, v.263, p.105034, 2022.
- MCSWEENEY, C. S. et al. Microbial interactions with tannins: nutritional consequences for ruminants. **Animal Feed Science and Technology**, v.91, n. 1-2, p. 83-93, 2001.
- MEZZOMO, R. et al. Influence of condensed tannin on intake, digestibility and efficiency of protein utilization in beef steers fed high concentrate diet. **Livestock Science**, 2011; v. 141, p. 1-11, 2011.
- MEZZOMO, R. **Farelo de soja tratado com taninos em dietas com alto teor de concentrado para bovinos de corte**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Tese (Doutorado em Zootecnia) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, p.170, 2013.

- MORAIS J.A.A. et al. Aditivos. **Nutrição de ruminantes**. Jaboticabal: Funep, p. 583, 2006.
- MUELLER - HARVEY, I. Unravelling the conundrum of tannins in animal nutrition and health. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.13, p. 2010- 2037, 2006.
- NAUMMAN, D.H, et al. The role of condensed tannins in ruminant animal production: advances, limitations and future directions. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.46, p. 929-949, 2017.
- NCUBE, B. e VAN STADEN, J. Tilting plant metabolism for improved metabolite biosynthesis and enhanced human benefit. **Molecules** (Basel, Switzerland), v. 20, n.7, p.12698–12731, 2015.
- NRC (National Research Council). **Nutrient requirements of dairy cattle**. 7th ed. Washington (DC): National Academy Press; p. 381, 2001.
- PATINO, D.B. **Physicochemical Characterization of Extruded Fish Feeds Having Soybean Meals of Varying Fatty Acid Profiles and Its Utilization on Growth Performance and Body Composition of Domesticated Juvenile Striped Bass (*Morone Saxatilis*)**. Dissertação (Mestrado em Ciência). North Carolina State University, 2022.
- PATRA A.K e SAXENA, J. Exploitation of dietary tannins to improve rumen metabolism and ruminant nutrition. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.91, p.24–37, 2011.
- ORLANDI, T, et al. Digestibility, ruminal fermentation and duodenal flux of amino acids in steers fed grass forage plus concentrate containing increasing levels of *Acacia mearnsii* tannin extract. **Animal Feed Science and Technology**, v. 210, p. 37–45, 2015.
- SMERGLIO, A. et al. Proanthocyanidins and hydrolysable tannins: occurrence, dietary intake and pharmacological effects. **British Journal of Pharmacology**, v.174, n. 11, p.1244–1262, 2017.
- SILVA, T.H. et al. Evaluation of increasing levels of condensed tannin extracted from *Acacia mearnsii* on performance, carcass traits, meat quality, methane emission, and health of finishing Nellore bulls. **Animal Feed Science and Technology**, v.315, p. 116046. 2024.
- STEWART, E. K., et al. Effect of tannin-containing hays on enteric methane emissions and nitrogen partitioning in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 97, n 8, p. 3286-3299. 2019
- TAVENDALE, M.H, et al. Methane production from in vitro rumen incubations with *Lotus pedunculatus* and *Medicago sativa*. and effects of extractable condensed tannin fractions on methanogenesis. **Animal Feed Science and Technology**, v. 123–124, p.403–419, 2005.

- RIGOBELLO, I.L. **Emissão de gases do efeito estufa e amônia a partir das excretas de tourinhos Nelore e submetidos a suplementação energética e taninos.** Dissertação (Mestrado em Zootecnia), Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, p.67, 2022.
- SHAKERI, P. et al. The effect of Pistachio by product extracts treatment in protecting soybean meal and canola meal protein from rumen microbial degradation. **Journal of the Science of Food and Agriculture** rev.14, p. 5222-5229, 2020.
- STORN, E e ORSKOV, E.R. The nutritive value of rumen micro-organisms in ruminants. 1. Large-scale isolation and chemical composition of rumen micro-organisms. **British Journal of Nutrition**, v. 50, p.463-470, 1983.
- VALADARES FILHO, S.C. et al. CQBAL 3.0. Tabelas Brasileiras de Composição de Alimentos para Bovinos.
- VOGELS, G. D. et al. Association of methanogenic bacteria with rumen ciliates **Applied and Environmental Microbiology**, v. 40, n;3 p. 608-612, 1980.
- VIEIRA, L.V. et al. 2020. Utilização de taninos como aditivo nutricional na dieta de ruminantes. **Arquivos De Ciências Veterinárias E Zoologia Da UNIPAR**, v. 23, n. p. 2306, 2020.

Autores

Maria Eduarda Pieniz Hamerski, Sofia Luz del Cielo Bonafé, Lauren Machado Pereira, Gilberto Vilmar Kozloski

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil

CAPÍTULO 5

Comportamento de vacas leiteiras durante o período de emergência climática no Rio Grande do Sul em 2024

Francine B. Facco, Letícia M. Winck, Eduarda R. de Oliveira, Nathália M. Veronezi, Paola O. Selau, Duvan S. Bautista, Pamela I. Otto, Julio Viégas, Tiago A. Del Valle

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c5>

Resumo

As alterações climáticas afetam diretamente a produção animal. Chuvas prolongadas dificultam o acesso à forragem, reduzindo o seu valor nutricional, além de aumentar o risco de problemas locomotores e doenças, como laminites e mastite, comprometendo a saúde e a produtividade dos animais. Este estudo avaliou o impacto das chuvas intensas, que atingiram o Rio Grande do Sul, em maio de 2024 no comportamento de vacas em diferentes sistemas produtivos, utilizando dados de fazendas monitoradas pela Chip Inside S.A. A análise abrangeu registros de 219 lotes de vacas em lactação de 154 fazendas que adotavam quatro diferentes sistemas de produção (*compost barn*, *free stall*, semi-intensivo e pastagens), com dados de 4473 vacas em 2023 e 6769 vacas em 2024, entre 03 de abril e 28 de maio. Os comportamentos foram organizados por semanas relativas ao dia 01 de maio, e os dados foram analisados utilizando o SAS. Comparando-se os sistemas produtivos, vacas a pasto ruminaram menos e apresentaram maior nível de atividade. Dentre os sistemas de confinamento, as vacas em *free stall* apresentam menor nível de atividade e maior tempo de ócio do que as vacas mantidas em *compost barn*. A taxa de ruminação caiu após os eventos climáticos. De maneira geral, o tempo de ofegação aumentou em 15,5% em 2024, quando comparado com 2023. No ano de 2023, com o passar das semanas, a diferença entre os sistemas no que se refere aos tempos de atividade e foi se reduzindo, o que não se repetiu no ano de 2024.

1. Introdução e justificativa

1.1. *Impacto das mudanças climáticas na produção animal*

As flutuações climáticas estão impactando cada vez mais a produção animal em nível global. Os sistemas de produção são suscetíveis a ondas de calor, secas, precipitações intensas e outros eventos extremos, os quais afetam de maneira particular a fisiologia, comportamento, reprodução e bem-estar dos animais de produção. Essas repercussões comprometem a eficiência produtiva e, em algumas ocasiões, desencadeiam perdas econômicas substanciais para as propriedades.

Temperaturas acima de 25°C provocam estresse térmico por calor em vacas leiteiras e alterações na homeostase (KAUFMAN et al., 2018), especialmente em animais que não estão adaptados a climas quentes. Esse estresse leva à redução no consumo de alimentos (YADAV, 2013), queda na produção de leite (RHOADS et al., 2009), diminuição do ganho de peso (DAS et al., 2016) e problemas reprodutivos (LIU et al., 2019). Em bovinos leiteiros o efeito é ainda mais acentuado, já que possuem menor capacidade de dissipar o calor corporal, resultando em perdas consideráveis na produtividade (LIU et al., 2019). Como estratégia para reduzir a produção de calor, os animais diminuem o consumo de alimentos. Em vacas lactantes, a ingestão começa a cair a partir de 25-26 °C, podendo reduzir em até 40% seu consumo em temperaturas acima de 30 °C (DAS et al., 2016).

Por outro lado, chuvas intensas e prolongadas causam o alagamento dos pastos, dificultando o acesso dos animais à forragem nos sistemas de pastagens. Em condições de excesso de umidade, as plantas reduzem a produção de biomassa e deposição de nutrientes, o que diminui o valor nutritivo da forragem disponível. Isso não apenas impacta a capacidade dos animais manterem sua produção, mas também compromete a qualidade da dieta (ARDUINI et al., 2019).

O alagamento também provoca problemas locomotores nos bovinos devido à formação de lama, o que aumenta o risco de lesões nos membros e eleva a incidência de doenças como laminites e mastite (ROCHE et al., 2024). DIONIZZIO et al. (2022), observaram que as vacas expostas a essas condições

apresentam maior incidência de laminites e outras patologias associadas aos cascos, o que não só impacta seu bem-estar, mas também sua capacidade produtiva, já que a mobilidade reduzida afeta a ingestão de forragem e o tempo dedicado ao pastoreio, o que, conseqüentemente, afeta negativamente os níveis de produção.

1.2. Relatos de efeitos produtivos com os eventos climáticos no RS em maio de 2024

De acordo com o Comunicado Agrometeorológico de maio de 2024, da Secretaria de Diagnóstico e Pesquisa Agropecuária (TAZZO et al., 2024), nos primeiros dez dias de maio foram observados grandes volumes de chuvas nas regiões central, Planalto e Serra do Rio Grande do Sul. Neste período, a pluviosidade chegou a 664 mm em Veranópolis e 531,8 mm em Soledade. Em adição, o encharcamento das pastagens, tem tornado inviável o pastoreio e comprometido a oferta de alimento para os animais.

De acordo com o CEPEA (2024), a emergência climática vivenciada no Rio Grande do Sul em maio de 2024 afetou todo o estado, levando a obstrução de estradas/rodovias, o que comprometeu a circulação de insumos, leite cru e lácteos. Além disso, a falta de energia elétrica e água em algumas regiões refletiu sobre toda a cadeia. Alguns laticínios interromperam a produção, seja por danos estruturais, falta de energia elétrica ou dificuldade na captação de leite. Nas propriedades que conseguiram manter a logística de entrega de leite cru, as demandas adicionais de logísticas seja para a captação ou para o acesso a insumos representaram fator adicional para o aumento dos custos e redução das margens.

Como expõe Guilherme Portella, presidente do Sindicato da Indústria de Laticínios e Produtos Derivados (SINDILAT-RS), é importante destacar que o setor lácteo no Rio Grande do Sul é um pilar fundamental da economia, empregando mais de 62 mil pessoas e sustentando cerca de 220 mil gaúchos. Com operações em 493 dos 497 municípios, sua capacidade de gerar e distribuir riqueza é significativa. Ao mesmo tempo, essa ampla capilaridade torna toda a cadeia mais vulnerável aos efeitos dos fenômenos climáticos extremos. As

enchentes que atingiram tanto áreas urbanas quanto rurais impactaram de forma imediata as empresas do setor, que sentiram os efeitos das cheias desde os primeiros dias.

De acordo com dados da Associação dos Criadores de Gado Holandês do Rio Grande do Sul (GADOLANDO) e do SINDILAT, houve uma redução de 40% na captação de leite no Estado, nos primeiros dias após os eventos, enquanto aproximadamente duas mil vacas morreram em decorrência da situação. Apesar de algumas entidades terem se dedicado a apresentar estimativas das perdas produtivas e da ocorrência de morte de animais, as consequências indiretas, envolvendo a dificuldade do acesso à ordenha e a redução do consumo alimentar e do bem-estar dos animais podem trazer efeitos de curto a longo prazo.

1.3. Atividades do Laboratório de bovinocultura de leite (LABLEITE-UFSM)

O Laboratório de Bovinocultura Leiteira - LabLeite do Departamento de Zootecnia, do Centro de Ciências Rurais da Universidade Federal de Santa Maria, conta com um rebanho de 15 vacas da raça Holandesa em lactação criadas em sistema de pastejo e recebendo suplementos concentrados após cada ordenha. Desde 2023 o LabLeite possui um acordo de cooperação com a Chip Inside S.A. (COWMED), Santa Maria, Brasil) para o monitoramento do comportamento dos animais do rebanho.

A COWMED é uma empresa que desenvolve sistema de monitoramento capaz de avaliar em tempo real o comportamento de ruminação, atividade, ócio e ofegação de bovinos leiteiros. Estes dados são transmitidos e armazenados em uma plataforma na nuvem, facilitando o acesso e análise de informações. Ademais, a interação COWMED-LabLeite tem permitido o desenvolvimento de estudos que utilizam a base de dados da empresa para a resposta de questões práticas do dia a dia das fazendas. Em um trabalho recente, MANFIO et al. (2025) estudaram o efeito da frequência de ordenhas (duas ou três vezes ao dia) sobre o perfil comportamental de vacas leiteiras. Os autores conseguiram observar que o aumento da frequência de ordenhas leva a um aumento da produção de leite, sem afetar o tempo total de ruminação ou o tempo de

ruminação diurna ou noturna. No entanto, a amplitude da taxa de ruminação tende a ser menor nas fazendas que utilizam três ordenhas em relação àquela observada nas fazendas que utilizam duas ordenhas diárias.

Durante o período de intensas chuvas descritas acima, no LabLeite foi observado um aumento considerável da taxa de ócio dos animais monitorados. Levando-se em consideração o sistema de produção adotado no LabLeite, levantou-se a hipótese de que nos sistemas de produção em pastagens, os animais tenham sido mais afetados do que nos sistemas de confinamento ou no sistema semi-intensivo. Desta forma, o presente capítulo foi escrito com o objetivo de estudar os efeitos dos eventos climáticos ocorridos em maio de 2024 sobre o comportamento de vacas leiteiras mantidas em diferentes sistemas produtivos no estado do Rio Grande do Sul, utilizando-se dados do banco de dados da COWMED.

2. Material e métodos

Os dados foram extraídos do sistema de monitoramento utilizado em fazendas leiteiras do Rio Grande do Sul. O banco de dados estava composto por informações provenientes de 154 fazendas, resultando em 219 lotes de animais. Os dados foram organizados em planilha Excel para facilitar o processamento e análise subsequente. A análise incluiu dados referentes aos lotes de vacas em lactação do período de 03 de abril a 28 de junho nos anos de 2023 e 2024.

Para garantir a consistência e relevância dos dados, foram estabelecidos critérios de inclusão dos dados. Somente foram considerados os lotes compostos exclusivamente por vacas em lactação, com um mínimo de 10 animais por lote, e que possuíam dados completos de ruminação referentes a ambos os períodos de avaliação. Ao final foram utilizados dados de 4473 vacas de 2023 e 6769 vacas em 2024.

Os dados de atividades (ruminação, atividade, ócio e ofegação, em min./d) foram organizados em semanas em relação ao dia 01 de maio, estabelecendo as semanas -4 (3 a 9 de abril), -3 (10 a 16 de abril), -2 (17 a 23 de abril), -1 (24 a 30 de abril), +1 (1 a 7 de maio), +2 (8 a 14 de maio), +3 (15 a 21 de maio) e +4 (22 a 28 de maio) para cada um dos lotes avaliados. Os dados

foram avaliados utilizando o PROC MIXED do SAS (University Edition), de acordo com o modelo a seguir:

$$Y_{ijklmn} = \mu + S_i + \omega_{j:i} + W_l + A_m + S \times W_{il} + S \times A_{im} + W \times A_{lm} + S \times W \times A_{ilm} + e_{ijklmn}$$

com: $\omega_{j:i} \sim N(0, \sigma_{\omega}^2)$ $e_{ijklmn} \sim N(0, \sigma_e^2)$, em que: Y_{ijklmn} é o valor observado da variável dependente; μ é a média geral; S_i é o efeito fixo do sistema de produção ($i = 1$ a 4); $\omega_{j:i}$ é o efeito aleatório da fazenda em cada um dos sistemas ($j = 1$ a 154); W_l é o efeito fixo da semana de avaliação ($l = 1$ a 8); A_m é o efeito fixo do ano de avaliação ($m = 1$ e 2); $S \times W_{il}$, $S \times A_{im}$, $W \times A_{lm}$ e $S \times W \times A_{ilm}$ são efeitos de interação entre os efeitos previamente descritos; e_{ijklmn} é o efeito do erro experimental; N indica distribuição Gaussiana; σ_{ω}^2 e σ_e^2 são as variâncias aleatórias associadas aos efeitos de fazenda e erro, respectivamente. Os efeitos do sistema produtivo foram estudados utilizando o teste de diferença mínima significativa de Fisher. Para todas as análises foi considerado o nível de significância de 5 %.

3. Resultados e discussões

De maneira geral, os sistemas afetaram ($P < 0,001$) os tempos de ruminação, atividade e ócio (Tabela 1). Foi observada interação ($P < 0,001$) entre os efeitos de sistema e ano ($S \times A$) e semana e ano ($W \times A$) para as variáveis de ruminação, atividade e ofegação. Foi observada interação tripla (sistema $\times$ semana $\times$ ano) para os tempos de ócio e atividade. Estes valores de probabilidade foram utilizados para estruturar a discussão apresentada a seguir.

Tabela 1. Valores de probabilidade para o efeito de sistema produtivo (S), semana (W), ano (A) e suas interações sobre as variáveis comportamentais

Efeito	Variáveis			
	Ruminação	Ócio	Atividade	Ofegação
Sistema (S)	<0,001	<0,001	<0,001	0,186
Semana (W)	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
S $\times$ W	0,670	<0,001	<0,001	0,319
Ano (A)	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
S $\times$ A	<0,001	0,213	<0,001	<0,001
W $\times$ A	<0,001	0,014	0,002	<0,001
S $\times$ W $\times$ A	0,915	0,003	<0,001	0,525

3.1. Sistemas

De maneira geral, nos sistemas de *Compost Barn* (CB) e *Free-stall* (FS) os animais apresentaram os maiores ($P \leq 0,05$) tempos de ruminação, 475 e 468 min./dia, respectivamente (Tabela 2) e menores ($P \leq 0,05$) tempo de atividade, 329 e 300 min./dia, respectivamente. Animais em sistema de confinamento normalmente apresentam maior tempo de ruminação em comparação aos animais criados em sistema de pastejo devido a dieta fornecida. Além disso, o acesso facilitado ao cocho justifica a menor atividade destes animais. A dieta total (TMR) fornecida para animais em sistemas de confinamento é mais uniforme, e nutricionalmente mais completa, com uma proporção adequada de volumoso e concentrado, e fornecidas *ad libitum* (SCHINGOETHE, 2017), resultando em um maior consumo e consequentemente na maior taxa de ruminação dos animais. Além disso, o ajuste no teor de fibra da dieta torna o processo de ruminação mais eficiente (VAN SOEST, 1994).

Por outro lado, o consumo por parte dos animais em pastejo é influenciado por diversos fatores, incluindo o próprio animal, pasto e o ambiente (CARVALHO et al., 2007). O tempo dedicado à ruminação em animais a pasto pode ser reduzido de forma involuntária quando os animais estão expostos a condições de estresse. Além disso, nos sistemas em pastejo, os animais gastam mais tempo buscando alimento durante o pastejo, além do tempo gasto durante a ordenha, a suplementação de concentrado e o tempo de deslocamento até a pastagem, o que ocasiona uma redução no tempo disponível para pastejo (ARNOTT et al., 2016), reduzindo assim o consumo destes animais e consequentemente a ruminação. Neste caso, pode-se observar um menor ($P \leq 0,05$) tempo de ruminação dos animais no PA, e consequentemente, maior ($P \leq 0,05$) tempo na atividade. Em sistemas baseados em pastagem, os animais podem caminhar longas distâncias entre a sala de ordenha e o pasto ou durante o pastejo para coleta do alimento (NEAVE et al., 2021), o que justifica a maior atividade destes animais.

Tabela 2. Comportamento médio dos animais em cada um dos sistemas de produção durante o período de avaliação

Item	Sistemas (S)				P
	CB	FS	SI	PA	
Ruminação, min./d	475±2,3 ^a	468±2,8 ^a	453±5,1 ^b	439±4,3 ^c	<0,001
Ócio, min./d	438±4,2 ^a	471±5,1 ^b	448±9,3 ^a	423±7,4 ^a	<0,001
Atividade, min./d	329±4,5 ^b	300±5,5 ^a	345±9,9 ^b	382±7,9 ^c	<0,001

CB: *compost barn*; FS: *Free stall*; SI: semi-intensivo; PA: pastagens; P: Probabilidades.

O tempo de ócio foi maior ($P \leq 0,05$) no sistema FS (471 min./dia) em relação aos demais sistemas. Em sistemas FS os animais passam mais tempo deitados ou se alimentando, e menos tempo em pé ou caminhando (BEWLEY et al. 2017) o que condiz com o menor resultado encontrado, de 300 min./dia de atividade. Além disso, quando comparado ao sistema CB, a presença das contenções faz com que o animais se desloque menos, o que resulta em menor nível de atividade sem aumento dos níveis de ruminação, o que faz com que estes animais permaneçam por mais tempo em ócio. Uma das implicações é de que potencialmente, animais em sistema FS poderiam ter menores exigências de energia líquida. No entanto, não é de nosso conhecimento nenhum estudo que tenha avaliado tal variável nestes sistemas.

3.2. Interação semana × ano

A ruminação em vacas de lactação varia ao longo do dia e das semanas. Durante o dia, a ruminação segue um padrão cíclico, com picos mais intensos, ocorrendo após as refeições. Ao longo das semanas, as mudanças na dieta, no clima, e no manejo geram flutuações no comportamento de ruminação (PEITER et al., 2021). No ano de 2024, a ruminação apresentou maior instabilidade comparado ao mesmo período de 2023 (Figura 1). No ano de 2024, os animais vinham apresentando um maior nível de ruminação (475 min./dia na média das

4 primeiras semanas de avaliação). No entanto, no mês de maio, as taxas de ruminação caíram progressivamente, atingindo 444 min./dia na terceira semana de maio, o que mostra o impacto de alterações do ambiente (chuvas) no comportamento dos animais.

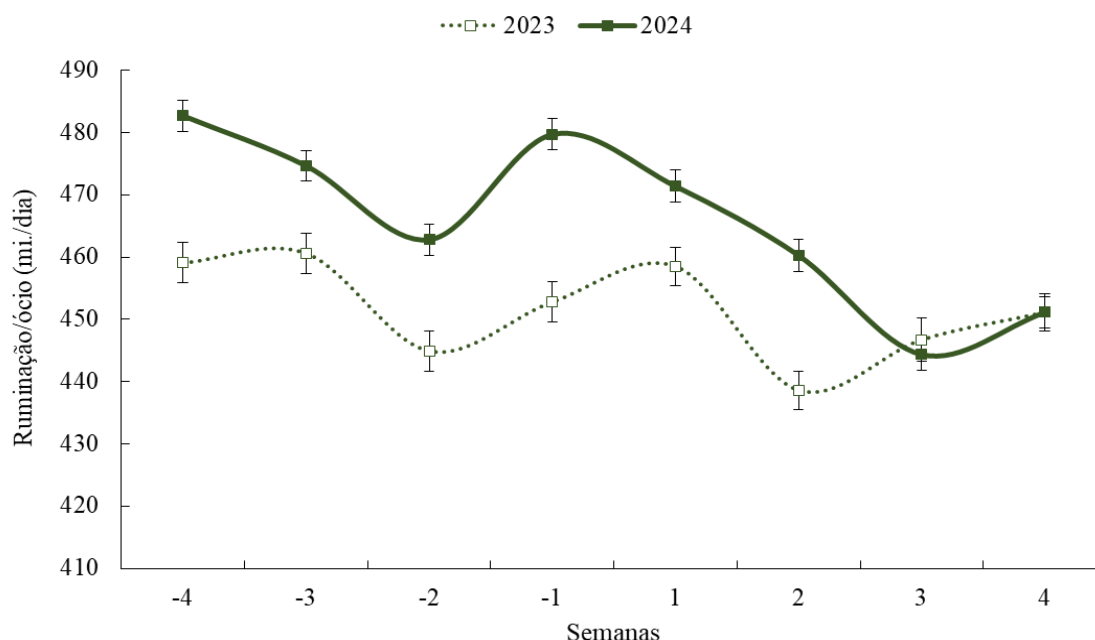


Figura 1. Desdobramento da interação entre semana e ano de avaliação sobre o tempo de ruminação

3.3. Interação sistema × ano

Houve interação entre os efeitos de sistema e ano de avaliação sobre os tempos de ruminação e de ofegação (Figura 2). No ano de 2024, o nível de ruminação foi no geral maior em 2024 do que em 2023. No entanto, a diferença entre os anos de avaliação foi maior nos sistemas de pastagens. Observando os dados pode-se observar que em 2024, as taxas de ruminação dos animais em PA vinham muito próximas àsquelas observadas nos sistemas de confinamento, o que pode refletir o consumo de uma dieta mais grosseira, especialmente nas semanas que antecederam os eventos climáticos. Além disso, em geral, o tempo de ofegação aumentou de 174 para 201 min. por dia. O tempo de ruminação pode ser diretamente associado ao desconforto dos animais. Este aumento de 15,5% na taxa de ofegação evidencia os desafios ambientais enfrentados pelos animais no ano de 2024.

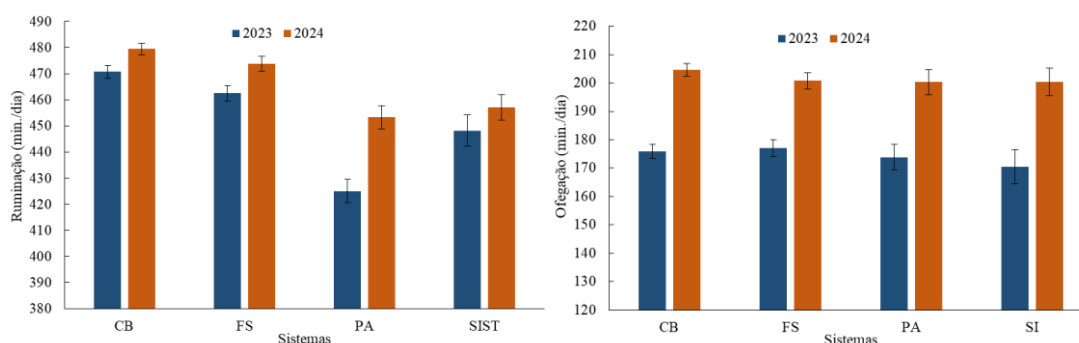


Figura 2. Desdobramento da interação entre os efeitos de sistema produtivo e ano de avaliação sobre os tempos de ruminação e ofegação

4.4. Interação sistema × semana × ano

Houve uma interação entre os efeitos de sistema de produção, semana e ano ($P < 0,001$) sobre as variáveis tempo de atividade (Figura 3) e ócio (Figura 4). Esta interação pode ser descrita como interação de grandeza pois houve ($P \leq 0,05$) efeito de sistema produtivo em todas as semanas de avaliação, tanto em 2023 quanto em 2024. No entanto, com o passar das semanas, no ano de 2023, a diferença entre os sistemas produtivos foi ficando cada vez menor. Nós acreditamos que esta redução da diferença entre os sistemas com o avançar das semanas nos meses de abril e maio possa ser atribuída à melhora das condições climáticas, o que tende a favorecer especialmente os animais nos sistemas de pastejo e semi-intensivo, reduzindo a diferença entre os sistemas. No entanto, no ano de 2024, devido ao evento climático ocorrido, as diferenças entre os sistemas persistiram a mesma, diferentemente do ocorrido em 2023.

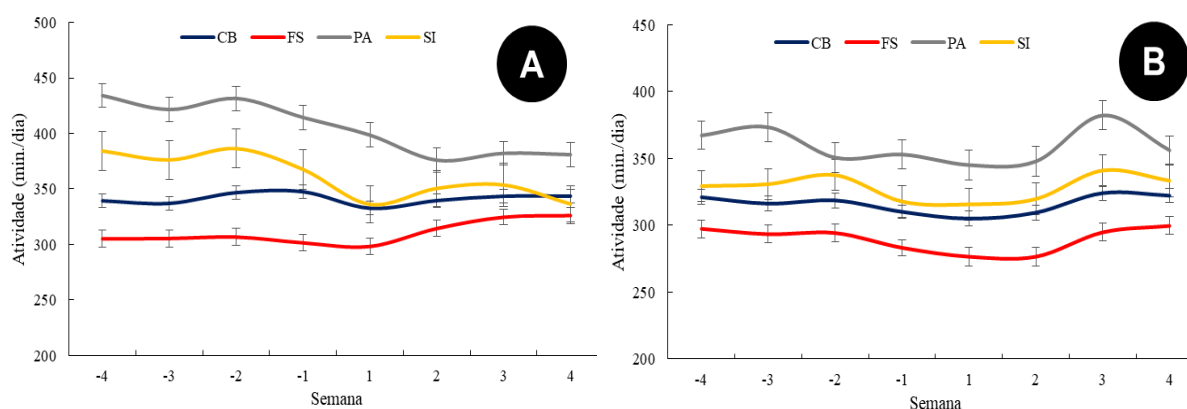


Figura 3. Efeito do sistema produtivo e da semana de avaliação sobre o comportamento de atividade de vacas leiteiras nos anos de 2023 (A) e 2024 (B)

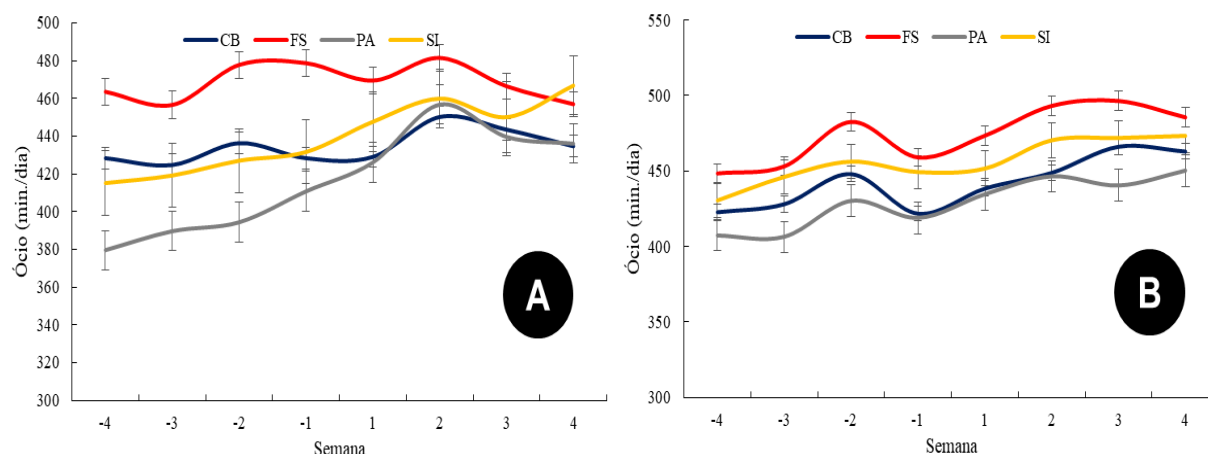


Figura 4. Efeito do sistema produtivo e da semana de avaliação sobre o comportamento de ócio de vacas leiteiras nos anos de 2023 (A) e 2024 (B)

De acordo com HOFFMAN et al. (2020) o estresse térmico leva a um aumento de atividade e tempo em pé de vacas leiteiras. No ano de 2024, a atividade dos animais entre os sistemas mostrou um padrão diferente nesse mesmo período. Nas semanas que antecedem as chuvas, a atividade dos animais foi mais estável e semelhante entre os sistemas. Após as chuvas, no entanto, há um aumento na atividade dos animais, sendo mais intenso para o sistema PA, refletindo um impacto maior das chuvas nas condições dos animais em pastejo.

O comportamento de ócio (Figura 3), se mostrou diferente entre os sistemas no ano de 2023, principalmente no início do período avaliado (semana -4 e -3). No sistema PA, o ócio apresentou o menor valor, no início do período avaliado, aumentando gradualmente até a segunda semana após as chuvas onde apresentou uma leve queda. Por outro lado, o sistema FS mostrou maior ócio ao longo deste período, devido aos animais passarem mais tempo deitados ou se alimentando, e menos tempo em pé ou caminhando, conforme mencionado anteriormente.

4. Considerações finais

A taxa de ruminação caiu após os eventos climáticos. De maneira geral, o tempo de ofegação aumentou em 15,5% em 2024, quando comparado com 2023. No

ano de 2023, com o passar das semanas, a diferença entre os sistemas no que se refere aos tempos de atividade e ruminação foi se reduzindo, o que não se repetiu no ano de 2024.

5. Referências bibliográficas

- ARDUANI, A et al. Reduced growth and nitrogen uptake during waterlogging at tillering permanently affect yield components in late sown oats. **Frontiers Plant Science**, v.10,2019. doi: 10.3389/fpls.2019.01087.
- ARNOTT, G et al. Review: welfare of dairy cows in continuously housed and pasture-based production systems. **Animal**, v.11, n.2, p.261-273, 2017. doi: 10.1017/S1751731116001336.
- BEWLEY, JM et al. A 100-Year Review: Lactating dairy cattle housing management. **Journal of Dairy Science**, v.100, n.12, p.10418-10431, 2017. doi: 10.3168/jds.2017-13251.
- CARVALHO, PCF et al. Avanços metodológicos na determinação do consumo de ruminantes em pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.151-170, 2007. doi: 10.1590/S1516-35982007001000016.
- CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA (CEPEA). **Boletim do Leite**. 2024. Piracicaba/SP: ESALQ/USP, n 347, ano 30.
- DAS, R et al. Impact of heat stress on health and performance of dairy animals: A review. **Veterinary World**, v.9, n.3, p.260-268, 2016. doi: 10.14202/vetworld.2016.260-268.
- DIONIZZIO, JAR et al. Occurrence of foot diseases in cattle attended at the Clínica de Bovinos de Garanhuns: Epidemiological, clinical, therapeutic and economic aspects. **Ciência Animal Brasileira**, v.23, 2022. doi: 10.1590/1809-6891v23e-72731E.
- HOFFMANN, G et al. Animal-related, non-invasive indicators for determining heat stress in dairy cows. **Biosystems Engineering**, v.199, p.83-96, 2020. doi: 10.1016/j.biosystemseng.2019.10.017.
- INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE (IPCC). **Summary for Policymakers. In: Climate Change: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change** [Core Writing Team, H. Lee and J. Romero (eds.)], Geneva, Switzerland, p. 1-34, 2023. doi: 10.59327/IPCC/AR6-9789291691647.001
- KAUFMAN, JD et al. Short communication: Relationships among temperature-humidity index with rectal, udder surface, and vaginal temperatures in lactating dairy cows experiencing heat stress. **Journal of Dairy Science**, v.101, n.7, p.6424-6429, 2018. doi: 10.3168/jds.2017-13799.

- LIU, J et al. Effects of heat stress on body temperature, milk production, and reproduction in dairy cows: a novel idea for monitoring and evaluation of heat stress - A review. **Asian-Australian Journal of Animal Science**, v.32, n.9, p.1332-1339, 2019. doi: 10.5713/ajas.18.0743.
- MANFIO, A.U. Milking frequency effect on rumination daily profile of dairy cows. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.55:4, e20240103, 2025.
- NEAVE, HW et al. Do Walking Distance and Time Away from the Paddock Influence Daily Behaviour Patterns and Milk Yield of Grazing Dairy Cows? **Animals**, v.11, n.10, p.2903, 2021. doi: 10.3390/ani11102903.
- PEITER, M et al. Association between early postpartum rumination time and peak milk yield in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v.104, n.5, p.5898-5908, 2021. doi: 10.3168/jds.2020-19698.
- RHOADS, ML et al. Effects of heat stress and plane of nutrition on lactating Holstein cows: I. Production, metabolism, and aspects of circulating somatotropin. **Journal of Dairy Science**, v.92, n.5, p.1986-1997, 2009. doi: 10.3168/jds.2008-1641.
- ROCHE, SM et al. Invited review: Prevalence, risk factors, treatment, and barriers to best practice adoption for lameness and injuries in dairy cattle—A narrative review. **Journal of Dairy Science**, v.107, n.6, p.3347-3366, 2024. doi: 10.3168/jds.2023-23870.
- SCHINGOETHE, DJ. A 100-Year Review: Total mixed ration feeding of dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v.100, n.12. p.10143-10150, 2017. doi: 10.3168/jds.2017-12967.
- TAZZO, IF et al. Condições meteorológicas ocorridas em maio de 2024 e situação das principais culturas agrícolas no estado do Rio Grande do Sul. **Comunicado Agrometeorológico**. 2024. Porto Alegre: n.70, p 6-30.
- VAN SOEST, P. J. **Nutritional ecology of the ruminant**. Cornell University Press, 1994.
- YADAV, B et al. Impact of heat stress on rumen functions. **Veterinary World**, v.6, n.12, p.992-996, 2013. doi:10.14202/vetworld.2013.992-996.

Autores

Francine B. Facco, Letícia M. Winck, Eduarda R. de Oliveira, Nathália M. Veronezi, Paola O. Selau, Duvan S. Bautista, Pamela I. Otto, Julio Viégas, Tiago A. Del Valle

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil

CAPÍTULO 6

Gênero *Paspalum*: potencialidades e perspectivas futuras

Juliana Medianeira Machado, Miguel Dall'Agnol, Carine Simioni, Roberto Luis Weiler, André Pich Brunes, Marlon Risso Barbosa, Larissa Arnhold Graminho, Fernando Forster Furquim, Paula Montagner

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c6>

Resumo

O gênero *Paspalum* destaca-se por sua importância na composição das áreas de pastagens naturais do continente americano. Possui diversidade genética e adaptabilidade a diferentes ecossistemas com, aproximadamente, 62 espécies com potencial forrageiro, compondo as pastagens nativas do Bioma Pampa. Estudos demonstram que muitos genótipos tem produção de forragem superior a cultivares comerciais disponíveis no mercado. A inclusão de genótipos em programas de melhoramento genético vem possibilitando a produção de híbridos intra e interespecíficos com produção e qualidade da forragem superior aos genitores e a cultivares comerciais. As avaliações encontram-se em estágio final para o lançamento de cultivares com o propósito de disponibilizar novas alternativas de forrageiras para a produção pecuária. Para que esse processo seja bem-sucedido, é essencial fortalecer uma etapa crucial que frequentemente é considerada secundária: a produção de sementes. Finalmente, se tudo isso não fosse suficiente para termos convicção da importância deste gênero, a sua conservação para as futuras gerações não é apenas uma opção, mas uma obrigação nossa para com as futuras gerações.

1. Introdução

O gênero *Paspalum* é nativo da América do Sul, e caracteriza-se por compor as áreas de pastagens nativas do continente americano, com cerca de 400 espécies tropicais e subtropicais (STRAPASSON et al., 2000). A diversidade genética associada a amplitude de distribuição geográfica favorece a adaptabilidade do gênero a diferentes ecossistemas, o que contribui para reduzir o risco de desequilíbrio biológico, com a manutenção do gênero em variadas condições ambientais (STRAPASSON et al., 2000).

Nas pastagens nativas do Bioma Pampa, localizadas no estado do Rio Grande do Sul (RS), o gênero ocupa lugar de destaque fazendo parte de todas as formações campestres que dão suporte à pecuária gaúcha (WELKER & LONGHI-WAGNER, 2007). Destaca-se a presença de, aproximadamente, 62 espécies com potencial forrageiro e passíveis de inserção na matriz agrícola para fins variados (VALLS & POZZOBON, 1987).

Ao longo dos anos, estudos com o gênero *Paspalum* estão abordando temáticas que envolvem a identificação de espécies (VALLS & POZZOBON, 1987; BOLDRINI, 2006), dinâmica de crescimento (MACHADO et al., 2013; SANTOS et al., 2013; SANTOS et al., 2014; CONFORTIN et al., 2016; SEIBERT, 2019), agrupamento por tipologia funcional (QUADROS et al., 2009), práticas que envolvem padrões de desfolha (CONFORTIN et al., 2016; SEIBERT, 2019), potencial para a produção de forragem e composição bromatológica (STEINER et al., 2017; GRAMINHO et al., 2019; MACHADO et al., 2019; MOTTA et al., 2020) e produção de sementes (SOUZA et al., 2024). Além disso, explora a seleção, cruzamentos e o melhoramento genético de espécies com potencial forrageiro (PEREIRA et al., 2011; FACHINETTO et al., 2012; PEREIRA et al., 2012; MOTTA et al., 2016; WEILER et al., 2018; SILVEIRA et al., 2023).

Os avanços obtidos a partir das pesquisas contribuem para a consolidação do gênero *Paspalum* a nível mundial e para a melhor compreensão das espécies na composição das pastagens nativas do Bioma Pampa. Almeja-se, futuramente, estender o uso de espécies na forma de pastagens cultivadas, a partir do lançamento comercial de novas cultivares de espécies do Bioma Pampa, caracterizadas por serem mais adaptadas as condições edafoclimáticas locais.

2. Desenvolvimento

2.1. Taxonomia e Distribuição

O gênero *Paspalum* está incluso na subfamília Panicoideae Link, na tribo Paniceae R. Br. e apresenta quatro subgêneros (CHASE, 1929; DENHAM, 2005):

- *Paspalum* subg. *Anachyris* (Nees) Chase constituído por seis espécies;
- *P.* subg. *Ceresia* (Pers.) Rchb. com 25 espécies;
- *P.* subg. *Harpostachys* (Trin.) S. Denham com 39 espécies;
- *P.* subg. *Paspalum* com cerca de 265 espécies.

O *P.* subg. *Paspalum* é dividido em 24 grupos informais (CHASE, 1929; DENHAM, 2005), sendo os grupos *Dilatata*, *Notata* e *Plicatula*, dentre outros, de grande interesse para as áreas de clima tropical (VALLS & POZZOBON, 1987).

O gênero *Paspalum* apresenta mais de 400 espécies tropicais e subtropicais, cuja importância é apoiada pela adaptação aos diferentes ecossistemas (STRAPASSON et al., 2000), sendo muitas das espécies originárias do Brasil, Paraguai, Uruguai e norte da Argentina. No Brasil são encontradas, cerca de 215 espécies nativas, sendo essas estoloníferas ou cespitosas, de pequeno ou grande porte, sexuais (autógamas ou alógamas ou apomíticas (obrigatórias ou facultativas, diploides ou poliploides) (CAVALLARI, 2020). A presença de variabilidade genética é fundamental para que as espécies sejam incluídas em programas de melhoramento com foco na obtenção de cultivares mais produtivas e de melhor valor nutritivo.

A taxonomia do gênero *Paspalum* está baseada, principalmente, na morfologia das espiguetas, cujos caracteres úteis são: forma, indumento, coloração e convexidade (RUA et al., 2008). As espécies deste gênero são caracterizadas morfológicamente por espiguetas de forma plano-convexa, dispostas unilateralmente sobre a ráquis, com o dorso do lema superior em posição adaxial, sendo a primeira gluma ausente ou de tamanho reduzido em comparação com a segunda (OLIVEIRA & VALLS, 2008). Tipos de inflorescência e formas de crescimento são diversificados em *Paspalum* (RUA & GRÓTTOLA, 1997) e também são utilizados em estudos taxonômicos. São observados vários modelos de forma de crescimento agrupados em anuais, perenes com colmos não ramificados, perenes com colmos ramificados e estoloníferos monopodiais (RUA & GRÓTTOLA, 1997).

Plantas do mesmo gênero, porém com características morfofisiológicas distintas, em geral, apresentam respostas diferentes aos fatores bióticos e

abióticos. Nesse sentido, conhecer os padrões de distribuição e as características taxonômicas das espécies de *Paspalum* torna-se essencial para a análise de potenciais aplicações de manejo de acordo com as espécies presentes nos distintos ecossistemas.

2.2. Espécies e cultivares de *Paspalum*

O Brasil é detentor de um acervo de espécies do gênero *Paspalum*, sendo mantido a partir de um Banco Ativo de Germoplasma de Forrageiras (BAG). Nesse contexto, destaca-se a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), por possuir o acervo em suas unidades localizadas nas distintas regiões do país. No sul do Brasil, o BAG está localizado na Embrapa Pecuária Sul, em Bagé, Rio Grande do Sul. O acervo de plantas contempla genótipos de *P. notatum* Flügge, a grama forquilha e *P. lepton* Schult., a grama cinzenta (ALELO, 2024). Já a Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo, destaca-se por realizar pesquisas visando à obtenção de novas cultivares de *Paspalum* para fins forrageiros ou cobertura vegetal. A unidade de pesquisa possui uma expressiva coleção de genótipos mantidos no BAG com, aproximadamente, 550 genótipos públicos, sendo o BAG com maior diversificação do mundo no que tange as espécies do grupo Plicatula, conservando mais de 270 genótipos de 12 espécies deste grupo (ALELO, 2024). Completando o acervo da Embrapa, também são mantidos genótipos do gênero *Paspalum* no BAG localizado na Embrapa Cerrados, em Planaltina Distrito Federal e no BAG de forrageiras nativas, implantado na fazenda Nhumirim, campo experimental da Embrapa Pantanal, que fica na sub-região da Nhecolândia, Pantanal de Corumbá, Mato Grosso do Sul.

Na tabela 1 são apresentadas algumas espécies do gênero *Paspalum* que possuem genótipos mantidos em Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa em diferentes regiões do Brasil.

Tabela 1. Número (Nº) de genótipos e distribuição das espécies do gênero *Paspalum* mantidos em Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa

Espécies	Nº	Distribuição Bancos Ativos de Germoplasma			
		ForSul ¹	<i>Paspalum</i> ²	ForCerrado ³	ForPant. ⁴
<i>Paspalum</i> (gr. notata) sp.	2		2		
<i>Paspalum atratum</i> Swallen	30		29	1	
<i>Paspalum compressifolium</i> Swallen	51	1	36	14	
<i>Paspalum conjugatum</i> P.J. Bergius	6		6		
<i>Paspalum conspersum</i> Schrad.	5		1	4	
<i>Paspalum conspersum</i> Schrader	12		12		
<i>Paspalum denticulatum</i> Trin.	5		5		
<i>Paspalum dilatatum</i> Poir.	69	59	10		
<i>Paspalum fasciculatum</i> Willd. ex Flüggé	11		3		8
<i>Paspalum glaucescens</i> Hack.	22		22		
<i>Paspalum guenoarum</i> Arechav.	29	3	20	6	
<i>Paspalum indecorum</i> Mez	6	1	5		
<i>Paspalum ionanthum</i> Chase	7	1	3	3	
<i>Paspalum jesuiticum</i> Parodi	5		5		
<i>Paspalum lenticulare</i> Kunth	41		32		9
<i>Paspalum leptum</i> Schult.	34	21	13		
<i>Paspalum malacophyllum</i> Trin.	6		6		
<i>Paspalum maritimum</i> Trin.	-		6	1	
<i>Paspalum nicorae</i> Parodi	1			1	
<i>Paspalum notatum</i> var. <i>saurae</i> Parodi	2		2		
<i>Paspalum notatum</i> Flüggé	77	27	50		
<i>Paspalum oteroi</i> Swallen	50		12		38
<i>Paspalum paniculatum</i> L.	4	1	3	1	
<i>Paspalum pauciciliatum</i> (Parodi) Herter	4	1	3		
<i>Paspalum plenum</i> Chase	3		3		
<i>Paspalum plicatulum</i> Michx.	79	2	57	17	3
<i>Paspalum pumilum</i> Nees	60	57	3		

<i>Paspalum</i>				
<i>redondense</i> Swallen	4		4	
<i>Paspalum regnellii</i> Mez	20	1	18	1
<i>Paspalum</i>				
<i>rhodopedum</i> L.B.Sm.; Wassh.	25		25	
<i>Paspalum rojasii</i> Hack.	6		6	
<i>Paspalum</i> sp.	133		49	84
<i>Paspalum urvillei</i> Steud.	123	116	7	
<i>Paspalum vaginatum</i> Sw.	3		3	
<i>Paspalum virgatum</i> L.	9		9	
<i>Paspalum wrightii</i> Hitchc.; Chase	5		1	4
<i>Paspalum</i> [gr. plicatula] sp.	31		31	

¹Banco Ativo de Germoplasma de Forrageiras do Sul, Embrapa Pecuária Sul; ²Banco Ativo de Germoplasma de Forrageiras de *Paspalum*; ³Banco Ativo de Germoplasma de Forrageiras para o Cerrado, Embrapa Cerrados; ⁴ Banco Ativo de Germoplasma de Forrageiras para o Pantanal, Embrapa Pantanal.

Fonte: ALELO- Sistema de Informação em Recursos Genéticos, 2024.

Apesar da manutenção dos genótipos das distintas espécies de *Paspalum* no Banco Ativo de Germoplasma e a expressiva participação dessas espécies compondo as áreas de pastagens nativas dos Biomas Pampa e o Pantanal, ocorre uma baixa disponibilidade de cultivares comerciais. Nesse contexto, destaca-se a cultivar (cv.) Pojuca (*P. atratum*) e a cv. Pensacola (*P. notatum*).

Paspalum atratum cv. Pojuca é nativo do Pantanal Sul- Mato-Grossense, trata-se da primeira cultivar de gramínea nativa que foi avaliada, selecionada e recomendada para uso formal na Região do Cerrado. É uma gramínea cespitosa de porte médio que apresenta tolerância ao alagamento e solos encharcados (RAMOS, 2002). De acordo com OBEID et al. (2011) a produtividade média anual de massa seca do capim-pojuca é de 10.000 a 15.000 kg ha⁻¹, podendo atingir até 26.000 kg ha⁻¹. Segundo os autores, a espécie concentra de 20% a 30% da produção anual de forragem no período seco e caracteriza-se por apresentar alta participação de folhas (85%) na composição da produção de forragem. Segundo COSTA et al. (2004), quando cultivado em parcelas submetidos a cortes mecânicos, o capim Pojuca produziu 60% mais que a *Urochloa humidicola* cv. Humidicola e 84% mais que a *Urochloa humidicola* cv. Llanero (*Dictyneura*). Com relação a composição bromatológica o capim Pojuca apresentou 68,1% e 71,6% de FDN, 39,0% e 41,1% de FDA, 26,6 e 28,4% de

celulose, respectivamente para plantas com três e seis semanas de rebrote (COSTA et al., 2004).

Juntamente com a cv. Pojuca, no Brasil a cv. Pensacola é uma das poucas alternativas de espécies de verão, perene, do gênero *Paspalum*, que possui sementes disponíveis no mercado (FACHINETTO et al., 2012). Sendo uma gramínea estival a fase de maior crescimento da cv. Pensacola ocorre durante a primavera e o verão, com crescimento reduzido ou nulo nos meses frios do ano (BURSON & WATSON, 1995). Apresenta hábito prostrado com estolões (com características de rizomas) que confere elevada resistência a pisoteio, a queimadas, a secas e a geadas, pode apresentar altura de 50 cm ou mais, as folhas são numerosas e agrupadas em volta da base com 5 a 25 cm de comprimento e de 3 a 8 mm de largura, planta rústica, com excelentes características forrageiras, estabelece-se com facilidade (FONTANELI et al., 2012).

Pesquisas tem demonstrado que a cv. Pensacola possui respostas positivas a fertilização nitrogenada conforme verificado por PONTES et al. (2016), que avaliaram esta cultivar a pleno sol ou sombra com doses de adubação de 0 a 300 kg de N ha⁻¹, e relatam produção de matéria seca de 8.000 kg de MS ha⁻¹ quando adubada com maior dose de nitrogênio e submetida a pleno sol, o que representa aumento de 45% na produção de matéria seca quando comparada ao nível sem adubação. SILVEIRA et al. (2015), verificaram que a cv. Pensacola sob níveis de adubação nitrogenada 0, 60 e 120 kg de N ha⁻¹ teve aumento linear na produção da produção de matéria seca, com valores de 6.977, 8.730 e 10.483 kg de MS ha⁻¹, respectivamente.

Apesar de resultados de produção de matéria seca positivos quando comparada e genótipos nativos e híbridos de *Paspalum* a cv. Pensacola possui valores de produção inferiores conforme demonstrado por GRAMINHO et al. (2017) que ao comparar genótipos e híbridos do gênero *Paspalum*, por meio de estudo meta analítico, verificou produção total de matéria seca da cv. Pensacola de 9.764 kg de MS ha⁻¹, sendo esse valor 97; 60; 27; 6,5 e 2,3% inferior as produções observadas para os híbridos de *Paspalum* (*P. guenoarum* X *P. plicatulum*), *P. guenoarum* e genótipos de *P. lepton*, *P. notatum* e *P. urvillei*, respectivamente. Dessa forma, o lançamento comercial de novas cultivares de

Paspalum é uma alternativa para promover diversificação de espécies forrageiras para inclusão nos sistemas de produção, reduzindo o uso de áreas com gêneros de espécies exóticas.

2.3. Produção forrageira e composição química

No Brasil as instituições de pesquisa trabalham com o intuito de demonstrar a capacidade que as espécies do gênero *Paspalum* têm em produzir forragem. Esta característica foi relatada em *P. guenoarum* e *P. lepton* por PEREIRA et al. (2011), sendo que 27 genótipos produziram no mínimo o dobro da matéria seca produzida pela cv. Pensacola (*P. notatum*), sendo que o genótipo mais produtivo atingiu 566 g linha⁻¹, que representou 144% a mais que a cv. Pensacola. FACHINETTO et al. (2012) também reportaram a maior produção de forragem de muitos genótipos de *P. notatum* e dois genótipos de *P. guenoarum* em comparação com esta cultivar, os autores destacaram que o genótipo de *P. guenoarum* denominado “Baio” foi o mais produtivo, totalizando 670 g planta⁻¹, enquanto a cv. Pensacola produziu 27 g planta⁻¹, ao longo do período experimental. STEINER et al. (2017) trabalhando com os genótipos de *P. notatum*, denominados “André da Rocha” e “Bagual”, além dos genótipos “Azulão” e “Baio” de *P. guenoarum* encontraram produções de matéria seca similares ou superiores a cv. Pensacola, em uma ordem de mais de 9.000 a 18.000 kg de MS ha⁻¹ (primeiro ano) e 6.000 a 11.000 kg de MS ha⁻¹ (segundo ano de avaliação). Neste mesmo sentido, PEREIRA et al. (2011), demonstraram que alguns genótipos de *P. guenoarum* e *P. lepton* produziram duas vezes mais que a cv. Pensacola. Neste trabalho, o acesso “Azulão”, de *P. guenoarum*, produziu 16.000 kg de MS ha⁻¹, confirmando o alto potencial produtivo desta espécie. Outra espécie de reconhecido potencial forrageiro é *P. dilatatum* que submetida a distintas formas de manejo envolvendo combinações de alturas e frequência de cortes, atingiu a máxima produção de matéria seca (2.123 g linha⁻¹) quando manejada com o intervalo entre cortes de 30 dias e mantido um resíduo de 10 centímetros (BARÉA et al., 2007).

Posteriormente, outros trabalhos com híbridos frutos de cruzamentos intra e interespecíficos de espécies do gênero *Paspalum* foram realizados, sobretudo, no Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia (DPFA) da

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e sustentaram a hipótese do potencial forrageiro deste gênero. MOTTA et al. (2016), trabalhando com híbridos interespecíficos (*P. guenoarum* x *P. plicatulum*) demonstraram que a totalidade dos híbridos testados obtiveram maior capacidade de produção de matéria seca em comparação com a cv. Pensacola, com destaque também para a maior tolerância ao frio. Em estudo comparando híbridos de *P. guenoarum* x *P. plicatulum* com o gênero *Megathyrsus*, foi observado que boa parte dos híbridos produziu mais forragem do que a cv. Aruana, atingindo as produções de matéria seca de 600 e 400 g linha⁻¹, respectivamente.

É importante ressaltar que as gramíneas do gênero *Paspalum* abrem um leque de possibilidades de manejo, tanto sob a forma de cultivares, quanto sob a forma de genótipos nativos do Bioma Pampa. GIORELLO et al. (2021), em um experimento com a cultivar INIA Sepé, de *P. notatum*, desenvolvida no Uruguai, ressaltaram esta afirmação ao concluir que esta cultivar possui uma ampla flexibilidade no manejo da desfolha, sendo que a altura pré corte não deve exceder 30 centímetros, como forma de garantir alta produção de forragem. Diferentes genótipos de *P. notatum* também foram testados através da aplicação de Nitrogênio por MACHADO et al. (2019), que encontraram respostas lineares e quadráticas para a característica produção de massa seca total, sendo que, dois destes genótipos produziram, aproximadamente, 20.000 kg de MS ha⁻¹, na dose de 360 kg de N ha⁻¹. Os autores afirmaram que todos genótipos testados responderam positivamente a este nível de fertilização. MOTTA et al. (2020), também observaram respostas positivas na produção de matéria seca, ao incremento de N em híbridos de *P. plicatulum* x *P. guenoarum*, bem como ao consórcio com leguminosas, fazendo com que os híbridos testados tivessem produção similar a uma aplicação de 120 kg de N ha⁻¹, este manejo também melhorou a qualidade da forragem produzida.

Alguns dos autores anteriormente citados também comprovaram que as espécies do gênero *Paspalum* são capazes de produzir forragem de qualidade (Tabela 2), com teores de proteína bruta adequados para espécies de rota metabólica C4, capaz de suprir as necessidades nutricionais de boa parte das categorias de bovinos de corte (NRC, 1996), tais como vacas prenhas e novilhas ou novilhos em fase de crescimento com adequados ganhos de peso (na ordem

de 0,8 kg dia⁻¹), confirmando a sua importância para a produção de proteína animal.

Tabela 2. Teor de Proteína Bruta de espécies do gênero *Paspalum* submetidos a diferentes tratamentos

Autores	Espécie	Componente morfológico	PB (%)
	<i>P. lepton</i>		
Pereira et al. (2011)	<i>P. notatum</i>	Lâmina foliar	16,4
	<i>P. guenoarum</i>		
Baréa et al. (2007)	<i>P. dilatatum</i>	Planta inteira	14,7
Costa et al. (2003)	<i>P. dilatatum</i>	Lâmina foliar	18,5
Steiner et al (2017)	<i>P. notatum</i> cv. Pensacola	Lâmina foliar	15,5

PB: proteína bruta.

2.4. Ecofisiologia e adaptação

As pesquisas com ecofisiologia vegetal tem resultado na compreensão da dinâmica de crescimento das principais espécies nativas, contribuindo para práticas de manejo que otimizam a quantidade de alimento colhido pelos herbívoros (MACHADO et al., 2013; SANTOS et al., 2013; SANTOS et al., 2014; CONFORTIN et al., 2016; SEIBERT, 2019). Destacam-se os estudos com morfogênese baseados na dinâmica de geração e expansão da planta no espaço e no tempo (LEMAIRE & CHAPMAN, 1996). Como ferramenta auxiliar é possível o agrupamento de gramíneas por tipologia funcional, a partir de atributos foliares (teor de matéria seca, área foliar específica e duração de vida das folhas). Essa metodologia é empregada para simplificar o manejo, devido à dificuldade de se obter respostas precisas pelo número expressivo de espécies (QUADROS et al., 2009).

Até o momento, as pesquisas com o gênero *Paspalum* estão relacionadas às espécies *P. notatum*, *P. plicatulum* e *P. urvillei*. *P. notatum* se destaca por ser bem adaptado ao pastejo (SEIBERT, 2019). Possui alta taxa de aparecimento

de folhas com valor médio de 0,0049 folhas grau-dia⁻¹ (SANTOS et al., 2014) a 0,0074 folhas graus-dia⁻¹ (MACHADO et al., 2013), baixo filocrono com valores de 135,1 graus-dia (MACHADO et al., 2013) a 234,7 graus-dia (SANTOS et al., 2014) e baixa duração de vida das folhas com valores de 704,5 graus-dia (MACHADO et al., 2013) a 1427,0 graus-dia (SANTOS et al., 2013), resultando em alta renovação foliar. Essas características permitem que a espécie seja submetida a eventos de desfolhas frequentes e sob alta taxa de lotação animal (CONFORTIN et al., 2016; SEIBERT, 2019). Enquadra-se nas tipologias funcionais A e B, e caracteriza-se por ser uma espécie de captura de recursos e maior reciclagem interna de nutrientes (QUADROS et al., 2009). Estudos demonstram que a aplicação de 100 kg de N ha⁻¹ na estação de verão (MACHADO et al., 2013) e de 200 kg de N ha⁻¹ na estação de outono (SANTOS et al., 2013) não foram suficientes para promover diferenças na dinâmica de crescimento da espécie.

P. urvillei possui alta taxa de aparecimento de folhas (0,080 folhas graus-dia⁻¹) e baixo filocrono (184 graus-dia) (QUADROS et al., 2005) e enquadra-se na tipologia funcional B, sendo uma espécie de captura de recursos e alta reciclagem interna de nutrientes (MARQUES et al., 2020). Estudo com *P. urvillei* demonstrou que níveis de adubação de 100 e 150% da recomendação de fósforo (P) e potássio (K) proporcionou incrementos na taxa de aparecimento de folhas (QUADROS et al., 2005). Além disso, a espécie apresentou filocrono semelhante ao do azevém (*Lolium multiflorum* L.), confirmando a potencialidade de crescimento da espécie nativa.

P. plicatulum caracteriza-se por apresentar baixa taxa de aparecimento de folhas (0,0035 a 0,0058 folhas graus-dia⁻¹) (MACHADO et al., 2013; SANTOS et al., 2014), alto filocrono (172,4 a 325 graus-dia) (MACHADO et al., 2013; SANTOS et al., 2014) e alta duração de vida das folhas (1257 a 1603,0 graus-dia (SANTOS et al., 2013; SANTOS et al., 2014). Desse modo, é classificada na tipologia funcional C e, caracteriza-se, por ser uma espécie de conservação de recursos e menor reciclagem interna de nutrientes (QUADROS et al., 2009), o que resulta na necessidade de um maior intervalo de tempo entre pastejos.

As espécies do gênero *Paspalum* abordadas possuem alta contribuição na composição da forragem disponível e consumida pelos herbívoros em áreas

de pastagens naturais do Bioma Pampa. A partir dos resultados fica evidente que área com predomínio de *P. notatum* e *P. urvillei* podem ser utilizadas com um menor intervalo de dias entre pastejos, já as áreas com o predomínio de *P. plicatulum* necessitam de um maior intervalo de dias entre pastejos, respeitando a dinâmica de crescimento das espécies.

Em 2014 e 2015, foi conduzido um experimento em pastagens nativas pertencentes à Embrapa Pecuária Sul, com diferentes regimes de pastejo, onde *P. notatum* teve maior cobertura em áreas manejadas sob os métodos de pastoreio rotativo (13,5%) e contínuo (11,0%), quando comparado a uma área de exclusão de pastejo (0,3%). Por outro lado, sua altura teve resposta inversa, sendo maior na exclusão (6,5 cm) que em áreas manejadas com pastoreio rotativo (4,4 cm) e contínuo (4,3 cm). Ainda que tenha havido um incremento de 49% na sua altura, não foi eficiente para *P. notatum* aumentar sua cobertura na área, sugerindo que seu potencial de captura e uso de recursos é limitado em áreas que mantêm dosséis forrageiros maiores, dado que a altura do dossel foi de 43 cm, 16 cm e 13 cm, respectivamente, na exclusão, pastoreio contínuo e pastoreio rotativo.

P. notatum também possui variações nos seus atributos funcionais quando em presença de fogo, conforme resultados obtidos em experimento de longa duração com diferentes manejos de vegetação nativa em Santiago/RS. Foram avaliadas respostas de atributos funcionais de *P. notatum* em dois manejos: fogo com exclusão total de pastejo e queima anual no fim do inverno (fogo); e pastejo com exclusão total de fogo (pastejo). Após seis anos consecutivos de queimas controladas foram obtidos valores de teor de matéria seca foliar e área foliar específica. Os resultados mostraram que o teor de matéria seca foliar e a área foliar específica foram de, respectivamente, 50,3% e 19,5 mm²mg⁻¹ no fogo, enquanto no pastejo foram de, 81,0% e 14,7 mm²mg⁻¹. Tais resultados indicam que *P. notatum*, ao aumentar o teor de matéria seca foliar, reduziu a intensidade do fogo, enquanto, ao aumentar a área foliar específica, reduziu os danos nos tecidos e órgãos pela menor liberação de calor durante a queima. Porém, mesmo variando os atributos funcionais *P. notatum* não teve sua cobertura aumentada, sendo observado valores de 1,9% e 27,6%, respectivamente, nos tratamentos fogo e pastejo.

As respostas ecofisiológicas das espécies supracitadas obtidas a partir de atributos funcionais e estruturais, mostram que o manejo da vegetação altera a performance das espécies. Esse conhecimento, associado à qualidade da forragem pode ser utilizado na proposição de manejos que visam aumentar a produtividade pecuária baseada a pasto.

2.5. Melhoramento genético

Devido à importância apresentada pelo gênero *Paspalum*, nestas duas últimas décadas, o Grupo de Melhoramento Genético de Forrageiras do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia (DPFA) da UFRGS intensificou seus estudos com as espécies *P. notatum* e *P. guenoarum*. Ambas as espécies possuem ampla diversidade genética e os genótipos nativos “Baio” e “Azulão” (*P. guenoarum*), “André da Rocha” e “Bagual” (*P. notatum*) possuem desempenho superior em termos de produção de forragem, a cv. Pensacola (*P. notatum*), de uso consolidado no Sul do país (PEREIRA et al., 2011; STEINER et al., 2017; WEILER et al., 2018). Tais genótipos foram coletados e serviram de base para o início do programa de melhoramento destas espécies.

Entretanto, essas espécies, são tetraploides ($2n=4x=40$) e se reproduzem através da apomixia. Esse modo de reprodução traz dificuldades para os programas de melhoramento, pois este mecanismo de reprodução impede a recombinação genética entre indivíduos com caracteres agronômicos desejáveis (ADAMOWSKI, 2005) e dificulta o registro e proteção varietal junto ao Ministério da Agricultura, já que para esse propósito, as plantas devem passar por etapas de cruzamentos, obtenção de genótipos híbridos, avaliações, seleção e novos ensaios a campo.

Novas oportunidades para o melhoramento do gênero foram viabilizadas através da duplicação cromossômica artificial de genótipos diploides ($2n=2x=20$) sexuais de *P. notatum* (QUARIN et al., 2001; WEILER et al., 2015) e de *P. plicatulum* (SARTOR et al., 2009). Assim, o nível de ploidia de genótipos sexuais compatíveis foi igualado ao dos genótipos apomíticos, tornando possível realizar hibridações em esquemas de cruzamentos, tanto inter quanto intraespecíficos, gerando plantas híbridas com maior variabilidade genética para testar seu

potencial produtivo e demais características de interesse. Assim como as avaliações agronômicas, análises citogenéticas são fundamentais nos programas de melhoramento. Por se tratar de cruzamentos entre genitores sexuais x apomíticos, tanto pais quanto progênes segregantes para modo de reprodução precisam ser avaliados quanto às condições reprodutivas. É fundamental a fenotipagem do modo de reprodução dos híbridos gerados para direcionar os genótipos dentro dos programas de melhoramento (ACUÑA et al., 2007; MILES, 2007). O modo de reprodução apomítico é controlado geneticamente (ORTIZ et al., 2013) e o modelo genético mais aceito da herança da apomixia em gramíneas é a dominância sobre a sexualidade e, devido à apomixia ser facultativa no gênero *Paspalum*, variáveis níveis de expressão da apomixia podem ser esperados entre gerações segregantes (ACUÑA et al., 2011; ZILLI et al., 2015). O método mais seguro para distinguir o sistema reprodutivo das plantas é através de análises citoembriológicas, na qual é possível observar a morfologia dos sacos embrionários e distinguir sacos apomíticos e sacos sexuais. Essas análises são realizadas a partir do preparo de amostras de flores coletadas e fixadas e que passam por um processo de dissecação de ovários que são clarificados e observados em microscópio de contraste interferencial para verificar as diferenças entre sacos embrionários. As plantas apomíticas apresentam sacos múltiplos, uma célula central binucleada (os núcleos polares) e sem a presença de antípodas. As plantas sexuais têm um saco embrionário por óvulo com antípodas (ACUÑA et al., 2009). As plantas apomíticas facultativas apresentam tanto flores com ovários apomíticos quanto sexuais. Não é raro que co-existam, dentro do mesmo ovário, sacos sexuais e apomíticos (QUARIN et al., 2001). Além deste, análises de comportamento meiótico e viabilidade polínica validarão os híbridos férteis e estáveis reprodutivamente para continuarem no programa de melhoramento, pois a estabilidade meiótica das plantas de reprodução sexual é decisiva para a escolha de genitores nos novos ciclos de cruzamentos. Também os genitores masculinos precisam ser avaliados quanto à viabilidade polínica para verificar se há grãos e pólen férteis o suficiente para os cruzamentos e a geração de novos híbridos (KRYCKI et al., 2016).

2.5.1. Histórico do programa de melhoramento em *P. notatum*

Em *P. notatum*, o trabalho iniciou em 2009; na primeira fase, ocorreu a indução de poliploidia (duplicação do número cromossômico) em plântulas e sementes da cv. Pensacola (diploide de reprodução sexual) tratadas com colchicina. Três plantas confirmaram número cromossômico tetraploide (WEILER et al., 2015), representando um grande avanço no programa, pois permitiram a abertura de novas perspectivas de estratégias de hibridações nesta espécie para promover a ampliação da variabilidade genética e, desta forma, buscar genótipos superiores para características agronômicas de interesse forrageiro. Em um trabalho paralelo, em colaboração com o IBONE (Instituto de Botânica del Nordeste), da Universidad del Nordeste Argentino, cidade de Corrientes, Argentina, foram obtidos três genótipos tetraploides sexuais (Q4188, Q4205 e C44X) que foram cruzados com os genótipos apomíticos tetraploides nativos, para obtenção de híbridos intraespecíficos. Os primeiros cruzamentos dirigidos dentro do programa de melhoramento da UFRGS foram realizados usando a metodologia descrita por BURTON, (1948) e adaptada por WEILER et al. (2018). A partir das sementes obtidas nestes cruzamentos, foi possível estabelecer em campo uma progênie híbrida composta de 198 plantas que foram avaliadas agronomicamente, em plantas individuais. Os híbridos mais produtivos (produção de massa seca total e de folhas) (WEILER et al., 2018) tiveram seu modo de reprodução analisado (WEILER et al., 2017) e foram selecionados para serem avaliados em repetições em linhas (BARBOSA et al., 2019). Ressalta-se que estes híbridos evidenciaram superioridade para caracteres agronômicos e têm potencial para substituir a cv. Pensacola. Novos cruzamentos foram realizados e os híbridos produzidos em sucessivos trabalhos, foram avaliados e selecionados quanto ao seu potencial produtivo (MACHADO et al., 2017; GHELLAR JÚNIOR et al., 2022; KRYCKI et al., 2022) e modo de reprodução (KRYCKI et al., 2020; MACHADO et al., 2021).

2.5.2. Histórico do programa de melhoramento em *P. guenoarum*

Através da indução a poliploidia, SARTOR et al. (2009) obtiveram uma planta tetraploide sexual de *P. plicatulum* denominada “4c-4x”. Posteriormente, foi realizado o cruzamento entre esta planta sexual e a cv. apomítica “Rojas” (*P.*

guenoarum). Os 23 híbridos interespecíficos obtidos foram avaliados quanto ao modo de reprodução (AGUILERA et al., 2011). PEREIRA et al. (2015a) fizeram testes a campo com estes híbridos, com o objetivo de verificar seu potencial genético para produção de forragem. Após essas avaliações, três genótipos sexuais foram selecionados. Também foram realizados cruzamentos entre *P. plicatulum* “4PT” x *P. guenoarum* genótipo “Azulão” e entre *P. plicatulum* “4PT” x *P. guenoarum* genótipo “Baio” que geraram híbridos que foram avaliados em ensaios a campo e tiveram seu modo de reprodução determinado. Foram selecionados quatro genótipos apomíticos devido a sua boa produção forrageira e tolerância ao frio em diferentes condições edafoclimáticas do RS (SARAIVA et al., 2021). Após, MOTTA et al. (2020) validaram dois desses híbridos apomíticos como promissores em novos experimentos e confirmaram a seleção, baseado em dados de produção de matéria seca, tolerância ao frio e eficiência do uso de nitrogênio no sistema. Novos ciclos de cruzamentos entre os híbridos interespecíficos selecionados e os genótipos nativos “Baio” e “Azulão” (*P. guenoarum*) estão sendo conduzidos para posterior avaliações e seleção dos mais produtivos, entre outras variáveis agronômicas.

2.5.3. Considerações sobre o programa de melhoramento genético

Com estes esquemas de cruzamentos, avaliações e seleção, tanto nos experimentos conduzidos com plantas híbridas intraespecíficas de *P. notatum* quanto com as progênies híbridas interespecíficas de *P. plicatulum* x *P. guenoarum*, espera-se selecionar materiais adaptados e, conseqüentemente mais competitivos, contribuindo para a diversificação das pastagens. Além das publicações citadas acima, diversos outros trabalhos descrevem a ocorrência de ampla variabilidade para características agronômicas de interesse forrageiro, através de avaliações de qualidade e produção forrageira de genótipos e híbridos de *Paspalum* (ACUÑA et al., 2011; FACHINETTO et al., 2012; PEREIRA et al., 2012; MOTTA et al., 2013; PEREIRA et al., 2015a; PEREIRA et al., 2015b; ZILLI et al., 2015; MOTTA et al., 2016; MOTTA et al., 2017; NOVO et al., 2017; PEREIRA, 2017; STEINER et al., 2017; MACHADO et al., 2019; MOTTA et al., 2020; MACHADO et al., 2021; SCIENZA et al., 2024; SOUZA et al., 2024).

As plantas apomíticas selecionadas passam por novas avaliações em ensaios estabelecidos em parcelas a campo para comprovação do valor agrônomo e tolerância ao frio. As plantas sexuais são utilizadas como genitores femininos em novos ciclos de cruzamentos, com o objetivo de gerar mais variabilidade para o programa de melhoramento do gênero. Com a obtenção de genótipos híbridos com alto potencial produtivo e resistentes ao frio, tendo tais características superiores fixadas pela apomixia, poderá se iniciar o processo de liberação de futuras cultivares. O mercado poderá então comercializar as sementes, pois esta representa uma nova alternativa forrageira com aumento de renda para o produtor, garantindo a sustentabilidade do ambiente, e podendo significar um incremento na produção pecuária.

2.6. Perspectivas futuras e considerações finais

O gênero *Paspalum* tem sido alvo de estudos por diversos grupos de pesquisa, tanto em nível nacional quanto internacional, devido à ampla variedade de espécies com potencial forrageiro, paisagístico e para a regeneração de ecossistemas campestres degradados. Entre os esforços para o desenvolvimento de cultivares forrageiras, destacam-se as iniciativas da Universidad Nacional del Nordeste (UNNE-Ar), do Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA-Uy), da University of Florida (UF - EUA), da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS – Br) e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa-Br). Atualmente, todas essas Instituições possuem projetos de colaboração conjunto, todas visando o mesmo objetivo: um maior conhecimento do gênero e a sua maior utilização no futuro. As principais espécies investigadas incluem *P. atratum*, *P. dilatatum*, *P. guenoarum*, *P. lepton*, *P. notatum*, *P. malacophyllum* e *P. plicatulum*, com outras espécies ainda em estágios iniciais de avaliação.

No que diz respeito ao desenvolvimento de cultivares para gramados, os principais centros de pesquisa são a UF, nos Estados Unidos, e a Embrapa Pecuária Sudeste no Brasil, ambos com cultivares de *P. notatum* disponíveis no mercado. A seleção de plantas para a revegetação de ecossistemas campestres degradados, embora ainda incipiente, é atualmente uma das áreas de pesquisa

destacadas pelo Grupo de Melhoramento de Plantas Forrageiras da UFRGS, com ênfase especial nas espécies *P. lepton* e *P. notatum*.

Os principais entraves no uso das espécies do gênero *Paspalum* estão relacionados às características de suas sementes. A baixa retenção de sementes nos racemos e o elevado percentual de espiguetas chochas limitam o rendimento de sementes puras no grupo Notata (RIOS et al., 2020; CHAMORRO et al., 2024; SOUZA et al., 2024) e no grupo Plicatula (CHAMORRO et al., 2024; SCIENZA et al., 2024). Além disso, também são relatados alto percentual de sementes dormentes e uma germinação lenta e desuniforme, que acabam por dificultar o estabelecimento de novas áreas por sementes, levando a maiores custos de implantação e de manejo de plantas infestantes.

Considerando que as dificuldades enfrentadas pelos diferentes grupos de pesquisa são semelhantes, suas investigações convergem para objetivos comuns. Nesse contexto, destacam-se algumas metas: aprimoramento na produção e qualidade das sementes; busca por herbicidas seletivos no controle de plantas daninhas; resistência a patógenos, especialmente aqueles que afetam as sementes; aplicação de novas técnicas voltadas ao melhoramento de plantas, tais como o desenvolvimento de marcadores moleculares e transformação gênica.

O recente sequenciamento do genoma de *P. notatum* (YAN et al., 2022) e as primeiras anotações genômicas realizadas por VEGA et al. (2024) evidenciam uma tendência crescente na pesquisa por marcadores moleculares para auxiliar no processo de seleção assistida. Além disso, um artigo publicado na **In Vitro Cellular & Developmental Biology – Plant** apresenta ferramentas valiosas para futuros trabalhos em engenharia genética e edição do genoma em *P. notatum* (NARANCIO et al., 2024). O aprofundamento dessas novas técnicas abre caminho para o desenvolvimento de cultivares superiores, editadas para expressão de características de interesse.

2.6.1. Perspectivas de mercado: Sementes para regeneração das pastagens naturais e para a implantação de pastagens cultivadas

O valor forrageiro do gênero *Paspalum* é reconhecido há muitos anos pelos pecuaristas do sul do Brasil, embora sua participação no mercado de sementes seja irrisória e conte apenas com a antiga cv. Pensacola, sem obtentor no país, e um cultivar de *P. atratum*, sem campo de multiplicação de sementes registrado desde 2015. Contudo, há uma tendência de maior participação de espécies, e híbridos de *Paspalum*, sobretudo nas regiões de clima subtropical, onde a incidência de geadas limita o uso de cultivares de *Megathyrsus* e *Urochloa*. O avanço de materiais híbridos, muito superiores a Pensacola, tanto em produção de forragem (MACHADO et al., 2017; WEILER et al., 2018; MACHADO et al., 2021), quanto na produção de sementes (SOUZA et al., 2024) tendem a ocupar o seu mercado atual, ao redor de 200 toneladas de sementes ano⁻¹, e abrir novos mercados anteriormente inexistentes, o mercado das forrageiras nativas.

A demanda por sementes de espécies nativas para recuperação de ecossistemas campestres e para a formação de pastagens cultivadas tem crescido consideravelmente, sobretudo no sul do Brasil. Apenas no Bioma Pampa, a vegetação campestre abarcava 68,8% do território do RS, atualmente ocupa menos de 30% (MAPBIOMAS, 2023), cujas principais causas de conversão de áreas de campo nativo são a silvicultura, a agricultura (VÉLEZ-MARTIN et al., 2015) e, em menor proporção atividades relacionadas a mineração. A exigência legal de elaborações de Planos de Recuperação de Áreas Degradadas (PRAD) solicitados por órgãos ambientais como parte do processo de licenciamento de atividades que degradam ou modificam o meio ambiente, ou ainda após uma propriedade ser punida administrativamente por causar degradação ambiental, traz a seguinte questão: quais sementes utilizar para recuperar ecossistemas campestres? Atualmente, infelizmente, não há uma única cultivar de espécie forrageira nativa para ser utilizada com essa finalidade. Não há dúvidas de que, não apenas as cultivares forrageiras do gênero *Paspalum* desenvolvidas para utilização de pastagens cultivadas, mas também aquelas desenvolvidas para fins de recuperação de áreas degradadas encontrarão um nicho de mercado em franca expansão.

Apesar dos avanços na taxonomia e citogenética e dos novos trabalhos moleculares, muito ainda está por ser feito. Assim, as análises taxonômicas, citogenéticas e genéticas devem ser mantidas, desvendando atributos, tanto dos genótipos já disponíveis, quanto daqueles a serem incorporados pelas expedições de coleta, planejadas a partir do minucioso conhecimento já existente e concentradas no enriquecimento adicional da variabilidade disponível das espécies de elite, para sua conservação, distribuição e uso eficiente.

A disponibilização de cultivares de forrageiras do gênero *Paspalum*, poderá proporcionar aos produtores de carne e leite dos estados do Sul, uma alternativa a mais para produção pecuária, incluindo a produção de produtos orgânicos e com denominação de origem controlada, agregando valor e de bem-estar para as famílias dos agricultores sulinos, proporcionando ganhos não apenas econômicos, mas também sociais e ambientais. Um dos melhores exemplos da possibilidade de utilização comercial de cultivares do gênero *Paspalum* foi descrita por COOK et al. (2024) na Austrália, onde as inúmeras vantagens de *P. lepton* como produção de forragem, qualidade e persistência foram ressaltadas.

Ao evitar a introdução desnecessária de recursos genéticos exóticos, não adaptados à nossa região e que aumentam o processo, já alarmante da erosão genética de nossos materiais nativos, reduz-se os custos de produção e o impacto ambiental decorrente da supressão da vegetação nativa. Um exemplo claro da influência negativa decorrente da introdução de espécies exóticas desconhecidas é o caso do Capim Annoni ² (*Eragrostis plana*) no RS (ZABALA-PARDO & LAMEGO, 2024), cuja distribuição aumenta a cada ano, sem que nenhuma estratégia de controle oficial seja adotada pelas autoridades competentes.

Para que esse processo seja bem-sucedido, é essencial fortalecer uma etapa crucial que frequentemente é considerada secundária: a produção de sementes. A produção, distribuição e uso de sementes melhoradas constituem um dos pilares da cadeia produtiva do agronegócio. A utilização dessas sementes como meio de propagação de espécies forrageiras é um marco significativo no desenvolvimento da pecuária, pois favorece a rápida

disseminação de novos materiais locais. Portanto, essa prática deve ser amplamente incentivada e divulgada.

Por fim, a extensa revisão bibliográfica apresentada destaca a importância do gênero em diferentes aspectos (ecossistema, diversidade genética, resistência, versatilidade, representatividade no Bioma Pampa), sendo uma obrigação nossa a sua preservação e conservação para que as gerações futuras possam utilizar essa forragem como estratégia na alimentação dos animais.

3. Referências bibliográficas

- ACUÑA, CA et al. Reproductive characterization of bahiagrass germplasm. **Crop Science**, v.47, n.4, p.1711-1717. 2007. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2006.08.0544>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.08.0544>.
- ACUÑA, CA et al. Bahiagrass Tetraploid Germplasm: Reproductive and Agronomic Characterization of Segregating Progeny. **Crop Science**, v.49, n.2, p.581-588. 2009. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2008.07.0402>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.07.0402>.
- ACUÑA, CA et al. Tetraploid bahiagrass hybrids: breeding technique, genetic variability and proportion of heterotic hybrids. **Euphytica**, v.179, n.2, p.227-235. 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s10681-010-0276-y>>. Acesso em: Set. 20, 2024. doi: 10.1007/s10681-010-0276-y.
- ADAMOWSKI, EDV. Chromosome numbers and meiotic behavior of some *Paspalum* accessions. **Genetics and Molecular Biology**. 2005. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/gmb/a/XvQCCdDnKdD7QjLctqYBwzD/#>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi: 10.1590/S1415-47572005000500020.
- AGUILERA, PM et al. Interspecific Tetraploid Hybrids between Two Forage Grass Species: Sexual *Paspalum plicatulum* and Apomictic *P. guenoarum*. **Crop Science**, v.51, n.4, p.1544-1550. 2011. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2010.10.0610>>. Acesso em: Set. 19, 2024. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.10.0610>.
- ALELO, A. Portal de Recursos Genéticos Vertente Vegetal. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2024. Disponível em: <<https://alelo.cenargen.embrapa.br>>. Acesso em: Set. 18, 2024.

- BARBOSA, MR et al. Acúmulo de forragem em híbridos de grama-forquilha em dois ambientes distintos no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.25, n.1/2, p.58-69. 2019. Disponível em: <<https://revistapag.agricultura.rs.gov.br/ojs/index.php/revistapag/article/view/31>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.36812/pag.2019251/258-69.
- BARÉA, K et al. Manejo de *Paspalum dilatatum* Poir. biótipo Virasoro. 1. Produção, composição química e persistência. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.992-999. 2007. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbz/a/pdyDwJ49Nf7jTcF8Tz8JcJR/>>. Acesso em: Out. 10, 2024. doi: 10.1590/S1516-35982007000500002.
- BOLDRINI, I. Biodiversidade dos campos sulinos. **Anais do I Simpósio de Forrageiras e Produção Animal. Ênfase: Importância e potencial produtivo da pastagem nativa**. Porto Alegre: Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia. UFRGS, p.11-24. 2006.
- BURSON, B; WATSON V. Bahiagrass, dallisgrass, and other paspalum species. In: (Ed.). **Forages**: Iowa State University Press Iowa, v.1, 1995., p.431-440.
- BURTON, GW. Artificial fog facilitates *Paspalum* emasculation. **Journal American Society Agronomy**, v.40, p.281-282. 1948. Disponível em: <<https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19481602272>>. Acesso em: Out. 05, 2024. doi: 10.2134/agronj1948.00021962004000030010x.
- CAVALLARI, MM. Banco Ativo de Germoplasma de Paspalum: Embrapa Pecuária Sudeste. In: (Ed.). In: PADUA, JG.; ALBUQUERQUE, MSM; MELLO, SCM. de (Ed.). **Bancos e coleções de germoplasma da Embrapa: conservação e uso. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2020.**, 2020. Banco Ativo de Germoplasma de Paspalum: Embrapa Pecuária Sudeste., 91p.
- CHAMORRO, LL et al. Flowering Periods, Seed Yield Components, Seed Quality, and Patterns of Seed Shattering in *Paspalum*: Effect of Taxonomy and Nitrogen Fertilization. **Plants**, v.13, n.17, p.2411. 2024. Disponível em: <<https://www.mdpi.com/2223-7747/13/17/2411>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi: doi.org/10.3390/plants13172411.
- CHASE, A. The north American species of *Paspalum*. In: (Ed.). In: **Systematic plant studies**: U.S. Gov. Print. Office, Washington, DC, v.28, 1929. The north American species of *Paspalum*, 310p.
- CONFORTIN, AC et al. Leaf tissue fluxes of Pampa biome native grasses submitted to two grazing intervals. **Grass and Forage Science**, v.72, n.4, p.654-662. 2016. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/gfs.12261>>. Acesso em: Set. 25, 2024. doi: 10.1111/gfs.12261.

- COOK, BG et al. *Paspalum lepton*-a valuable adjunct to the suite of grasses used in grazing systems in the subtropics or a potential weed. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v.12, n.3, p.124-141. 2024. Disponível em: <<https://www.tropicalgrasslands.info/index.php/tgft/article/view/1360>>. Acesso em: Out. 15, 2024. doi: 10.17138/tgft(12)124-141.
- COSTA, NDL et al. Germoplasma forrageiro para a formação de pastagens. In: **COSTA, N. de L. (Ed.). Formação, manejo e recuperação de pastagens em Rondônia.**, 2004. p.31-83.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL. **Nutrient requirements of beef cattle**: National Academy Press. 1996. 243p.
- DENHAM, SS. Revisión sistemática del subgénero Harpostachys de *Paspalum* (Poaceae: Panicoideae: Paniceae). **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v.92, n.4, p.463-532. 2005. Disponível em: <<https://www.jstor.org/stable/40035738>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi.
- FACHINETTO, JM et al. Avaliação agronômica e análise da persistência em uma coleção de acessos de *Paspalum notatum* Flüggé (Poaceae). **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.7, n.1, p.189-195. 2012. Disponível em: <<https://www.redalyc.org/pdf/1190/119023656025.pdf>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi: 10.5039/agraria.v7i1a1238.
- FONTANELI, RS et al. Gramíneas Forrageiras Perenes de Verão. In: (Ed.). In: **Forrageiras para integração lavoura-pecuária-floresta na Região Sul-Brasileira**, v.2, 2012. Gramíneas Forrageiras Perenes de Verão, p.265-269.
- GHELLAR JÚNIOR, I et al. Forage yield of tetraploid bahiagrass hybrids. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.28, n.1, p.94-110. 2022. Disponível em: <<https://revistapag.agricultura.rs.gov.br/ojs/index.php/revistapag/article/view/747>>. Acesso em: Set. 26, 2024. doi: 10.36812/pag.202228194-110.
- GIORELLO, D et al. Acúmulo de forragem, composição morfológica e valor nutritivo de *Paspalum notatum* cv. INIA Sepé. **Agrociencia Uruguay**, v.25, n.1, p.e348. 2021. Disponível em: <http://www.scielo.edu.uy/scielo.php?pid=S2730-50662021000101307&script=sci_abstract&tlng=pt>. Acesso em: Set. 24, 2024. doi: 10.31285/agro.25.348.
- GRAMINHO, LA et al. Nitrogen use efficiency and forage production in intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flüggé. **Chilean journal of agricultural research**, v.79, n.3, p.447-455. 2019. Disponível em: <https://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0718-58392019000300447&script=sci_arttext>. Acesso em: Set. 26, 2024. doi: 10.4067/S0718-58392019000300447.

- GRAMINHO, LA et al. Forage characters of different *Paspalum* species in Rio Grande do Sul: a meta-analysis. **Ciência Rural**, v.47, n.7, p.e20161049. 2017. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/VNgfqjLTgYkSBHXgJ7BYfnQ/?lang=en>>. Acesso em: Out. 05, 2024. doi: 10.1590/0103-8478cr20161049.
- KRYCKI, KC et al. Hybrid progenies of Bahiagrass: agronomic evaluation. **Scientia Agraria Paranaensis**, v.21, n.1, p.99-105. 2022. Disponível em: <<https://e-revista.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/29282>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi: 10.18188/sap.v21i1.29282.
- KRYCKI, KC et al. Cytoembryological evaluation, meiotic behavior and pollen viability of *Paspalum notatum* tetraploidized plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.282-288. 2016. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cbab/a/8ZjMwMnhBNh8KD4Yt5T67jw/?lang=en&format=html>>. Acesso em: Set. 28, 2024. doi: 10.1590/1984-70332016v16n4a43.
- KRYCKI, KC et al. Reproductive analyses of intraspecific *Paspalum notatum* Flüggé hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.20, p.e291620114. 2020. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cbab/a/SzqRWvyZrxvYgBzxnWb6B8H/?lang=en&format=html>>. Acesso em: Set. 30, 2024. doi: 10.1590/1984-70332020v20n1a14.
- LEMAIRE, G; CHAPMAN, D. Tissue flows in grazed plant communities: In: **The ecology and management of grazing systems**. Wallingford: CAB International. 1996. 3-37 p.
- MACHADO, JM et al. Agronomic evaluation of *Paspalum notatum* Flüggé under the influence of photoperiod. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.46, n.1, p.8-12. 2017. Disponível em: <<https://rbz.org.br/article/agronomic-evaluation-of-flugge-under-the-influence-of-photoperiod/>>. Acesso em: Set. 22, 2024. doi: 10.1590/s1806-92902017000100002.
- MACHADO, JM et al. Productive potential of superior genotypes of *Paspalum notatum* Flüggé in response to nitrogen fertilization. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.20, p.e03102019. 2019. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbspa/a/zdNmmGMmxrWcyGxcGmGxkfv/?lang=en>>. Acesso em: Set. 22, 2024. doi: 10.1590/S1519-99402003102019.
- MACHADO, JM et al. Reproduction mode and apospory expressivity of selected hybrids of *Paspalum notatum* Flüggé. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v.13, n.2, p.p. 58-63. 2021. Disponível em: <<https://academicjournals.org/journal/JPBCS/article-full-text/276A14B66566>>. Acesso em: Set. 25, 2024. doi: 10.5897/JPBCS2021.0948.
- MACHADO, JM et al. Morphogenesis of native grasses of Pampa Biome under nitrogen fertilization. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.42, n.1, p.22-29.

2013. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbz/a/PJTRBQR8cBNC9PHxPtCrf9h/?lang=en>>. Acesso em: Set. 25, 2024. doi: 10.1590/S1516-35982013000100004.
- MAPBIOMAS. **Coleção 7.1 de mapas anuais de cobertura e uso da terra do Brasil no período de 1985 a 2021**. 2023. Disponível em: <<https://brasil.mapbiomas.org/>> Acesso em: Out. 15, 2024.
- MARQUES, ACR et al. Leaf and root attributes as growth and phosphorus uptake determinants in two grass species from South America's natural grasslands. **Journal of Tropical Ecology**, v.36, n.6, p.275-281. 2020. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-tropical-ecology/article/leaf-and-root-attributes-as-growth-and-phosphorus-uptake-determinants-in-two-grass-species-from-south-americas-natural-grasslands/7AC5BF7196A6E85DA295970F00D97CBC?utm_campaign=shareaholic&utm_medium=copy_link&utm_source=bookmark>. Acesso em: Set. 30, 2024. doi: doi.org/10.1017/S026646742100002X.
- MILES, JW. Apomixis for Cultivar Development in Tropical Forage Grasses. **Crop Science**, v.47, n.S3, p.S-238-S-249. 2007. Disponível em: <<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2007.04.0016IPBS>>. Acesso em: Out. 02, 2024. doi: <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0016IPBS>.
- MOTTA, EAM et al. Forage performance of *Paspalum* hybrids from an interspecific cross. **Ciência Rural**, v.46, n.6, p.1025-1031. 2016. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/CLpMfgmjpW6FQYxFWwfBGnm/?lang=en>>. Acesso em: Out. 01, 2024. doi: 10.1590/0103-8478cr20150232.
- MOTTA, EAM et al. Valor forrageiro de híbridos interespecíficos superiores de *Paspalum*. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.1, p.191-198. 2017. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rca/a/mGjrgTdnfcYwWZXjCmXVBdH/?format=html&lang=pt>>. Acesso em: Out. 05, 2024. doi: 10.5935/1806-6690.20170022.
- MOTTA, EAM et al. Agronomic performance of interspecific *Paspalum* hybrids under nitrogen fertilization or mixed with legumes. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, v.3, n.1, p.e20127. 2020. Disponível em: <<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/agg2.20127>>. Acesso em: Set. 30, 2024. doi: <https://doi.org/10.1002/agg2.20127>.
- MOTTA, EAM et al. Associações entre caracteres forrageiros de espécies do gênero *Paspalum*. **Revista de la Facultad de Agronomía**, v.22, p.53-55. 2013. Disponível em: <<https://repo.unlpam.edu.ar/handle/unlpam/6135>>. Acesso em: Set. 30, 2024.
- NARANCIO, R et al. Tissue culture and high-efficiency transformation in an apomictic initial variety of *Paspalum notatum* Flügge. **In Vitro Cellular &**

- Developmental Biology-Plant**, v.60, p.412-421. 2024. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s11627-024-10434-z>>. Acesso em: Set. 23, 2024. doi: 10.1007/s11627-024-10434-z.
- NOVO, PE et al. Hybridization and heterosis in the Plicatula group of *Paspalum*. **Euphytica**, v.213, p.1-12. 2017. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-017-1983-4>>. Acesso em: Out. 12, 2024. doi: 10.1007/s10681-017-1983-4.
- OBEID, J et al. Gênero *Paspalum*. In: **FONSECA, DM; MARTUSCELLO JA. Plantas forrageiras**, 2011. p.131-165.
- OLIVEIRA, RCD.; VALLS JFM. Novos sinônimos e ocorrências em *Paspalum* L. (Poaceae). **Hoehnea**, v.35, p.289-295. 2008. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/hoehnea/a/krjrSPc4TMdfPzqwNzrtjy/?lang=pt&format=html>>. Acesso em: Set. 22, 2024. doi: 10.1590/S2236-89062008000200010.
- ORTIZ, JPA et al. Harnessing apomictic reproduction in grasses: what we have learned from *Paspalum*. **Annals of Botany**, v.112, n.5, p.767-787. 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/aob/mct152>>. Acesso em: Set. 29, 2024. doi: 10.1093/aob/mct152.
- PEREIRA, AV et al. BRS Kurumi and BRS Capiacu - New elephant grass cultivars for grazing and cut-and-carry system. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** p. 59-62. 2017 Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cbab/a/YhWtVmCn7Dm3Q8TxDtYgcZN/?lang=en>> Acesso em: Set. 29, 2024. doi: 10.1590/1984-70332017v17n1c9
- PEREIRA, EA et al. Variabilidade genética de caracteres forrageiros em *Paspalum*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.10, p.1533-1540. 2012. Disponível em: <<https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/12647>>. Acesso em: Set. 14, 2024. doi: 10.1590/S0100-204X2012001000017.
- PEREIRA, EA et al. Produção agrônômica de uma coleção de acessos de *Paspalum nicorae* Parodi. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.3, p.498-508. 2011. Disponível em: <<https://rbz.org.br/article/agronomic-production-of-a-collection-of-paspalum-nicorae-parodi-access/>>. Acesso em: Set. 14, 2024. doi: 10.1590/s1516-35982011000300006.
- PEREIRA, EA et al. Adaptabilidade e estabilidade em genótipos apomíticos do gênero *Paspalum*. **Ciência Rural**, v.45, n.8, p.1361-1367. 2015a. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/vFb5FKZwgygxmmRLqphdTWG/?format=html&lang=pt>>. Acesso em: Set. 22, 2024. doi: 10.1590/0103-8478cr20130102.
- PEREIRA, EA et al. Agronomic performance and interspecific hybrids selection of the genus *Paspalum*. **Científica**, v.43, n.4, p.388-395. 2015b. Disponível em:

<<http://cientifica.org.br/index.php/cientifica/article/view/753>>. Acesso em: Set. 23, 2024. doi: 10.15361/1984-5529.2015v43n4p388-395.

PONTES, LDS et al. Interactive effects of trees and nitrogen supply on the agronomic characteristics of warm-climate grasses. **Agronomy Journal**, v.108, n.4, p.1531-1541. 2016. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2134/agronj2015.0565>> . Acesso em: Set. 19, 2024. doi: 10.2134/agronj2015.0565.

QUADROS, FLF et al. A abordagem funcional da ecologia campestre como instrumento de pesquisa e apropriação do conhecimento pelos produtores rurais. In: (Ed.). **Campos Sulinos: conservação e uso sustentável da biodiversidade**.: Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 2009, p.206-213

QUADROS, FLF et al. Morfogênese de *Lolium multiflorum* Lam. e *Paspalum urvillei* steud sob níveis de adubação de fósforo e potássio. **Ciência Rural**, v.35, p.181-186. 2005. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/tmBSdVjSxWkMP6RPbgjr79L/?lang=pt>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.1590/S0103-84782005000100029.

QUARIN, CL et al. A rise of ploidy level induces the expression of apomixis in *Paspalum notatum*. **Sexual Plant Reproduction**, v.13, p.243-249. 2001. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s004970100070>>. Acesso em: Set. 21, 2024. doi: 10.1007/s004970100070.

RAMOS, AKB. **Avaliação agronomica de genotipos de *Paspalum* spp. no ambito dos Cerrados**. 2002. 288f. Tese. Faculdade de Ciencias Agrarias e Veterinarias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

RIOS, EF et al. Managing forage and turf-type bahiagrass for seed production. **Crop Science**, v.60, n.3, p.1569-1579. 2020. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/csc2.20146>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.1002/csc2.20146.

RUA, GH; GRÓTTOLAM. C. Growth form models within the genus *Paspalum* L.(Poaceae, Paniceae). **Flora**, v.192, n.1, p.65-80. 1997. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0367253017307557>> . Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.1016/S0367-2530(17)30755-7.

RUA, GH et al. Four new species of *Paspalum* (Poaceae, Paniceae) from Central Brazil, and resurrection of an old one. **Systematic Botany**, v.33, n.2, p.267-276. 2008. Disponível em: <<https://www.ingentaconnect.com/content/aspt/sb/2008/00000033/00000002/art00006>>. Acesso em: Out. 10, 2024. doi: 10.1600/036364408784571671.

SANTOS, ABD et al. Morfogênese de gramíneas nativas do Rio Grande do Sul (Brasil) submetidas a pastoreio rotativo durante primavera e verão. **Ciência Rural**, v.44, p.97-103. 2014. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cr/a/thFDNHFGjTLRTRhYxBSVWJf/?lang=pt&for>

mat=html>. Acesso em: Out. 08, 2024. doi: 10.1590/S0103-84782014000100016.

SANTOS, ABD et al. Características morfogênicas de gramíneas nativas do Sul do Brasil sob níveis de nitrogênio. **Ciência Rural**, v.43, p.503-508. 2013. Disponível em:

<<https://www.scielo.br/j/cr/a/qtW3jRmsQxVvSVjcrMbWBv/?lang=pt>>.

Acesso em: Out. 08, 2024. doi: 10.1590/S0103-84782013000300021.

SARAIVA, KM et al. Hybrids of *Paspalum plicatulum* × *P. guenoarum*: Selection for forage yield and cold tolerance in a subtropical environment. **Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales**, v.9, n.1, p.138-143. 2021. Disponível em:

<<https://www.tropicalgrasslands.info/index.php/tgft/article/view/504>>.

Acesso em: Set. 28, 2024. doi: 10.17138/tgft(9)138-143.

SARTOR, ME et al. Mode of reproduction of colchicine-induced *Paspalum plicatulum* tetraploids. **Crop Science**, v.49, n.4, p.1270-1276. 2009. Disponível em:

<<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2008.05.0270>>.

Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.2135/cropsci2008.05.0270.

SCIENZA, C et al. Seed yield and quality of interspecific hybrids of *Paspalum plicatulum* × *P. guenoarum* at different harvest times. **Crop Science**, v.64, n.2, p.697-709. 2024. Disponível em:

<<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/csc2.21197>>.

Acesso em: Set. 22, 2024. doi: 10.1002/csc2.21197.

SEIBERT, L. **Dinâmica do crescimento e utilização de gramíneas nativas do Rio Grande do Sul submetidas a dois intervalos de descanso entre pastoreios**. 2019. 75F. Tese. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

SILVEIRA, ML et al. Bahiagrass response and N loss from selected N fertilizer sources. **Grass and Forage Science**, v.70, p.154-160. 2015. Disponível em:

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/gfs.12078> Acesso em: Out. 10, 2024. doi:10.1111/gfs.12078.

SILVEIRA, DC et al. REML/BLUP methodology for selection intraspecific hybrids of *Paspalum notatum* Flüge by multivariate analysis. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.95, p.e20230137. 2023. Disponível em:

<<https://www.scielo.br/j/aabc/a/yZZcSxwTdBYCrKyBkqZTSGj/?lang=en>>

. Acesso em: Set. 20, 2024. doi: 10.1590/0001-3765202320230137.

SOUZA, CHL et al. Seed yield and quality of *Paspalum notatum* Flüge intraspecific hybrids. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.46, p.e62530. 2024. Disponível em:

<<https://www.scielo.br/j/asagr/a/wSRDWvNStqKTxfspr7f54FS/?lang=en#>>.

Acesso em: Set. 20, 2024. doi: 10.4025/actasciagron.v46i1.62530.

- STEINER, MG et al. Forage potential of native ecotypes of *Paspalum notatum* and *P. guenoarum*. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v.89, n.03, p.1753-1760. 2017. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/aabc/a/M6BmNDtQPrBWJwqmLXdBxXn/?lang=en>>. Acesso em: Out. 13, 2024. doi: 10.1590/0001-3765201720160662.
- STRAPASSON, E et al. Seleção de Descritores na Caracterização de Germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de Componentes Principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.2, p.373-381. 2000. Disponível em: <<https://rbz.org.br/article/selection-of-descriptors-for-paspalum-sp-germplasm-characterization-by-means-of-principal-components/>>. Acesso em: Out. 12, 2024. doi: 10.1590/s1516-35982000000200008.
- VALLS, J; POZZOBON, M. Variação apresentada pelos principais grupos taxonômicos de *Paspalum* com interesse forrageiro no Brasil. **Anais Encontro Internacional Sobre Melhoramento Genético de Paspalum**. 1987. 15-21 p.
- VEGA, JM et al. Chromosome-scale genome assembly and annotation of *Paspalum notatum* Flüggé var. sauræ. **Scientific Data**, v.11, n.891. 2024. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41597-024-03731-0>>. Acesso em: Set. 19, 2024. doi: 10.1038/s41597-024-03731-0.
- VÉLEZ-MARTIN, E et al. Conversão e fragmentação. In: (Ed.). In: . **PILLAR, VP; LANGE, O. Os Campos do Sul. Porto Alegre: Rede Campos Sulinos–UFRGS**,. 2015p.125-134.
- WEILER, RL et al. Intraspecific tetraploid hybrids of *Paspalum notatum*: agronomic evaluation of segregating progeny. **Scientia Agricola**, v.75, n.1, p.36-42. 2018. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/sa/a/4LKTZgYG8gQgCxbmfzdVRVk/?lang=en>>. Acesso em: Set. 19, 2024. doi: 10.1590/1678-992X-2016-0354.
- WEILER, RL et al. Determination of the mode of reproduction of bahiagrass hybrids using cytoembryological analysis and molecular markers. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.46, n.3, p.185-191. 2017. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbz/a/QVg89y6LLYRnt493md4D8CP/?lang=en>>. Acesso em: Set. 19, 2024. doi: 10.1590/S1806-92902017000300002.
- WEILER, R L et al. Chromosome doubling in *Paspalum notatum* var. sauræ (cultivar Pensacola). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.15, n.2, p.106-111. 2015. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/cbab/a/DLYfccTRjzSzfhKwVHkSTm/?lang=en>>. Acesso em: Set. 18, 2024. doi: 10.1590/1984-70332015v15n2n19.
- WELKER, CAD; LONGHI-WAGNER, HM. A família Poaceae no Morro Santana, Rio Grande do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de Biociências**, v.5, n.4, p.53-92. 2007. Disponível em: <<https://seer.ufrgs.br/index.php/rbrasbioci/article/view/114739>>. Acesso em Set. 15, 2024.

- YAN, Z et al. High-quality chromosome-scale de novo assembly of the *Paspalum notatum* 'Flugge' genome. **BMC genomics**, v.23, n.1, p.293. 2022. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-022-08489-6>>. Acesso em. doi: 10.1186/s12864-022-08489-6.
- ZABALA-PARDO, D; LAMEGO, FP. Biology of the invasive species *Eragrostis plana* in Southern Brazil: What have we learned and how may this help us manage it? **Weed Research**, v.64, n.2, p.107-118. 2024. Disponível em: Set. 14, 2024: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/wre.12615>>. Acesso em. doi: 10.1111/wre.12615.
- ZILLI, AL et al. Heterosis and Expressivity of Apospory in Tetraploid Bahiagrass Hybrids. **Crop Science**, v.55, n.3, p.1189-1201. 2015. Disponível em: <<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2014.10.0685>>. Acesso em Set. 14, 2024. doi: Set. 28, 2024: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.10.0685>.

Autores

Juliana Medianeira Machado¹, Miguel Dall'Agnol², Carine Simioni², Roberto Luis Weiler², André Pich Brunes², Marlon Risso Barbosa³, Larissa Arnhold Graminho⁴, Fernando Forster Furquim¹, Paula Montagner⁵

1. Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.
2. Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.
3. Faculdade de Veterinária, Universidad de la Republica de Uruguay, Montevideo, Uruguai.
4. Bolsista de Fixação de Recursos Humanos do CNPq – Nível B, Departamento de Produção Sustentável e irrigação, Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, Brasil.
5. Departamento de Microbiologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.

CAPÍTULO 7

Composição estrutural e estimativa de produção de pastagens de trigo submetidas a duas somas térmicas como intervalo de pastoreio

Paola de Oliveira Selau, Francine Basso Facco, Monique Evelyn de Lima Antunes, Tiago Antonio Del Valle, Julio Viégas

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c7>

Resumo

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma das principais forrageiras de inverno, essencial para garantir alimentação animal em períodos de vazio forrageiro. Com elevado valor nutritivo e boa palatabilidade, o trigo se destaca na alimentação de ruminantes. Para otimizar a produtividade e evitar a degradação das pastagens, estratégias de manejo como a aplicação da soma térmica, quando ajustada para os intervalos de pastejo conforme as necessidades térmicas da planta, pode melhorar a eficiência no uso da forragem, promovendo uma produção sustentável e de alta qualidade. Neste capítulo são discutidos os efeitos do manejo da soma térmica sobre a produção de cereais de inverno, além da diferença da composição bromatológica e estrutural de pastagem de trigo cv. XFront submetida a diferentes intervalos de pastoreio (330 e 550 graus-dia). As informações levantadas neste estudo mostraram que manejos com menor soma térmica, ou seja, com intervalo de descanso menor, resultaram na melhor qualidade nutricional da biomassa da forragem, por conta da maior renovação tecidual da planta aliada à menor senescência.

1. Introdução

No Brasil, aproximadamente 70% da área agrícola nacional é destinada a pastagens, totalizando cerca de 210 milhões de hectares (IBGE, 2022). A disponibilidade de forragem desempenha um papel fundamental na sustentabilidade e produtividade do setor agropecuário, sendo as forrageiras de

inverno, como aveia (*Avena sativa*), azevém (*Lolium multiflorum*) e trigo (*Triticum aestivum* L.), essenciais para a alimentação animal, assegurando a disponibilidade de forragem de alta qualidade em períodos de vazio forrageiro (FONTANELI et al., 2012).

As espécies forrageiras de inverno apresentam comprovado potencial produtivo. Ainda assim há uma redução significativa na disponibilidade de lâminas foliares ao longo de seu ciclo (COSTA et al., 2011; SOARES, 2020; VIANA et al., 2020). Para superar essa limitação, o trigo, principal cultura de inverno no Brasil, destaca-se como uma excelente opção de cultivo, possibilitando o pastejo e produção de grãos em um mesmo período. No entanto, a qualidade e a disponibilidade de forragem variam devido a fatores como variações climáticas e práticas de manejo inadequadas. A degradação das pastagens, que afeta cerca de 50% das áreas de pastagem no Brasil, reduz significativamente a produtividade, levando à necessidade de recuperação e renovação das áreas (DIAS-FILHO, 2007). Além disso, as mudanças climáticas, incluindo períodos de seca prolongada e eventos climáticos extremos, têm impactado a produção de forragem, exigindo a adoção de estratégias mais resilientes.

A adoção de manejos eficientes é essencial na busca da durabilidade e da eficiência das áreas de pastagem, além de otimizar a utilização dos recursos naturais (VILELA et al., 2007). Manejos como o ajuste da carga animal e o pastejo rotacionado contribuem para a manutenção da cobertura vegetal e evitam a degradação do solo, promovendo uma produção forrageira mais sustentável e economicamente viável (CARVALHO et al., 2010). Desta forma, manejos que permitam um controle mais preciso dos tempos e intervalos de pastejo, reduzindo os riscos associados ao pastoreio prematuro ou atrasado, possuem um papel importante dentro do sistema forrageiro (HARRISON et al., 2020).

Com relação ao desenvolvimento da pastagem de trigo, torna-se importante a compreensão dos manejos de pastoreio e como eles influenciam a produtividade e a qualidade da forrageira. Para ilustrar as atividades desenvolvidas ao longo destes estudos, este capítulo tem por objetivo descrever ensaios em que foram exploradas questões de manejo e posteriormente discutir

algumas questões metodológicas que têm sido destacadas em ensaios realizados nas instalações do Laboratório de Bovinocultura de Leite (LabLeite) da UFSM em associação com o Grupo de Estudo em Aditivos na Produção Animal (GEAPA).

2. Pastagem de trigo

O uso de pastagens de inverno é fundamental para garantir a continuidade da produção em períodos de vazio forrageiro. Espécies como aveia, azevém e trigo são amplamente utilizadas na alimentação dos animais, proporcionando forragem de alta qualidade que melhora a produtividade e a eficiência alimentar dos animais (FONTANELI et al., 2012).

O trigo ocupa o segundo lugar em termos de produção mundial de grãos e é a principal cultura de inverno no Brasil (FAO, 2022). Este cereal é amplamente reconhecido por sua elevada palatabilidade e excelente digestibilidade, tornando-se uma opção nutritiva e eficiente para a alimentação de ruminantes, especialmente em sistemas de pastejo durante o outono e o inverno (SILVA et al., 2018).

Anualmente, novas cultivares são lançadas no mercado, e caracterizar o crescimento e o desenvolvimento desses genótipos é importante para avaliar o seu desempenho agrônômico (DE ALMEIDA et al., 1999). Essas cultivares oferecem forragem de maneira mais precoce aos animais e, ao mesmo tempo, permite maximizar a exploração da cultura. Além disso, do ponto de vista alimentar, reduz problemas relacionados à baixa disponibilidade de forragem no início do período de outono e primavera, onde as espécies tradicionalmente utilizadas na alimentação animal têm baixa disponibilidade de massa para a prática do pastejo (FACCO et al., 2020). Conhecida por sua qualidade, o trigo contém altos níveis de proteínas e fibras, além de ser uma boa fonte de carboidratos (PIMENTEL et al., 2020). Apresenta elevados níveis de consumo (> 2,5% do PV) e de concentração de nutrientes digestíveis (> 80%) quando em estágio vegetativo, o que propicia um bom desempenho animal (FONTANELI et al., 2016).

A cultivar *XFront* desenvolvida exclusivamente para pastejo, é uma cultivar que se destaca pela elevada produção de matéria verde, com excelente qualidade nutricional e alta palatabilidade. Além disso, suporta a pressão de pastejo e pisoteio, com sistema radicular agressivo que auxilia na descompactação do solo (BIOTRIGO, 2023). Possui como características um ciclo tardio/super tardio, hábito de crescimento semi-prostrado com intenso perfilhamento e enraizamento agressivo, e boa resistência a doenças. Combinando valor nutritivo e resistência, a cv. *XFront* atinge teores de proteína bruta de 29% e matéria seca de 18%, teores de NDT de aproximadamente 70%, fibra em detergente neutro (FDN) de 38% e fibra em detergente ácido (FDA) de 25% (BIOTRIGO, 2023). Considerado um alimento de elevado valor nutritivo para ruminantes, em condições adequadas pode produzir entre 3 e 4 ton de MS/ha/ano (MNEZES & LEANDRO, 2004).

Contudo, estratégias de manejo, como a rotação de pastagens e o pastejo controlado, ajudam a otimizar o uso da forragem e prevenir o sobrepastoreio, garantindo que a pastagem mantenha sua qualidade ao longo da estação (CERETTA et al., 2009). Além disso, a determinação adequada da carga animal e a monitorização da altura da pastagem são cruciais para assegurar que a forragem seja consumida de maneira eficiente, evitando desperdícios (SILVA et al., 2019) por senescência ou morte foliar.

2.1. Estratégias de manejo

O manejo do pastoreio aplicado às pastagens influencia aspectos essenciais, como o crescimento da forragem, o acúmulo de resíduos e a compactação do solo. Por outro lado, práticas inadequadas, como o sobrepastoreio, podem levar à degradação da pastagem, reduzindo a sua capacidade produtiva (TEAGUE et al., 2013). A escolha do sistema de pastejo, seja ele contínuo ou rotacionado, juntamente com o ajuste da carga animal e a manutenção do equilíbrio entre a oferta e a demanda de forragem, são fundamentais para minimizar os impactos negativos e maximizar a eficiência do uso da terra (CARVALHO et al., 2010).

A implementação do sistema de pastejo contínuo, permite aos animais acesso constante a toda a área de pastagem, o que pode levar a uma utilização desigual da forragem e potencial sobrepastoreio, especialmente se não for bem manejado (TEIXEIRA et al., 2017). Por outro lado, manejos de pastejo rotacionado, onde os animais são movidos entre diferentes áreas de pastagem, permite um controle mais rigoroso sobre o tempo de pastejo e a recuperação das pastagens (LEMAIRE et al., 2014).

Ainda assim, considerando que a aceleração no desenvolvimento da planta, ou até mesmo seu atraso, é afetada diretamente pela temperatura do ar, o uso de estratégias de manejo alternativas, como a soma térmica (ST) como critério para determinar os intervalos de pastejos, permite ajustar o tempo de descanso da pastagem com base nas necessidades térmicas da planta, garantindo a máxima eficiência da cultivar (JUNIOR et al., 2018).

A soma térmica é definida como o acúmulo de temperaturas diárias acima de uma base térmica específica. Manejo que permite um controle mais preciso dos tempos e intervalos de pastejos, reduzindo os riscos associados ao pastoreio prematuro ou atrasado, que impacta negativamente na qualidade e produtividade da forragem (HARRISON et al., 2020).

A temperatura está associada à eficiência do processo metabólico envolvido na conversão em biomassa, pelo fato de alterar a plasticidade de diversas enzimas da planta. Segundo BONHOMME (2000), a conformação da enzima é passo essencial à reação na qual ela irá participar, sob baixas temperaturas, as enzimas não se tornam aptas a essas mudanças e sob altas temperaturas essas enzimas coagulam e uma nova estrutura é formada, não sendo capaz de catalisar tais reações. Em função disso, define-se uma faixa de crescimento e desenvolvimento de uma planta, cujos limites representam as temperaturas basais, inferior (T_{bi}) e superior (T_{bs}), e é nesse intervalo que se baseia o conceito de graus-dia (GD).

O conceito de graus-dia implica que existe uma temperatura-base, abaixo da qual o crescimento e desenvolvimento da planta é interrompido e, se houver, será em quantidade extremamente reduzida (BRUNINI, 1997). O uso de graus-dia admite uma relação linear entre o acréscimo de temperatura do ar e a taxa de desenvolvimento, a qual, apesar das restrições, permite determinar a

temperatura-base ou mesmo a duração das fases fenológicas das culturas (CAMARGO et al., 1987).

Segundo SOLTNER (2005), a temperatura basal inferior do trigo é de 0 °C, a temperatura ótima de desenvolvimento é de 20 °C e a temperatura basal superior é de 30 °C. A soma térmica diária (STd, °C dia) é calculada pelo método adaptado (GILMORE J; ROGERS, 1958; STRECK et al., 2007): $STd = Tmed - Tb$, onde Tmed é a temperatura média diária do ar, calculada pela média aritmética entre a temperatura mínima (Tmín) e a temperatura máxima (Tmáx) diária do ar; e Tb, Tot e TB são as temperaturas cardinais de aparecimento de folhas, temperatura base inferior, temperatura ótima e temperatura base superior, respectivamente (STRECK et al., 2003b).

Considerada uma ferramenta de gestão de pastagens, fundamental para otimizar o manejo e a eficiência produtiva e nutricional das forragens, essa abordagem não só reduz os riscos de degradação das pastagens, mas também maximiza o aproveitamento dos recursos naturais, aliada a estratégias de manejo, como o ajuste de carga e o uso de fertilizantes, contribuindo para uma produção mais responsável e adaptada às condições climáticas (CARVALHO et al., 2010; LEMAIRE et al., 2014).

3. Material e métodos

O experimento foi conduzido entre março e setembro de 2023 pelo Grupo de Estudo em Aditivo na Produção Animal (GEAPA), em área experimental de 1,8 ha, dividida em 6 piquetes. Foram testados dois tratamentos com diferentes somas térmicas: T1) 330 graus-dia e T2) 550 graus-dia, com três repetições, em um delineamento inteiramente casualizado com medidas repetidas no tempo. Foram 6 ciclos de pastoreio no T1 e 4 ciclos de pastoreio no T2, de acordo com o acúmulo de temperatura.

As somas térmicas foram definidas de acordo com a velocidade de emissão de folhas (VEF), por meio do filocrono, isto é, o intervalo de tempo de emissão entre duas folhas, com duração média de 110 graus-dia para o trigo (SOLTNER, 2005). Foram utilizadas vacas em lactação com peso corporal (PC) médio de 630 kg, de acordo com a disponibilidade de pastagem e a taxa de

lotação calculada no início de cada período de pastoreio. O início dos pastoreios foi definido pela altura da pastagem de 20 cm, já os pastejos seguintes foram estabelecidos de acordo com a ST, e a altura de saída estabelecida para todos os pastoreios foi de 10 cm.

As amostras de forragem foram coletadas no período pré-pastejo de cada ciclo, e submetidas à separação estrutural (trigo) e botânica, para estimativa das seguintes variáveis, porcentagem de folhas (PF), porcentagem de colmo (PC), porcentagem de material morto (PMM), porcentagem de outras espécies (POE), produção de matéria seca (PMS) e produção de matéria seca por ciclo (PMSC). A determinação da matéria seca (MS), matéria orgânica (MO), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), proteína bruta (PB) e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica (DIVMO) foi realizada no Laboratório de Bromatologia e Nutrição de Ruminantes (LABRUMEN) da UFSM. A análise estatística foi realizada com auxílio do programa estatístico SAS, e teste de comparação de médias de Tukey ao nível de significância de 5%.

4. Resultados e discussão

Em geral, o manejo da pastagem baseado na ST não afetou ($P > 0,05$) as concentrações de MS, MO e PB da forragem (Tabela 1). Esses resultados são consistentes com estudos que demonstram que o uso da ST, pode garantir a eficiência no manejo da pastagem sem prejudicar a composição nutricional (LEMAIRE et al., 2014). A estabilidade da MS observada entre os dois tratamentos de ST sugere que o trigo manteve um equilíbrio entre crescimento e desenvolvimento sem apresentar aumentos expressivos na senescência, o que poderia comprometer sua palatabilidade e digestibilidade (BRUNINI, 1997). Um estudo desenvolvido por FONTANELI et al. (2012), que avaliou o manejo de pastagens de trigo com base na ST, também observou que não houve diferenças significativas nos teores de MS e matéria orgânica (MO), mantendo a qualidade nutricional da forragem.

Tabela 1. Composição bromatológica de pastagem de trigo submetida a diferentes somas térmicas como intervalo de pastoreio

Item	Tratamentos			p - value
	330°	550°	DP	
MS (%)	14,37	14,12	6.78	0.14
MO (%)	11,45	10,54	4.82	0.06
PB (%)	28,82	28,78	6.18	0.20
FDN (%)	44,06	45,93	13.6	0.01
FDA (%)	19,42	21,78	11.2	0.01
DIVMO (%)	64,55	65,63	14.4	<0.001

DP = Desvio padrão

Os teores de PB (Tabela 1) são elevados e indicam o alto valor nutritivo da pastagem de trigo, especialmente em estádios vegetativos iniciais. Pastagens de trigo com altos teores de PB são reconhecidos por melhorar o desempenho de ruminantes em sistemas de pastejo (MANCIPE-MUÑOZ et al., 2021).

As variáveis FDN, FDA e digestibilidade da matéria orgânica (DIVMO) apresentaram diferença estatística significativa ($P < 0,05$) com teores mais elevados para o tratamento com 550 graus-dia de soma térmica (Tabela 1). SANTOS et al. (2016) verificaram que o aumento da ST impactou significativamente os teores de FDN e FDA em pastagens de inverno, com valores próximos a 45% de FDN e 20% de FDA em trigo, resultados semelhantes aos valores encontrados no presente estudo (Tabela 1), indicando que a maturidade da planta influencia os níveis de fibra conforme a ST aumenta. Além disso, o valor de FDN encontrado no tratamento com 550 graus-dia foi maior, provavelmente devido ao fato de que esta espécie apresentou maior massa de colmos (Tabela 2). De acordo com MERTENS (1994), a FDA indica a quantidade de fibra não digestível e seu teor deve estar em torno de 30% ou menos, pois estes níveis favorecem o aumento no consumo de matéria seca pelo animal. Além disso, notaram uma leve redução na DIVMO, com valores entre 64% e 66%, o que se assemelha aos resultados de digestibilidade observados em seu estudo.

Tabela 2. Componentes estruturais e produção (kg MS/ha) de pastagem de trigo

Item	Tratamentos			
	330°	550°	DP	p – value
PF (%)	59,61	54,26	6,67	0,15
PC (%)	21,42	27,73	5,95	0,12
POE (%)	11,72	8,17	14,0	0,09
PMM (%)	7,25	9,84	21,6	0,01
PMS (kg/ha)	10.950	7787	–	–
PMSC (kg/ciclo)	1750,3	1906,7	4	0,10

PF (porcentagem de folhas); PC (porcentagem de colmo+bainha); POE (porcentagem de outras espécies); PMM (porcentagem de material morto); PMS (produção de matéria seca/ha); PMSC (produção de matéria seca/ciclo produtivo); DP = Desvio padrão.

Com relação às variáveis de produção e composição estrutural, não foi observada diferença ($P > 0,05$) para as variáveis porcentagem de folhas (PF), porcentagem de colmo + bainha (PC) e porcentagem de outras espécies (POE) entre os tratamentos (Tabela 2). FONTANELI et al. (2012), ao estudar o comportamento de pastagens de inverno submetidas a diferentes graus-dia, observaram que a proporção de folhas diminui à medida que o acúmulo de graus-dia aumenta, devido ao avanço no desenvolvimento vegetativo e o alongamento do colmo. Os autores relataram uma redução na porcentagem de folhas de cerca de 60% para 54% conforme a ST aumentou. No presente estudo, a porcentagem de colmos aumentou de cerca de 22% para 27%, refletindo o estágio mais avançado de desenvolvimento do trigo, resultados semelhantes aos encontrados neste estudo. MARTINS et al. (2007) também verificaram um comportamento semelhante em pastagens manejadas em diferentes STs. Estes autores encontraram com o aumento da ST um aumento na participação de colmos, variando de 21% para 28%, e uma diminuição na proporção de folhas, que passou de 61% para 55%.

A variável PMM diferiu ($P = 0,01$) entre os tratamentos, com porcentagem média de 7,25% e 9,84%, respectivamente para 330 e 550 graus-dia. Silva et al. (2015), ao estudarem o acúmulo de material morto em diferentes sistemas de manejo de pastagens anuais, relataram que, com o avanço do ciclo fenológico

do trigo, o material morto aumentou significativamente, com valores médios de 8% a 10% em somas térmicas superiores a 500 graus-dia, conforme a planta avançava para fases de senescência, semelhante ao observado neste estudo.

A PMS média total foi de 10.950 e 7787 kg/MS/ha, respectivamente para 330 e 550 graus-dia. CARVALHO et al. (2006) relataram uma produção de MS total variando entre 8.000 e 12.000 kg/MS/ha em pastagens de trigo manejadas sob diferentes condições climáticas e de fertilização, com maior produção em ST entre 300 e 400 graus-dia, o que está em linha com os resultados encontrados para a ST de 330 graus-dia (10.950 kg/MS/ha). Além disso, em ST mais elevada (acima de 500 graus-dia), a produtividade apresentou uma tendência de redução, corroborando os valores observados para a soma térmica de 550 graus-dia. Martins et al. (2013) também observaram que a produção de MS de pastagens de trigo, sob diferentes manejos de corte, variava entre 9.000 e 11.500 kg/MS/ha para STs próximas de 300 a 350 graus-dia, com redução significativa da produção para cerca de 8.000 kg/MS/ha quando a ST aumentava para 550 graus-dia.

A PMSC não diferiu entre os tratamentos, com produção média de 1750,3 e 1906,7 kg/MS/ciclo respectivamente para 330 e 550 graus-dia. Em um estudo desenvolvido por MEINERZ et al. (2011) os autores documentaram que, em pastagens de trigo, a produção de MS por ciclo variava entre 1.800 e 2.100 kg/MS/ciclo, dependendo da intensidade do manejo e da ST.

5. Considerações finais

Levando em conta que a temperatura impacta a morfogênese, verificou-se que o tratamento com menor ST, ou seja, com intervalo de descanso menor, resultou na melhor qualidade nutricional da biomassa de trigo, por conta da maior renovação tecidual da planta aliado à menor senescência, o que proporciona melhor aproveitamento pelos animais. O retorno ao pastoreio com uma ST menor, aproximadamente três vezes o filocrono da cultura, permitiu o aumento na produção de MS total e a redução da senescência da cultura. Nesta frequência de pastoreio, deve-se assumir uma intensidade de pastoreio moderada, na qual os animais não devem ser retirados da pastagem com uma

altura inferior a 10 cm. Isso demonstra que o trigo responde as duas frequências de pastejo com aumento no perfilhamento, devido, possivelmente, à quebra de dormência das gemas e maior entrada de luz no dossel forrageiro o que permite acréscimo na fotossíntese e, conseqüentemente, na rebrotação e surgimento de novas plantas.

6. Referências bibliográficas

- BIOTRIGO, Nutrição Animal. **XFront** - Mix de cultivares de trigo para pastejo. [S. l.], 2023.
- BONHOMME, R. Bases sand limits to using degree-days units. **European Journal of Agronomy**, v13, p.1-10, 2000.
- BRUNINI, O. Probabilidade de cultivo do milho “safrinha” no Estado de São Paulo. In: Seminário sobre a cultura do milho “safrinha”, 4., Assis, 1997. Anais, Campinas: **Instituto Agrônomo de Campinas**, 1997, p. 37-55.
- CAMARGO, MBP. et al,. Temperatura-base para cálculo dos graus-dia para cultivares de soja em São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.22, n.2, p.115-121, 1987.
- CARVALHO, P. C. F. et al. "Sustainable Grazing Management in Pastures." **Grass and Forage Science**, v.65(1), p.1-18, 2010.
- CARVALHO, C.R. et al. "Produção de massa seca em pastagens de trigo sob diferentes manejos." **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.123-135, 2006.
- CERETTA, C. A. et al,. Estratégias para otimização do poder fertilizante dos dejetos e mitigação do impacto ambiental. **Simpósio Internacional Sobre Gerenciamento De Resíduos De Animais**, v.1, p.47-57, 2009.
- COSTA, V. G. da et al. Comportamento de pastejo e ingestão de forragem por novilhas de corte em pastagens de milheto e papuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.251-259, 2011.
- DE ALMEIDA, L. A et al. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, 1999.
- DIAS-FILHO, M. B. Degradação de pastagens: processos, causas e estratégias de recuperação. **Embrapa Amazônia Oriental**, 2007.
- FACCO JNM., et al. Consorciações alternativas para cultivar TBIO Lenox (*Triticum aestivum* L.) exclusivo para pastejo. **Vet. e Zootec.** v. 27, p. 001-011, 2020.

- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION (FAO). (2022). **The State of World Agriculture and Food Security**. FAO, Rome. p. 260.
- FONTANELLI, S.R. et al. (2016). A contribuição das forrageiras de inverno para a pecuária de leite. In: VILELA, D.; FERREIRA, R. de P.; FERNANDES, E. N.; JUNTOLLI, F. V. (Ed.). *Pecuária de leite no Brasil: cenários e avanços tecnológicos*. Brasília, DF: **Embrapa**. Cap. 5, p. 239-253, 2016.
- FONTANELLI, S.R. et al. (2012). *Forrageiras para integração lavoura-pecuária-floresta na região sul-brasileira*. 2. ed. - Brasília, DF : **Embrapa**, 2012. ISBN 978-85-7035-104-3.
- GARCIA, A. P., Machado, C. C., & Costa, K. A. P. Nitrogen fertilization and sowing density for dual-purpose wheat. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.22(3), p.162-167, 2018.
- GILMORE J.; Rogers J.. Heat units as a method of measuring maturity in corn. **Agronomy Journal**, v.50, p.611-615, 1958.
- HARRISON, R., Da Silva, D., & Hargreaves, S. "Optimizing Grazing Management Using Thermal Time Models: Implications for Forage Quality and Pasture Productivity." **Field Crops Research**, v.248, 107730, 2020.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). (2022). **Sistema de Contas Nacionais - Brasil: Contas do Meio Ambiente**. IBGE, Rio de Janeiro. v. 30, p. 37.
- INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE (IPCC). *Climate Change 2021 – The Physical Science Basis: Working Group I Contribution to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. **Cambridge University Press**; 2023.
- IPCC. 2023. *Climate Change (2023): Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II, and III to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [Core Writing Team, A. C. P. Skea, E. Calvo Buendia, et al.]*. IPCC, Geneva, Switzerland.
- JÚNIOR, F. S. S et al. Estimativa do filocrono e soma térmica do trigo duplo propósito em São Vicente do Sul. *Anais do 10º salão internacional de ensino, pesquisa e extensão - siepe*, v. 10, n. 2. **Universidade Federal do Pampa** - Santana do Livramento, 2018.
- LEMAIRE, G. et al. "Management of Pastures for Sustainable Animal Production." **Grass and Forage Science**, v.69(3), p.361-374, 2014
- MARTINS F. B. et al. Estimativa da temperatura-base para emissão de folhas e do filocrono em duas espécies de eucalipto na fase de muda. **Rev. Árvore**, v.31, p. 373-381, 2007.
- MARTINS, C. C. et al. "Produção de forragem de trigo sob diferentes manejos de corte." **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 5, p. 351-359, 2013.

- MANCIPE-MUÑOZ, E. A., et al. (2021). Productividad y valor nutricional de forraje de cebada y trigo del trópico alto colombiano. **Agronomía Mesoamericana**, [S.L.], p. 271-292, 1. Universidad de Costa Rica.
- MEINERZ, G. R., et al. Silagem de cereais de inverno submetidos ao manejo de duplo propósito. **Revista Brasileira de Zootecnia**, [S.L.], v. 40, n. 10, p. 2097-2104, 2011.
- MENEZES, L.A.S.Leandro, W.M. Avaliação de espécies de coberturas do solo com potencial de uso em sistemas de plantio direto. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.34, p.173-180, 2004.
- MERTENS, D. R. "Relationship of the NDF fiber system to the nutritional value of forages." **Journal of Dairy Science**, v.77, n.9, p.2767-2770, 1994.
- PIMENTEL, D. et al. Nutritional quality and digestibility of wheat forage for ruminants. **Journal of Animal Science**, v.98(5), 2020.
- ROSA, H. T. et al. Métodos de soma térmica e datas de semeadura na determinação de filocrono de cultivares de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 1374-1382, 2009.
- SANTOS, H. G. et al. "Qualidade da forragem de pastagens de inverno sob diferentes manejos." **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 45, n. 9, p. 515-524, 2016.
- SILVA, J. F., & Pereira, M. L. Utilização de cereais de inverno na alimentação de ruminantes: potencial nutritivo e estratégias de manejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.47(5), p.1-12, 2018.
- SILVA, S. C., et al., (2015). Ecophysiology of C4 forage grasses - understanding plant growth for optimizing their use and management. **Agriculture**, v. 5 (3), p. 598-625.
- SILVA, N. I. M. et al. Morphogenetic and structure characteristics of marandu grass subjected to grazing management strategies. **Biological Rhythm Research**, v.51(6), p.898-906, 2019.
- SOARES, A. B. et al. Mixed production of Alexandergrass and sorghum under nitrogen fertilization and grazing intensities. **Australian Journal of Crop Science**, v. 14, n. 1, p. 85-91, 2020.
- SOLTNER. Les grandes productions végétales céréalières, plantes sarclées-prairies. 20eme Ed, **Collection Sciences Techniques Agricoles**. 464p, 2005.
- STRECK, N. A. et al. "Efeito da temperatura sobre o desenvolvimento de plantas." **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 18, n. 2, p. 205-215, 2003.

- TEAGUE, W. R. et al. (2013). "Grazing Management Impacts on Vegetation, Soil Biota, and Soil Chemical, Physical, and Hydrological Properties in Tall Grass Prairie." **Agriculture, Ecosystems & Environment**, 174, 24-30.
- TEIXEIRA, J. R. et al. "Rotational Grazing Systems and Their Impact on Pasture Productivity." **Agricultural Systems**, v.156, p.10-18, 2017.
- VIANA, A. F. P. et al. Pastagens de milheto ou sorgo forrageiro para novilhos de corte em fase de crescimento. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 10, p. e069108377-e069108377, 2020.
- VILELA, L. Cerrado: uso eficiente de corretivos e fertilizantes em pastagens. Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2007. 224 p.

Autores

Paola de Oliveira Selau, Francine Basso Facco, Monique Évelyn de Lima Antunes, Tiago Antonio Del Valle, Julio Viégas

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil.

CAPÍTULO 8

Fezes e urina como indicadores da eficiência do uso de nutrientes por ruminantes em pastejo

Eduardo Bohrer de Azevedo, Eliana Bordin Dutra, Lucas Biscaglia Miranda, Eduarda Jahnke Kepplin

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c8>

Resumo

Os sistemas pastoris e a nutrição de ruminantes em pastejo são fundamentais para a sustentabilidade agropecuária, a eficiência no uso de recursos naturais e a busca por maior produtividade. Portanto, protocolos científicos que visem estudar suas particularidades nutricionais são de extrema importância. A mensuração de parâmetros nutricionais enfrenta desafios devido à variabilidade das pastagens e à dificuldade de medir diretamente esses parâmetros com animais em condições de pastoreio. As análises de fezes e urina emergem como ferramentas valiosas para estimar a eficiência do uso de nutrientes, sendo a análise fecal capaz de quantificar o consumo, a digestibilidade e a composição dietética. A coleta de fezes pode ser realizada por meio de bolsas coletoras ou coletas pontuais, enquanto indicadores como cromo e titânio são utilizados para estimar o volume fecal. O nitrogênio das fezes pode servir como indicador de consumo e digestibilidade. A espectroscopia de infravermelho próximo (NIRs) das fezes surge como uma técnica promissora para avaliar a composição fecal sem o uso de reagentes químicos. Já a análise urinária permite estimar a síntese microbiana e o balanço de nitrogênio, embora a coleta em pastejo seja desafiadora. O uso de derivados de purina na urina para estimar a eficiência ruminal e o consumo tem potencial para ser aplicado em projetos de pesquisa, além de explorar a relação entre excreção e impacto ambiental. As metodologias disponíveis, embora diversas, exigem uma escolha cuidadosa para que se adequem aos objetivos experimentais, possibilitando ajustes nutricionais e melhorias na produção agropecuária.

1. Introdução

Os sistemas pastoris e a nutrição de ruminantes em pastejo são fundamentais para a sustentabilidade da produção agropecuária. Esses sistemas promovem o uso eficiente dos recursos naturais, reduzindo custos. Além disso, a nutrição adequada dos ruminantes em pastejo busca garantir o aporte de nutrientes necessários para aumentar a produtividade.

A mensuração de parâmetros nutricionais de ruminantes em pastejo apresenta diversas dificuldades, considerando a variabilidade da composição nutricional das pastagens, que é influenciada por fatores naturais, como a fenologia da planta, as condições edafoclimáticas e as características das diferentes plantas forrageiras. Soma-se a isso a dificuldade de realizar mensurações diretas de parâmetros como a digestibilidade e, principalmente, o consumo diário de matéria seca.

Para estimar a eficiência do uso de nutrientes por ruminantes em ambientes pastoris, a análise das fezes e da urina se destaca como uma ferramenta valiosa, capaz de gerar informações sobre o uso dos componentes proteicos e energéticos ingeridos pelos animais (DEL VALLE et al., 2023; AZEVEDO et al., 2024). Com base nisso, o objetivo desta revisão é abordar as principais técnicas utilizadas para avaliações nutricionais de ruminantes em pastejo, por meio de análises fecais e urinárias, além de discutir aspectos práticos das coletas e os avanços nas metodologias.

2. Fezes

A dificuldade de quantificar e até mesmo estimar parâmetros nutricionais de ruminantes, especialmente em condições de pastejo, aliada à demanda por metodologias acessíveis, práticas e de baixo custo, tem incentivado estudos baseados na avaliação fecal, devido à facilidade de obtenção dessas amostras a campo. Dessa forma, por meio das fezes, é possível estimar parâmetros da composição da dieta (DIXON & COATES, 2009), assim como quantificar a quantidade diária ingerida de componentes nutricionais (CARVALHO et al., 2007).

As análises fecais, tanto em protocolos científicos quanto em nível produtivo, permitem estimar o consumo diário (KOZLOSKI et al., 2014), a digestibilidade (DAVID et al., 2014), a concentração e a quantidade de proteína bruta da dieta (AZEVEDO et al., 2024), a composição botânica da forragem (COATES & DIXON, 2007) e até mesmo o aproveitamento de minerais, principalmente o fósforo (DIXON & COATES, 2009). Essas variáveis podem ser medidas por meio de indicadores, análises químicas e espectroscopia (LEITE & STUTH, 1988; TOLLESON & SCHAFER, 2014).

2.1. Coleta de fezes de ruminantes em pastejo

A excreção fecal de ruminantes em pastejo pode ser obtida por meio de bolsas coletoras presas aos animais, permitindo a coleta total de fezes com poucos materiais laboratoriais. Para reduzir erros decorrentes da excreção irregular das fezes e da variação diária do comportamento ingestivo, a literatura recomenda um mínimo de cinco dias de coleta, considerando que o alimento leva horas para percorrer todo o trato gastrointestinal do animal. No entanto, o tempo de coleta adotado para experimentação com animais a campo é baseado em ensaios de digestibilidade in vivo, carecendo de estudos que investiguem o período ideal de coleta para animais em pastejo (PENNING, 2004; EZEQUIEL et al., 1995).

Na prática, observa-se um maior uso das bolsas coletoras para ovinos em detrimento de bovinos, pois os bovinos defecam um volume maior em razão do consumo, e a umidade das fezes é maior, o que pode resultar em perdas significativas. Dessa forma, enquanto para ovinos a frequência de esvaziamento das bolsas é de duas vezes ao dia, para bovinos essa frequência pode ser aumentada para três a quatro vezes, o que implica um maior manejo dos animais e, conseqüentemente, pode interferir no comportamento ingestivo, limitando o uso dessa metodologia para essa espécie. Além disso, o uso das bolsas é recomendado apenas em animais machos, para evitar contaminação pela urina (CARVALHO et al., 2007; PENNING, 2004).

Coletas pontuais e globais de fezes também podem ser realizadas; entretanto, sua principal diferença em relação à coleta total de fezes é que essas

dependem da utilização de um indicador externo, fornecido ao animal em dose conhecida (GONÇALVES et al., 2019). A coleta pontual de fezes é realizada diretamente da ampola retal do animal, onde, após estabilização do marcador ao longo do trato gastrointestinal, deve ser feita a coleta de fezes durante um período de cinco dias (GLINDEMANN et al., 2009). Contudo, um grande limitante diz respeito à oscilação do marcador ao longo do dia. Uma das alternativas propostas pela literatura é dosar os animais duas vezes ao dia, realizando a coleta pontual em dois momentos (PENNING, 2004).

Com o objetivo de reduzir a variabilidade oriunda do marcador e tornar o manejo menos invasivo para os animais, pode-se utilizar a técnica de coleta global. Ao dosar o indicador, pequenos marcadores plásticos cortados devem ser fornecidos, identificando cada animal por uma cor específica. Dessa forma, através da passagem pelo trato gastrointestinal, é possível realizar a coleta de fezes a campo, obtendo uma amostra mais representativa da excreção fecal diária (MINSON et al., 1960; PEYRAUD et al., 1996; AZEVEDO et al., 2024).

2.2. Indicadores para estimativa de volume fecal

Os indicadores usados em estudos de ciência animal são substâncias indigestíveis, presentes nos alimentos (indicadores internos) ou administradas aos animais (indicadores externos), que podem ser posteriormente identificadas e quantificadas em suas fezes (WARNER, 1981). Essas substâncias devem atender a alguns pré-requisitos, como: passar pelo trato digestivo inalteradas, não influenciar os processos fisiológicos no trato digestivo, fluir em taxa semelhante à do alimento ou nutriente investigado, ser totalmente recuperadas nas fezes ou, pelo menos, em taxa conhecida, além de permitir uma análise precisa e quantitativa (SALES & JANSSENS, 2003; PENNING, 2004).

Embora esses marcadores sejam amplamente utilizados em estudos nutricionais (MERCHEN, 1993), nenhum deles atende perfeitamente a todas essas características em diferentes espécies e categorias de animais, além de manejos alimentares variados. Portanto, é necessário estudar e conhecer as técnicas disponíveis, bem como os avanços nas metodologias a serem utilizadas, para estimar a produção fecal diária em ruminantes. Dentre os

indicadores externos mais utilizados, podemos destacar o cromo (Cr), o titânio (Ti) e o itérbio (Yb) (PENNING, 2004). O Cr foi muito utilizado em pesquisas há alguns anos, mas seu uso foi interrompido devido ao seu potencial deletério à saúde (DELAGARDE et al., 2010). Atualmente, o Ti tem sido usado mais amplamente, enquanto o Yb recebe menor destaque.

Baseando-se na possibilidade de uso de componentes indigestíveis da fibra, como a lignina em detergente ácido indigestível (LDAi), SALIBA et al. (2003) desenvolveram um indicador externo chamado LIPE®, feito de lignina isolada, purificada e enriquecida, extraída de eucaliptos (*Eucalyptus grandis*). Trata-se de um hidroxifenilpropano modificado que tem sido utilizado para estimar a produção fecal diária em diferentes espécies animais (LANZETTA et al., 2009; SALIBA et al., 2015). No entanto, ainda são necessários mais estudos de validação, e alguns resultados recentes apontaram baixa acurácia (AMARAL et al., 2022). Assim como o LIPE®, o polietilenoglicol, um indicador externo considerado para estimar com precisão a produção fecal total em ruminantes, como bovinos leiteiros (AHVENJÄRVI et al., 2018) e ovinos (HASSOUN et al., 2013), também pode ser analisado por espectroscopia de infravermelho, permitindo uma análise técnica não destrutiva, mais rápida, simples e sem uso de reagentes.

2.3. Indicadores para estimativa de digestibilidade

A estimativa da digestibilidade por meio de indicadores internos pode ser realizada com compostos indigestíveis, utilizando a relação entre suas concentrações na forragem e nas fezes, bem como pela técnica de índices fecais. Os indicadores internos são definidos como qualquer substância presente de forma natural no alimento, que pode ser quantitativamente medida por métodos químicos ou físicos disponíveis. Eles apresentam a vantagem de já estarem presentes no alimento e, de modo geral, permanecerem uniformemente distribuídos na digesta durante o processo de digestão e excreção (PIAGGIO et al., 1991).

Conforme mencionado, a técnica da relação baseia-se no fato de que a digestibilidade da forragem pode ser estimada pela relação entre a concentração

de um componente indigestível da planta (marcador interno) no alimento e a concentração desse mesmo componente nas fezes. De acordo com PENNING (2004), a técnica requer que o marcador permaneça inalterado ao longo da sua passagem pelo trato gastrointestinal, que possa ser quantitativamente recuperado nas fezes e que tanto a forragem quanto as fezes sejam acuradamente amostradas. Diversos componentes da forragem podem ser utilizados para esse fim, e muitos deles já foram pesquisados (BERCHIELLI et al., 2005; FERREIRA et al., 2009). Dentre os utilizados, destacam-se: n-alcanos, cinza insolúvel em ácido, cinza insolúvel em detergente ácido, lignina em detergente ácido indigestível, FDNi e FDAi.

No caso da técnica de índices fecais, ela se baseia na relação entre a concentração de um componente químico nas fezes e a digestibilidade da matéria orgânica (LANCASTER, 1949) ou até mesmo na relação direta entre a quantidade de uma substância nas fezes (em gramas) e o consumo de matéria orgânica. Nesse caso, o indicador interno não precisa ser indigestível e é medido apenas nas fezes. No entanto, a metodologia requer um ensaio convencional de digestibilidade em gaiolas de metabolismo, utilizando um alimento semelhante ao que será oferecido ao animal em pastejo, para que as relações entre o composto, a digestibilidade e o consumo sejam estabelecidas nas situações particulares. O componente químico mais utilizado para essa finalidade é o nitrogênio fecal, e vários estudos já avaliaram positivamente seu uso (WANG et al., 2009; AZEVEDO et al., 2014; DAVID et al., 2014). A principal crítica a essa técnica é que a relação entre o nitrogênio das fezes e o parâmetro nutricional avaliado pode não ser constante, variando de acordo com o sistema alimentar, o que demanda a construção de modelos regionais (COATES & PENNING, 2000). No entanto, alguns trabalhos verificaram a possibilidade de usar equações mais genéricas em relação a diferentes dietas (LUKAS et al., 2005; PERIPOLLI et al., 2011) e entre espécies animais (AZEVEDO et al., 2023).

2.4. Indicadores para estimativa de consumo

Baseando-se no fato de que o consumo pode ser avaliado pela divisão da produção fecal pela indigestibilidade do alimento, a estimativa de consumo pode ser feita pela determinação da produção total de fezes (em gramas) e pela

digestibilidade da dieta (PENNING, 2004). Acima, discutiu-se sobre diferentes técnicas para estimar o volume fecal e a digestibilidade, de forma que, ao combiná-las, será possível obter a estimativa de consumo. Um ponto negativo dessa abordagem é que erros acumulados nas técnicas utilizadas podem gerar dados com menor acurácia.

Alguns indicadores podem ser usados para estimar o consumo de forma direta. Os pesquisadores MAYES & LAMB (1984) propuseram o método dos n-alcanos como marcadores para estimar o consumo de matéria seca pelos animais. Este método estima o consumo a partir da relação entre as concentrações fecais de um n-alcano presente naturalmente na forragem (marcador interno) e outro n-alcano administrado por via oral (marcador externo). Os n-alcanos são um marcador satisfatório para medir a ingestão de matéria seca por ruminantes, conforme demonstrado em muitos estudos, como os de DOVE et al. (2002) e DE-STEFANI AGUIAR et al. (2013). No entanto, a principal limitação dessa abordagem é a subjetividade na amostragem de forragem (FERRI et al., 2008), uma vez que é necessário coletar uma amostra do pasto que está sendo ingerido pelo animal.

Além da possibilidade de uso como indicador de digestibilidade, a composição nitrogenada das fezes pode ser utilizada como metodologia para estimar o consumo de matéria orgânica. Nesse caso, assume-se que a quantidade de nitrogênio excretado nas fezes (em gramas por dia) é constante por unidade de consumo de matéria orgânica (LANCASTER, 1949). Essa premissa, proposta há alguns anos, tem sido avaliada positivamente em estudos com forrageiras temperadas (AZEVEDO et al., 2014), tropicais (DAVID et al., 2014) e forragens heterogêneas (AZEVEDO et al., 2024), envolvendo bovinos e ovinos (KOZLOSKI et al., 2018). Alguns estudos realizaram comparações entre o uso de n-alcanos e nitrogênio fecal para estimar o consumo e verificaram semelhanças entre os valores estimados (SAVIAN et al., 2018).

2.5. Medidas nutricionais via NIRs fecal

A espectroscopia no infravermelho próximo fecal (FNIRs) vem sendo utilizada e aprimorada para avaliar a composição das fezes e os atributos da

dieta de ruminantes em pastejo, considerando que 70% da variação na ingestão e digestibilidade pode ser explicada pelas fezes (HOLLOWAY et al., 1981; DUTRA et al., 2023). O NIRs permite uma rápida resposta, não depende do uso de reagentes químicos convencionalmente utilizados para análises bromatológicas e representa uma metodologia não destrutiva (PASQUINI et al., 2018).

A FNIRs possui grande potencial de aplicação, especialmente em sistemas alimentares heterogêneos, facilitando a tomada de decisões nutricionais por profissionais da área. Alguns trabalhos desenvolvidos em condições heterogêneas apresentaram bons resultados, como em campo nativo do Bioma Pampa, no Texas e em Israel (GINDRI et al., 2019; LEITE & STUTH, 1995; LANDAU et al., 2018).

Dessa forma, alguns parâmetros são mais frequentemente estudados e apresentam grande relevância para a nutrição, como a ingestão voluntária de matéria seca ou matéria orgânica (DECRUYENAERE et al., 2015; EBLING et al., 2018; PARRA-FORERO et al., 2023); a digestibilidade da matéria seca e da matéria orgânica (LEITE & STUTH, 1995; GINDRI et al., 2019); a concentração de proteína bruta da dieta (BOVAL et al., 2004; OLIVEIRA, 2019) e a proteína bruta das fezes (FALEIRO et al., 2019; YIMING XU et al., 2024).

3. Urina

Assim como a análise fecal, o estudo dos compostos eliminados pela urina é um potencial indicador nutricional para animais ruminantes em pastejo. A excreção urinária por ruminantes possibilita a estimativa de parâmetros como a síntese microbiana no rúmen e o balanço de nitrogênio (RODRIGUES et al., 2023), além da ingestão de matéria orgânica digestível (DAVID et al., 2015). Mais recentemente, a análise da urina tem sido fundamental em estudos que focam no impacto ambiental de animais ruminantes, por meio da avaliação da excreção de nitrogênio e do potencial de emissão de gases de efeito estufa derivados de locais de micção (LOMBARDI et al., 2022a).

3.1. Coleta de urina de ruminantes em pastejo

A amostragem de urina de animais em pastejo torna-se um desafio devido aos seus hábitos extensivos de ocupação das áreas de produção. Deste modo, sugere-se que as coletas de urina sejam realizadas de forma pontual, para análises pré-determinadas em estudos (CHEN et al., 2004).

Historicamente, os estudos com ruminantes mostraram que a excreção de derivados de purina pode fornecer um índice do fluxo de proteína microbiana. Essa metodologia é de fácil acesso e não invasiva, estimando valores do fluxo de nitrogênio microbiano em ruminantes. No entanto, requer a coleta total de urina, o que a torna mais complexa em sistemas pastoris, mesmo em condições de pesquisa. Alternativas incluem amostras de urina e sistemas de medição de creatinina (DEL VALLE et al., 2023).

Os estudos que visam a avaliação da excreção urinária diária buscam torná-la mais prática, minimizando ao máximo o impacto no bem-estar do animal, utilizando coletas pontuais de ruminantes em pastejo. No caso de bovinos, a coleta de urina em fêmeas é baseada na massagem vulvar, com uso de um recipiente para armazenar a amostra para posterior análise. Nos ovinos, uma abordagem que pode ser utilizada é a técnica de “pressão e alívio”, que consiste no manejo em que o responsável se aproxima e se afasta do animal repetidamente, até o momento da excreção e coleta da urina (GRANDIN, 1989). Nesse caso, uma pessoa com dois recipientes identificados para cada animal realiza a coleta de até dois animais por pressão e alívio.

3.2. Indicadores para estimativa de volume urinário

A quantificação da excreção urinária total é essencial para descrever processos como o balanço de nitrogênio e a ingestão de energia, além de estimativas da síntese de proteína microbiana (KOZLOSKI et al., 2005). No entanto, em condições de pastejo, a quantificação da excreção urinária é um processo trabalhoso e, na maioria das vezes, impraticável. Métodos indiretos para estimar a excreção urinária total têm sido sugeridos, como o uso da creatinina urinária (CHEN et al., 2004; DAVID et al., 2015) como uma alternativa para a coleta de urina total.

A creatinina é um metabólito formado no músculo pela remoção de água do fosfato de creatina, originando-se no metabolismo celular (HARPER et al., 1982). Como a creatinina é produzida diariamente e excretada de forma constante por quilograma de massa muscular do animal, é o marcador mais amplamente utilizado para estimar a excreção diária de urina. Além disso, seu uso não foi considerado influenciado pela ingestão de nutrientes e pela composição da dieta (VALADARES FILHO et al., 2007; DAVID et al., 2015). Por outro lado, LIU & McMENIMAN (2006) mostraram que podem ocorrer variações de acordo com a qualidade da dieta.

3.3. Indicadores urinários para estimativa da eficiência ruminal e do consumo

Embora a síntese de proteína microbiana ocorra no rúmen, sua mensuração in loco é complicada devido à grande heterogeneidade dos conteúdos digestivos e à dificuldade de estimar os fluxos de renovação microbiana, o que tem motivado, preferencialmente, a determinação da síntese microbiana em compartimentos pós-ruminais. Entretanto, a quantificação do fluxo de proteína microbiana pós-ruminal (abomaso ou intestino delgado) requer animais preparados com fístulas, o que levanta preocupações quanto ao bem-estar animal e pode afetar o consumo de matéria seca e o desempenho dos animais. Outra forma de estimar a síntese de proteína microbiana é por meio da excreção urinária de derivados de purina como indicador interno, um método não invasivo e com potencial de uso em nível comercial (TAS & SUSENBETH, 2007).

A excreção urinária de derivados de purina (alantoína, ácido úrico, hipoxantina e xantina) tem se mostrado eficaz para estimar o fluxo de proteína microbiana para o duodeno (CHEN et al., 1990; GONZALES-ROQUILLO et al., 2003). O princípio é que o fluxo duodenal de ácidos nucleicos e seus derivados é majoritariamente de origem microbiana, os quais são amplamente digeridos e absorvidos no intestino delgado, com as bases purinas metabolizadas em seus derivados e excretadas na urina (TOPPS & ELLIOT, 1965). Assim, o fluxo de nitrogênio microbiano pode ser estimado através do total de derivados de purina (DP) excretados na urina. É importante salientar que é necessário estimar o

volume urinário diário; por isso, as medidas de derivados de purina e creatinina são geralmente realizadas concomitantemente, na mesma amostra.

Além de serem utilizados nas estimativas de síntese de proteína microbiana, os derivados de purina podem ser aplicados nas estimativas de consumo de matéria seca e matéria orgânica total e digestível (GEORGE et al., 2007; DÓREA et al., 2017). A excreção de derivados de purina aumenta linearmente conforme o consumo se eleva (CHEN et al., 1992; ZHOU et al., 2018). Com o aumento da ingestão de proteína e matéria orgânica degradável no rúmen, ocorre uma maior síntese de proteína microbiana, resultando em um incremento na excreção de derivados de purina na urina. O aumento da síntese microbiana ruminal, por sua vez, leva a uma maior ingestão de matéria seca. Além das limitações mencionadas anteriormente, DÓREA et al. (2017) utilizaram abordagens metanalíticas para estimar a ingestão de matéria seca e a excreção endógena de derivados de purina em gado leiteiro e de corte, mas poucos estudos foram conduzidos com a mesma proposta em ovelhas (DAVID et al., 2015), o que demanda mais investigação.

4. Medidas de avaliação ambiental via fezes e urina

A emissão de gases de efeito estufa (GEE) na produção de ruminantes é composta pela deposição das excretas dos animais na superfície do solo. Dentre os gases emitidos, temos a emissão de dióxido de carbono (CO_2), metano (CH_4), óxido nitroso (N_2O) e volatilização de amônia (NH_3) que ocorrem naturalmente no solo devido aos processos bióticos e abióticos, como por exemplo, saturação de água no solo (ambiente anaeróbico), nitrificação, desnitrificação, amonificação, respiração de microrganismos dentre outros (LOMBARDI et al., 2022a; LOMBARDI et al., 2022b).

As dejeções de ruminantes possuem em sua composição, concentrações de carbono (C) e nitrogênio (N) disponíveis para emissões de GEE. As fezes recém depositadas no solo, são potencialmente produtoras de CH_4 em função do C solúvel, proveniente dos microrganismos metanogênicos presentes no trato gastrointestinal dos ruminantes. Por sua vez, a urina é potencial emissora de

N₂O pelas suas concentrações de N orgânico, e processos de nitrificação e desnitrificação (HAHN et al., 2018; LUO et al., 2017)

As emissões de GEE estão relacionadas com a composição da dieta dos animais, que pode ser influenciada de acordo com as concentrações de C e N das excretas. Ao observarmos o N₂O, em função do maior potencial de efeito estufa, os valores acumulados de emissão da urina de ruminantes, em animais suplementados são de 2.046 (N-N₂O µg N/m²/h) e de animais não suplementados 3.575 (N-N₂O µg N/m²/h). Da mesma forma, os fatores de emissões para urina de animais suplementados é menor, quando comparado ao de animais não suplementados, sendo 0,03% e 0,63%, respectivamente (MIRANDA et al., 2024; KEPPLIN et al., 2024).

5. Considerações finais

Primeiramente, é essencial destacar que a análise das fezes e da urina pode fornecer informações relevantes sobre a digestão e a absorção de nutrientes, permitindo identificar deficiências nutricionais e realizar ajustes na dieta. Do ponto de vista científico, existem várias metodologias disponíveis, cada uma com seus pontos positivos e negativos. Cabe ao pesquisador definir, de acordo com suas hipóteses e características experimentais, qual metodologia se encaixa melhor na proposta do projeto.

6. Referências bibliográficas

- AHVENJÄRVI, S. et al. Polyethylene glycol as an indigestible marker to estimate fecal output in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 5, 2018.
- AMARAL, G. A, et al. Purified and enriched lignin as a marker to estimate faecal output of sheep fed temperate and tropical grasses. **Livestock Science**, v. 263, 2022.
- AZEVEDO, E. B. et al. Can a Cattle and Sheep Mixed Model Based on Fecal Crude Protein Estimate the Feed Intake and Digestibility, Florianópolis, SC, 2023. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON THE NUTRITION OF HERBIVORES, 11., 2023, Florianópolis, SC. **Anais...** 11º International symposium on the nutrition of herbivores, 2023. V.14.
- AZEVEDO, E. B. et al. Use of faecal components as markers to estimate intake and digestibility of grazing sheep. **Livestock Science**, v. 165, n. 1, 2014.

- AZEVEDO, E. B. et al. Nutritional characteristics estimated by faecal protein in cattle fed with heterogeneous natural grassland. **Animal Production Science**, v. 64, n. 2, 2024.
- BERCHIELLI, T. T. et al. Comparison of markers used to estimate fecal production and digesta flow of cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 3, 2005.
- BOVAL, M. et al. Faecal near infrared reflectance spectroscopy (NIRS) to assess chemical composition, in vivo digestibility and intake of tropical grass by Creole cattle. **Animal Feed Science and Technology**, v. 114, 2004.
- CARVALHO, P. C. F. et al. Avanços metodológicos na determinação do consumo de ruminantes em pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, 2007.
- CHEN, X. B. et al. Excretion of purine derivatives by ruminants: endogenous excretion, differences between cattle and sheep. **British Journal of Nutrition**, v. 63, n. 1, 1990.
- CHEN, X. B. et al. Measurement and Application of Purine Derivatives: Creatinine Ratio in Spot Urine Samples of Ruminants. In: MAKKAR, H. P. S., CHEN, X. B., **Estimation of Microbial Protein Supply in Ruminants Using Urinary Purine Derivatives**. Berlin: Springer-Science+Business Media, 2004. p. 167-179.
- CHEN, X. B. et al. The effect of feed intake and body weight on purine derivative excretion and microbial protein supply in sheep. **Journal of animal science**, v. 70, n. 5, 1992.
- COATES, D. B.; DIXON, R. M. Faecal near infrared reflectance spectroscopy (F.NIRS) measurements of non-grass proportions in the diet of cattle grazing tropical rangelands. **The Rangeland Journal**, v. 29, 2007.
- COATES, D. B.; PENNING, P. Measuring animal performance. In: MANNETJE, L., JONES, R. M., **Field and laboratory methods for grassland and animal production research**. Wallingford: CABI, 2000. p. 353-402.
- DAVID, D. B. et al. Faecal index to estimate intake and digestibility in grazing sheep. **Journal of Agricultural Science**, v. 152, n. 4, 2014.
- DAVID, D. B. et al. Uso da creatinina urinária como marcador nutricional e de volume urinário em ovinos alimentados com forragem tropical ou temperada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 67, n. 4, 2015.
- DECRUYENAERE, V. et al. Prediction error and repeatability of near infrared reflectance spectroscopy applied to faeces samples in order to predict voluntary intake and digestibility of forages by ruminants. **Animal Feed Science and Technology**, v. 205, 2015.
- DELAGARDE, R. et al. Ytterbium oxide has the same accuracy as chromic oxide for estimating variations of faecal dry matter output in dairy cows fed a total

- mixed ration at two feeding levels. **Animal Feed Science and Technology**, v. 161, n. 3–4, 2010.
- DEL VALLE, T. A. et al. Purine derivatives and creatinine urine excretion as a tool to estimate sheep feed intake. **Animal Feed Science and Technology**, v. 301, 2023.
- DE-STEFANI AGUIAR, A. et al. Evaluating the statistical variation in estimating forage dry matter intake of grazing Brahman bulls using n-alkanes. **Journal of Agricultural Science**, v. 151, n. 1, 2013.
- DIXON, R.; COATES, D. Near infrared spectroscopy of faeces to evaluate the nutrition and physiology of herbivores. **Journal of Near Infrared Spectroscopy**, v. 17, n. 1 2009.
- DÓREA, J. R. R. et al. Urinary purine derivatives as a tool to estimate dry matter intake in cattle: A meta-analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 11, 2017.
- DOVE, H. et al. Factors influencing the release rate of alkanes from an intraruminal, controlled-release device, and the resultant accuracy of intake estimation in sheep. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 53, n. 6, 2002.
- DUTRA, E. B. et al. Modelos de classificação qualitativa para amostras de fezes de bovinos e ovinos via NIRS, Santa Maria, RS, 2023. In: JORNADA ACADÊMICA INTEGRADA, 38., 2023, Santa Maria, RS. **Anais...** 38ª Jornada Acadêmica Integrada, 2023.
- EBLING, F. R. et al. Uso do NIRS em amostras fecais para estimativa de parâmetros nutricionais de bovino, Santana do Livramento, RS, 2018. In: SALÃO INTERNACIONAL DE ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO, 10., 2018, Santana do Livramento, RS. **Anais...** 10º Salão Internacional de Ensino, Pesquisa e Extensão, 2018. V.10.
- EZEQUIEL, J. M. B. et al. Efeito do período de coleta sobre a digestibilidade de alguns nutrientes, em ensaios com ovinos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 24, n. 2, 1995.
- FALEIRO, E. A. et al. Development of fecal NIRS technology to support nutrition decision in pastoral systems, Porto Alegre, RS, 2019. In: SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA, 8., 2019, Porto Alegre, RS. **Anais...** Porto Alegre: Departamento de Diagnóstico e Pesquisa Agropecuária (DDPA), 2019.
- FERREIRA, M. A. et al. Evaluation of markers in ruminant trials: digestibility. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 8, 2009.
- FERRI, C. M. et al. Comparison of Four Techniques to Estimate Forage Intake by Rams Grazing on a Panicum coloratum L. Pasture. **Chilean journal of agricultural research**, v. 68, n. 3, 2008.

- GRANDIN, T. Behavioral principles of livestock handling. **The professional animal scientist**, v. 5, n. 2, 1989.
- GEORGE, S. K. et al. Effect of levels of feed intake on plasma concentration and urinary excretion of purine derivatives in crossbred bulls. **Journal of Animal and Feed Sciences**, v. 16, n. 1, 2007.
- GINDRI, M. et al., Comparison of methods to estimate crude protein and digestible organic matter content of diets ingested by free-ranging sheep. **Small Ruminant Research**, v. 178, 2019.
- GLINDEMANN, T. et al. Impact of grazing intensity on herbage intake, composition, and digestibility and on live weight gain of sheep on the Inner Mongolian steppe. **Livestock Science**, v. 124, n. 1–3, 2009.
- GONÇALVES, J, L. et al. Uso de marcadores para avaliação do consumo em ruminantes. **Nutritime Revista Eletrônica**, v. 16, n. 4, 2019.
- GONZALES-RONQUILLO, M. et al. Purine derivative excretion in dairy cows: endogenous excretion and the effect of exogenous nucleic acid supply. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 4, 2003.
- HAHN, J. et al. Dung application increases CH₄ production potential and alters the composition and abundance of methanogen community in restored peatland soils from Europe. **Biol Fertil Soils**, v. 54, 2018.
- HARPER, H. A. et al. **Manual de química fisiológica**. São Paulo: Atheneu, 1982. 736p.
- HASSOUN, P. et al. A method for estimating dry forage intake by sheep using polyethylene glycol as a faecal marker measured with NIRS. **Animal**, v. 7, n. 8, 2013.
- HOLLOWAY, J. W. et al. Relationship between fecal components and forage consumption and digestibility. **Journal of Animal Science**, v. 52, n. 4, 1981.
- KEPPLIN, E. J. et al. Fatores de emissão do óxido nitroso das fezes e da urina de ovinos pastejando azevém recebendo ou não suplemento, Santa Maria, RS, 2024. In: JORNADA ACADÊMICA INTEGRADA, 39., 2024, Santa Maria, RS. **Anais...** 39ª Jornada Acadêmica Integrada, 2024.
- KOZLOSKI, G. V. et al. Faecal N excretion as an approach for estimating organic matter intake by free-ranging sheep and cattle. **The Journal of Agricultural Science**, v. 155, 2018.
- KOZLOSKI, G. V. et al. Faecal nitrogen excretion as an approach to estimate forage intake of wethers. **Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition**, v. 98, n. 4, 2014.
- KOZLOSKI, G. V. et al. Uso da creatinina como indicador da excreção urinária em ovinos. **Ciência Rural**, v. 35, n. 1, 2005.

- LANCASTER, R. J. Estimation of digestibility of grazed pasture from faeces nitrogen. **Nature**, v. 163, 1949.
- LANDAU, S. Y. Impact of animal density on cattle nutrition in dry Mediterranean rangelands: a faecal near-IR spectroscopy-aided study. **Animal**, v. 12, 2018.
- LANZETTA, V. A. S. et al. Validation of Lipe® as method to evaluate the apparent digestibility of nutrients in equines. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1, 2009.
- LEITE, E. R.; STUTH, J. W. Multiple fecal indices for predicting nutritional status of steers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 23, 1988.
- LEITE, E. R.; STUTH, J. W. Fcal NIRS equations to assess diet quality of free-ranging goats. **Small Ruminant Research**, v. 15, 1995.
- LIU, Z. J.; MCMENIMAN, N. P. Effect of nutrition level and diets on creatinine excretion by sheep. **Small Ruminant Research**, v. 63, n. 3, 2006.
- LOMBARDI, B. et al. Combination of cattle urine and dung patches synergically increased nitrous oxide emissions from a temperate grassland under wet conditions. **Agriculture, Ecosystems & Environment**, v. 340, 2022a.
- LOMBARDI, B. et al. Greenhouse gas emissions from cattle dung depositions in two Urochloa forage fields with contrasting biological nitrification inhibition (BNI) capacity. **Geoderma**, v. 406, 2022b.
- LUKAS, M. et al. Relationship between fecal crude protein concentration and diet organic matter digestibility in cattle. **Journal Animal Science**, v. 83, 2005.
- LUO, J. et al. Potential hotspot areas of nitrous oxide emissions from grazed pastoral dairy farm systems. In: **Advances in Agronomy**. Elsevier, v. 145, 2017.
- MAYES, R.W.; LAMB, C.S. The possible use of n-alkanes in herbage as indigestible faecal markers. **Proceedings of the Nutrition Society**, v.43, n. 1, 1984.
- MERCHEN, N. R. Digestion, absorption and excretion in ruminants. In: CHURCH, D.C., **The Ruminant Animal Digestive Physiology and nutrition**. Corvallis: O&B Books, 1993, p. 172–201.
- MINSON, D. J. et al. A method for identifying the faeces produced by individual cattle or groups of cattle grazing together. **Journal of the British Grassland Society**, v. 15, 1960.
- MIRANDA, L. B. et al. Emissões acumuladas de óxido nitroso das excretas de bovinos suplementados ou não em pastoreio, Santa Maria, RS, 2024. In: JORNADA ACADÊMICA INTEGRADA, 39., 2024, Santa Maria, RS. **Anais...** 39ª Jornada Acadêmica Integrada, 2024.

- OLIVEIRA, D. M. **Predictability of dry matter intake, diet composition and digestibility in beef cattle using fecal near-infrared reflectance spectroscopy**. 2019. 47f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Lavras.
- PASQUINI, C. Princípios da espectroscopia no infravermelho próximo. In: TIBOLA, C. S.; MEDEIROS, E. P.; SIMEONE, M. L. F.; OLIVEIRA, M. A. **Espectroscopia no infravermelho próximo para avaliar indicadores de qualidade tecnológica e contaminantes em grãos**. Brasília: Embrapa, 2018. p. 13-30.
- PARRA-FORERO, D. et al. Use of near-infrared reflectance spectroscopy on feces to estimate digestibility and dry matter intake of dietary nutritional characteristics under grazing conditions in Colombian creole steers. **Tropical Animal Health and Production**, v. 55, n. 178, 2023.
- PERIPOLLI, V. Fecal nitrogen to estimate intake and digestibility in grazing ruminants. **Animal Feed Science and Technology**, v. 163, 2011.
- PENNING, P. D. Animal-based techniques for estimating herbage intake. In: PENNING, P. D., **Herbage Intake Handbook**. Dunston: The British Grassland Society, 2004, p. 53-93.
- PEYRAUD, J. L. et al. The effect of daily herbage allowance, herbage mass and animal factors upon herbage intake by grazing dairy cows. **Animal Research**, v. 45, n. 3, 1996.
- PIAGGIO, L. M. et al. Avaliação das cinzas insolúveis em ácido, fibra em detergente ácido indigestível e lignina em detergente ácido indigestível como indicadores internos da digestibilidade. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 20, n. 3, 1991.
- RODRIGUES, A. N. et al. Evaluation of the chromium-EDTA complex and creatinine as markers for urinary volume in cattle. **Acta Agriculturae Scandinavica**, v. 72, 2023.
- SALES, J.; JANSSENS, G. P. J. Acid-insoluble ash as a marker in digestibility studies: a review. **Journal of Animal and Feed Sciences**, v. 12, 2003.
- SALIBA, E. O. S. et al. Utilization of purified lignin extracted from *Eucalyptus grandis* (PELI), used as an external marker in digestibility trials in various animal species, Porto Alegre, RS, 2003. In: WORLD CONFERENCE ON ANIMAL PRODUCTION, 9., 2003. Porto Alegre, RS. **Anais...** Porto Alegre: World Conference on Animal Production, 2003.
- SALIBA, E. O. S. et al. Use of infrared spectroscopy to estimate fecal output with marker Lipe®. **International Journal of Food Science, Nutrition and Dietetics**, 2015.

- SAVIAN, J. V. et al. Comparison of faecal crude protein and n-alkanes techniques to estimate herbage intake by grazing sheep. **Animal Feed Science and Technology**, v. 242, 2018.
- TAS, B. M.; SUSENBETH, A. Urinary purine derivatives excretion as an indicator of in vivo microbial N flow in cattle: A review. **Livestock Science**, v. 111, n. 3, 2007.
- TOLLESON, D. R.; SCHAFER, D. W. Application of fecal near-infrared spectroscopy and nutritional balance software to monitor diet quality and body condition in beef cows grazing Arizona rangeland. **Journal of Animal Science**, v. 92, 2014.
- TOPPS, J. H.; ELLIOT, R. C. Relationship between concentration of ruminal nucleic acids and excretion of purine derivatives by sheep. **Nature**, v. 205, 1965.
- VALADARES FILHO, S.C. et al. Estimativa da produção de proteína microbiana utilizando a excreção de derivados de purinas na urina, Pirassununga, SP, 2007. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL AVANÇOS EM TÉCNICAS DE PESQUISA EM NUTRIÇÃO DE RUMINANTES, 1., 2007. Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga: FMVZ/USP, 2007. p.90-120.
- WANG, C. J. et al. Fecal crude protein content as an estimate for the digestibility of forage in grazing sheep. **Animal Feed Science and Technology**, v. 149, 2009.
- WARNER, A. C. I. Rate of passage of digesta through the gut of mammals and birds. **Nutrition Abstracts and Reviews**, v. 51, n. 12, 1981.
- YIMING XU et al. Application of near-infrared reflectance spectroscopy for predicting chemical composition on feces in Holstein dairy cows and calves. **Animals**, v. 14, 2024.
- ZHOU, J. W. et al. Effect of level of oat hay intake on apparent digestibility, rumen fermentation and urinary purine derivatives in Tibetan and fine-wool sheep. **Animal Feed Science and Technology**, v. 241, 2018.

Autores

Eduardo Bohrer de Azevedo, Eliana Bordin Dutra, Lucas Biscaglia Miranda,
Eduarda Jahnke Kepplin

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil

CAPÍTULO 9

O azevém como alternativa forrageira para recria de bezerras de corte

Luciana Pötter, Érica Dambros de Moura, Eduarda Proença de Oliveira, Bruna Fernandes Machado, Dinah Pereira Abbott Rodrigues, Fabielly de Jesus Depra dos Santos, Marta Gomes da Rocha

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c9>

Resumo

Diante da grande abrangência e do significativo impacto econômico do azevém para a agropecuária gaúcha, o Laboratório Pastos & Suplementos da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) vem aprofundando continuamente os estudos relacionados a essa forrageira em sua linha de pesquisa. Este capítulo tem por objetivo abordar aspectos fundamentais acerca do azevém, relacionando dados de mais de 20 anos de pesquisas, destacando aspectos importantes para uso do azevém sob pastejo por bovinos de corte. A pastagem de azevém foi predominantemente semeada no mês de maio. O tempo médio para o estabelecimento da pastagem foi de 65 dias. Os valores de massa de forragem encontrados para azevém nos experimentos conduzidos na área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos mantêm-se entre 1100 e 2150 kg de MS ha⁻¹, com média de 1565,2 kg de MS ha⁻¹. Destaca-se que foram utilizados diferentes métodos de pastoreio (contínuo ou rotativo) nos estudos realizados. Já em relação aos dias de utilização da pastagem de azevém, a média dos experimentos conduzidos na área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos é de 112 dias. Entre as variáveis de desempenho animal relacionadas à pastagem, o ganho médio diário (GMD) é um importante instrumento para ordenar as potencialidades de transformação de diferentes pastagens em produto animal. Em sistemas de criação de bovinos de corte o uso de pastagens cultivadas é uma estratégia que visa atender a demanda nutricional dos animais em pastejo, sendo o principal recurso alimentar, principalmente na estação fria do ano.

1. Introdução

Dentre as espécies hibernais, o azevém (*Lolium multiflorum* Lam.) destaca-se pelo seu alto poder produtivo e adaptativo às condições climáticas do Rio Grande do Sul, sendo uma das espécies forrageiras mais utilizadas no sul do país. Sua característica de produção de forragem outonal, com elevada produção de matéria seca, o torna uma alternativa importante para suprir o déficit forrageiro das pastagens naturais do estado, sendo ótima fonte de alimentação para o gado. O manejo adequado do azevém proporciona oferecer aos animais em pastejo um alimento de boa qualidade, mesmo considerando as variações decorrentes do avanço dos ciclos fenológicos (ROSO et al., 2009).

A necessidade de rotação de culturas e a implementação de sistemas integrados, visando a melhoria dos sistemas agropecuários, intensifica a utilização do azevém tanto para pastejo em sistema de integração lavoura-pecuária, maximizando o uso da forrageira, como também em sistemas de uso como cobertura de solo.

Diante da grande abrangência e do significativo impacto econômico do azevém, o Laboratório Pastos & Suplementos da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) vem aprofundando continuamente os estudos relacionados a essa forrageira em sua linha de pesquisa. Este capítulo tem por objetivo abordar aspectos fundamentais acerca do azevém, baseados em dados de mais de 20 anos de pesquisas, destacando aspectos importantes para uso do azevém sob pastejo por bovinos de corte.

2. Desenvolvimento

Altamente adaptado às condições de solo e clima, a semeadura do azevém se estende de março a julho, apesar de ser uma espécie hiberna, apresenta crescimento lento em condições de baixa temperatura. Sendo assim, o estabelecimento da pastagem e o início do pastejo serão dependentes das condições ambientais, como clima e fertilidade (MARCHEZAN et al., 2002).

Tabela 1. Data de semeadura, adubação de base e cobertura, data de início do pastejo e estabelecimento de experimentos conduzidos entre 1999 e 2023 no Laboratório Pastos & Suplementos com pastagem de azevém (*Lolium multiflorum* Lam.)

Trabalhos	Data de semeadura	N-P-K (kg/ha)	N (kg/ha)	Início do pastejo	Estabelecimento
Frizzo et al. (2001)	01/05/1999	200	90	09/07/1999	69
Pilau (2003)	15/05/2001	300	170	01/07/2001	47
Pilau (2003)	08/05/2002	300	130	10/07/2002	63
Freitas et al. (2004)	09/05/2003	250	127	13/07/2003	65
Rocha et al. (2003)	12/05/2000	300	150	01/07/2000	50
Macari (2005)	19/05/2005	250	77	26/07/2005	68
Santos (2003)	11/05/2005	300	150	13/07/2005	63
Roso (2007)	09/05/2005.	200	67,5	04/08/2005	87
Rosa et al. (2010)	09/06/2007	200	32	24/08/2007	76
Roso (2011)	06/05/2008	200	73	18/07/2008	73
Rosa (2011)	18/05/2009	200	67,5	17/07/2009	60
Oliveira (2012)	27/04/2010	250	85,5	01/07/2010	65
Fonseca Neto (2013)	05/05/2011	250	67,5	19/07/2011	75
Alves (2014)	01/05/2012	200	56,5	03/07/2012	63
Gai (2015)	10/05/2013	250	84,4	08/07/2013	59
Amaral Neto (2016)	08/05/2014	250	110	10/07/2014	63
Vicente (2017)	05/2015	200	320 (4 apli.)	27/06/2015	.
Amaral Neto (2020)	12/05/2016	250	110	21/07/2016	69
Vicente (2022)	05/2017	200	200 (4 apli.)	07/2017	.
Rosa (2022)	28/05/2018	200	300 (3 apli.)	20/08/2018	86
Domingues (2022)	14//04/2019	200	270 (3 apli.)	10/06/2019	56
Rosa (2022)	08/05/2020	174	360 (3 apli)	13/07/2020	65
Oliveira (2023); Machado (2023)	23/04/2021	217,50	525 (3 apli.)	01/07/2021	68
Gonçalves (2023)	12/05/2022	217,50	525 (3 apli.)	09/08/2022	88
Oliveira (2023)*	11/05/2023	125	600 (3 apli.)	15/07/2023	64

*Dados prévios não publicados

A pastagem de azevém foi predominantemente semeada no mês de maio, mantendo uma padronização dos dados coletados. Durante a condução de 27 experimentos realizados na área experimental do laboratório, o tempo médio para o estabelecimento da pastagem foi de 65 dias. O pleno estabelecimento da pastagem ocorre quando as plantas estiverem perfilhadas e os perfilhos apresentarem em média de três a quatro folhas (PONTES et al., 2003), isso geralmente ocorre entre 60 a 80 dias após a semeadura (FONTANELI et al., 2012). O início do pastejo na área experimental ocorreu predominantemente no mês de julho, oportunizando aos animais aporte nutricional durante o inverno.

Considerando a relevância das pastagens hibernais no contexto agropecuário do Sul do Brasil (AGUINAGA et al., 2008), torna-se necessário um levantamento de dados experimentais locais para avaliar a eficiência dessas pastagens em termos de produção de biomassa e períodos de utilização pelos ruminantes. Nesse sentido, o azevém (*Lolium multiflorum* Lam.) é a gramínea hiberna mais utilizada nos sistemas de produção de bovinos de corte, principalmente em decorrência da sua facilidade de implantação em áreas de resteva de lavouras e da adaptação a diferentes solos (PÖTTER et al., 2009). Apesar de ser considerada uma espécie de clima frio, é uma planta com metabolismo fotossintético do tipo C3 e de crescimento lento em temperaturas baixas (CONFORTIN, 2009), com temperatura ótima para crescimento entre 18°C a 23°C, com pausa de crescimento em temperaturas menores que 5°C (OLIVEIRA et al., 2019).

Vale ressaltar que, a produtividade das pastagens e seu período de utilização pelos animais em pastejo estão diretamente condicionadas às condições e variações climáticas. Nesse contexto, a área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos está situada no município de Santa Maria/Rio Grande do Sul, considerada uma região adaptada ao cultivo do azevém. O clima, segundo a classificação de Köppen, é subtropical úmido (Cfa) (MORENO, 1961), sem estação seca definida e com verões quentes, com temperatura média anual de 19°C, umidade relativa de 78% e precipitação média anual de 1500 a 1750 milímetros (ALVARES et al., 2013).

Dentre as variáveis de produção forrageira, a massa de forragem (MF) é um parâmetro utilizado no controle e manutenção da quantidade de forragem de

uma pastagem e, quando ofertada em quantidades adequadas, assegura aos animais em pastejo uma boa capacidade de seleção, apreensão e consumo (ROSO et al., 2003). A faixa de MF requerida para um bom desempenho animal, em espécies forrageiras de clima temperado, situa-se entre 1200 e 1600 kg de matéria seca (MS) ha⁻¹ (MOTT, 1984). Quando a disponibilidade estiver abaixo destes níveis, o consumo pode ser diminuído, com uma consequente redução no desempenho animal (MORAES, 1991).

Os valores de MF (Tabela 2) encontrados para azevém nos experimentos conduzidos na área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos mantêm-se entre 1100 e 2150 kg de MS ha⁻¹, com média de 1565,2 kg de MS ha⁻¹. Destaca-se que foram utilizados diferentes métodos de pastoreio (contínuo ou rotativo) nos estudos levantados. Estudos conduzidos em outras áreas ou estações experimentais encontraram valores similares para essa variável (CAUDURO et al., 2006; ROCHA et al., 2011).

O aumento na MF de uma área de pastagem durante um determinado período de tempo denomina-se acúmulo de forragem (PEDREIRA, 2002), portanto a taxa de acúmulo diário (TAD), realizada por meio de metodologias propostas por GARDNER (1986) e HILLESHEIM (1998), varia de acordo com o manejo imposto ao pasto, variações climáticas, fertilidade do solo e adubação nitrogenada (ROMAN, 2006).

Os valores para TAD (Tabela 2) encontrados para o azevém nos trabalhos conduzidos na área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos estão situados entre 35 e 61 kg de MS ha⁻¹ dia⁻¹, com acúmulo diário de 48,6 kg de MS ha⁻¹, em média. Trabalhos conduzidos em outras áreas experimentais encontraram valores similares para TAD (PONTES et al., 2004; CAUDURO et al., 2006; BARBOSA et al., 2007).

Já em relação aos dias de utilização da pastagem de azevém (UP; Tabela 2), a média dos experimentos conduzidos na área experimental do Laboratório Pastos & Suplementos é de 112 dias, estando situados na faixa de 70 a 158 dias. Usualmente as pastagens anuais se caracterizam por um ciclo entre 100 e 120 dias (CARVALHO et al., 2010). Pesquisas desenvolvidas em outras estações experimentais encontraram dias de UP semelhantes para essa variável (PONTES et al., 2004; PELLEGRINI et al., 2010; LUPATINI et al., 2013).

Tabela 2. Taxa de acúmulo diário (TAD; kg/ha/dia de MS), massa de forragem (MF; kg de MS/ha) e dias de utilização da pastagem (DUP; dias) de experimentos conduzidos entre 1999 e 2023 no Laboratório Pastos & Suplementos com pastagem de azevém (*Lolium multiflorum* Lam.)

Trabalhos	Taxa de acúmulo diário	Massa de forragem	Dias de utilização
Frizzo et al. (2001)	45,77	1718,47	126
Pilau (2003)	44,85	1315,45	131
Pilau (2003)	36,85	1194,33	115
Freitas et al. (2004)	59,11	1594,62	111
Rocha et al. (2003)	45,40	1445,14	132
Macari (2005)	45,35	1451,83	95
Santos (2003)	59,18	1341,24	88
Roso (2007)	43,81	1351,75	70
Rosa et al. (2010)	56,11	1998,19	74
Roso (2011)	61,80	1524,46	109
Rosa (2011)	60,79	1443,04	95
Oliveira (2012)	50,39	1495,61	118
Fonseca Neto (2013)	35,72	1369,13	105
Alves (2014)	43,73	1750,44	136
Gai (2015)	42,37	2139,71	114
Amaral Neto (2016)	48,75	1990,67	102
Vicente (2017)	60,50	1596,20	100
Amaral Neto (2020)	45,77	1830,90	91
Vicente (2022)	48,00	1495,70	138
Rosa (2022)	51,00	1647,57	85
Domingues (2022)	48,6	1245,70	140
Rosa (2022)	51,00	1658,00	112
Oliveira (2023); Machado (2023)	36,92	1364,80	158
Gonçalves (2023)	55,15	1359,06	122
Oliveira (2023)*	36,71	1277,41	136

¹MF; kg MS ha⁻¹. ²TAD; kg MS ha⁻¹ dia⁻¹. ³UP; dias.

*Dados prévios não publicados

Tabela 3. Ganho médio diário (GMD; (kg/dia), ganho de peso por área (GPA; kg de PC/ha) e taxa de lotação (TL; kg/ha de PC) de experimentos conduzidos entre 1999 e 2023 com bovinos de corte no Laboratório Pastos & Suplementos em pastagem de azevém (*Lolium multiflorum* Lam.)

Trabalhos	Ganho médio diário	Ganho de peso por área	Taxa de lotação
Frizzo et al. (2001)	0,901	669,73	1065,10
Pilau (2003)	0,778	524,83	951,20
Pilau (2003)	0,860	529,48	836,28
Freitas et al. (2004)	0,970	1023,78	1822,38
Rocha et al. (2003)	0,745	603,05	1125,32
Macari (2005)	1,178	607,50	881,31
Santos (2003)	1,040	605,40	877,05
Roso (2007)	1,153	434,17	851,13
Rosa et al. (2010)	1,197	569,34	1256,03
Roso (2011)	1,008	566,04	1097,85
Rosa (2011)	1,020	734,60	1250,16
Oliveira (2012)	0,969	670,45	874,11
Fonseca Neto (2013)	1,054	651,73	981,81
Alves (2014)	0,817	469,10	1079,44
Gai (2015)	1,098	818,32	1036,53
Amaral Neto (2016)	0,967	871,58	1362,17
Vicente (2017)	0,777	516,46	985,80
Amaral Neto (2020)	0,985	646,82	1084,24
Vicente (2022)	1,170	655,36	1347,28
Rosa (2022)	0,797	400,12	1227,59
Domingues (2022)	0,900	460,60	1027,03
Rosa (2022)	1,070	582,40	1109,60
Oliveira (2023); Machado (2023)	0,910	709,42	1273,85
Gonçalves (2023)	1,133	516,44	1265,81
Oliveira (2023)*	0,600	360,30	878,64

*Dados prévios não publicados.

A quantidade de forragem em oferta e sua composição estrutural exercem influência no desempenho dos animais em pastejo, principalmente em

decorrência de sua relação com o consumo de forragem (CARVALHO. 1997). O azevém destaca-se com o objetivo de melhorar a oferta e a qualidade da forragem, favorecendo o desenvolvimento dos animais na estação de menor produção das pastagens nativas (BARBOSA et al. 2007).

O uso adequado dessa espécie forrageira pode ser uma forma de aliar produção e viabilidade financeira, juntamente com a manutenção de funções ecossistêmicas (FARINATTI et al., 2006, ALVES et al., 2020). As pastagens hibernais permitem suprir o déficit forrageiro, ocasionado por limitações climáticas (ARANHA et al., 2018), além de possibilitarem o aumento da produtividade por área, um dos principais pontos debatidos atualmente devido às exigências por sistemas mais sustentáveis (FERRAZ et al., 2010; HERRERO et al., 2010).

Entre as variáveis de desempenho animal relacionadas a pastagem, o ganho médio diário (GMD) é um importante instrumento para ordenar as potencialidades de transformação de diferentes pastagens em produto animal, visando uma maior uniformidade de produção animal ao longo do ano em sistemas de produção animal baseados em pastagens (QUADROS & MARASCHIN, 1987). O acompanhamento do GMD é uma métrica essencial para ajustar a taxa de lotação e melhorar a eficiência do sistema.

O ganho de peso por área (GPA) é o elemento que define a renda alcançada no sistema pecuário e é calculado pela multiplicação dos ganhos individuais pela taxa de lotação e número de dias de utilização da pastagem (PÖTTER, 2008). O GPA é uma variável de grande importância para alcançar a renda. O maior ganho de peso por área em um sistema que tem como objetivo a redução da idade ao primeiro acasalamento pode indicar maior eficiência de utilização das pastagens e/ou uma forma de que um maior número de novilhas alcance peso adequado para o primeiro acasalamento (PÖTTER et al., 2010). A nutrição adequada dos animais e o controle da intensidade de pastejo são medidas que podem aumentar a produtividade e a qualidade do produto final. Lotações excessivas comprometem a produção animal e o meio ambiente, pois diminuem os teores de matéria orgânica e a taxa de infiltração da água no solo, comprometendo a sustentabilidade do sistema (NABINGER, 1996). Quando há uma boa oferta de forragem, a taxa de lotação apresenta pouco efeito sobre a

produção individual, uma vez que existe alimento suficiente para todos e maior seleção pelos estratos superiores (CARVALHO, 2020).

O estabelecimento de gramíneas de ciclo hiberna (C3) pode ser empregado para suprir a carência de alimento durante estações de baixa produção vegetal, elevar a taxa de lotação animal e, conseqüentemente, aumentar o desempenho animal (SICHONANY et al., 2016; MICHALK et al., 2017). O potencial de produção animal em pastagens está relacionado com o potencial de acúmulo da forragem, valor nutritivo e eficiência de pastejo. Assim, o potencial máximo de produção animal em pastagens equivale a máxima taxa de lotação suportada na área sem causar degradação, associada ao atendimento das exigências nutricionais para dado desempenho almejado (BRAGA et al., 2007). Conseqüentemente, ao realizar o manejo adequado das pastagens, pode-se aumentar a taxa de lotação, desde que sua capacidade de suporte seja controlada (BARBERO et al., 2021), observando-se então elevado ganho médio diário, os quais resultam em elevada produtividade por unidade de área.

3. Considerações finais

Em sistemas de criação de bovinos de corte o uso de pastagens cultivadas é uma estratégia que visa atender a demanda nutricional dos animais em pastejo, sendo o principal recurso alimentar, principalmente nas estações frias do ano. O azevém é capaz de otimizar o ganho de peso dos animais, além de ser uma alternativa para melhorar a produtividade por área.

As pesquisas desenvolvidas pelo laboratório Pastos & Suplementos, utilizando o azevém, concentram seus esforços em determinar estratégias de manejo que permitam otimizar tanto a produção de forragem, quanto o desempenho dos animais em pastejo.

4. Referências bibliográficas

ALVARES, C. A., et al. (2013). Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22(6), 711-728.

- ALVES, M. B. **Desempenho de novilhas de corte para acasalamento aos 14 meses de idade.** 2014. 63f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- ALVES, L. A., et al. (2020). The effect of crop rotation and sheep grazing management on plant production and soil C and N stocks in a long-term integrated crop-livestock system in Southern Brazil. **Soil and Tillage Research**, 203, 104678.
- AMARAL NETO, L. G. do. **Farelo de Arroz Integral na Recria de Bezerras de Corte em Azevém.** 2016. 62f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- AMARAL NETO, L. G. do. **Sistemas alimentares para a recria de novilhas de corte.** 2020. 47f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- AGUINAGA, A. A. Q., et al. (2008). Componentes morfológicos e produção de forragem de pastagem de aveia e azevém manejada em diferentes alturas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 37, 1523-1530.
- ARANHA, A. S., et al. (2018). Performance, carcass and meat characteristics of two cattle categories finished on pasture during the dry season with supplementation in different forage allowances. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 70(2), 517–524.
- BARBERO, R. P., et al. (2021). Potencial de produção de bovinos de corte em pastagens tropicais: revisão de literatura. **Ciência Animal Brasileira**, 22.
- BARBOSA, C. M. P., et al. (2007). Terminação de cordeiros em pastagens de azevém anual manejadas em diferentes intensidades e métodos de pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 36, 1953-1960.
- BRAGA, G. J., et al. (2007). Eficiência de pastejo de capim-marandu submetido a diferentes ofertas de forragem. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 42, 1641-1649.
- CARVALHO, P. C. F. (1997). **A estrutura da pastagem e o comportamento ingestivo de ruminantes em pastejo.** In Simpósio sobre Avaliação de Pastagens com Animais (pp. 25-52). Maringá: Cooper Graf. Artes Gráficas.
- CARVALHO, P.C.F.; et al. (2010). Característica produtiva e estrutural de pastos mistos de aveia e azevém manejados em quatro alturas sob lotação contínua. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1857-1865, 2010.
- CARVALHO, P. C. F. (2020). **Can grazing behaviour support innovations in grassland management?** Proceedings of the 22nd International Sward Congress, 1134-1148.

- CAUDURO, G. F., et al. (2006). Variáveis morfogênicas e estruturais de azevém anual (*Lolium multiflorum* Lam.) manejado sob diferentes intensidades e métodos de pastejo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 35, 1298-1307.
- CONFORTIN, A. C. C., et al. (2009). **Dinâmica do crescimento de azevém anual submetido a diferentes intensidades de pastejo**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Santa Maria.
- DOMINGUES, C. C. **Recria de bezerras de corte em pastagem de azevém submetidas à suplementação**. 2022. 62f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- FARINATTI, L. H. E., et al. (2006). Desempenho de ovinos recebendo suplementos ou mantidos exclusivamente em pastagem de azevém (*Lolium multiflorum* Lam.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, 35(2), 527-534.
- FERRAZ, J. B. S.; Felício, P. E. de. (2010). Production systems - An example from Brazil. **In Meat Science**, 84(2), 238–243.
- FREITAS, F. K., et al. (2004). Suplementação energética na recria de fêmeas de corte em pastagem cultivada de inverno: produção animal. **Revista Brasileira De Zootecnia**, v. 34, p. 1256–1266, 2004.
- FRIZZO, A., et al. (2001). Suplementação energética da recria de bezerras de corte mantidas em pastagem de inverno. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 643-652, 2001.
- FONSECA NETO, A. M. **Crescimento e desenvolvimento reprodutivo de bezerras de corte para acasalamento aos 14 meses**. 2013. 71f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. (2012). **Forrageiras para integração lavoura-pecuária-floresta na região sul-brasileira** (2nd ed.). Brasília, DF: Embrapa. ISBN 978-85-7035-104-3.
- GAI, G. P. **Recria de bezerras recebendo ou não suplemento energético em pastagem de azevém**. 2015. 61f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- GARDNER, A. L. (1986). **Técnicas de pesquisa em pastagens e aplicabilidade de resultados em sistemas de produção**. IICA Biblioteca Venezuela.
- GONÇALVES, A.M. **Desempenho de novilhas de corte em pastagens hibernais com diferentes cultivares de azevém**. 2023. 30f. Trabalho de

conclusão de curso - Curso de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

HILLESHEIM, A. (1998). **Manejo do gênero Pennisetum sob pastejo. In: Simpósio sobre manejo da pastagem. Piracicaba: Anais...** Piracicaba: FEALQ, 9, p.77-108.

HERRERO, M., et al. (2010). Smart investments in sustainable food production: revisiting mixed crop-livestock systems. **Science**, 327(5967), 822-825.

LUPATINI, G. C., et al. (2013). Produção de bovinos de corte em pastagem de aveia preta e azevém submetida à adubação nitrogenada. **Ciência Animal**, 14(2), 164-171.

MACARI, S. **Recria de fêmeas de corte para acasalamento aos 18 meses de idade.** Santa Maria, Universidade Federal de Santa Maria, 2005. 97f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

MACHADO, B.F. **Recria De Novilhas Em Pastagens Cultivadas.** 2023. 61f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

MARCHEZAN, E., et al. (2002). Produção animal em várzea sistematizada cultivada com forrageiras de estação fria submetidas a diferentes níveis de adubação. **Ciência Rural**, v.32, n.2, p.303-308, 2002.

MICHALK, D. L., et al. (2017). Balancing animal, pasture, and environmental outcomes in grazing management experiments. **Animal Production Science**, 57(9), 1775-1784.

MORAES, A. (1991). **Produtividade animal e dinâmica de uma pastagem de pangola (*Digitaria decumbens* Stent), azevém (*Lolium multiflorum* Lam), e trevo branco (*Trifolium repens* L.) submetida a diferentes pressões de pastejo.** Tese de Doutorado. Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

MORENO, J. A. (1961). **Clima do Rio Grande do Sul.** Secretaria da Agricultura, 41.

MOTT, G. O. (1984). **Relationship of available forage and animal performance in tropical grazing systems in forage system leading US agriculture into the future.** In Proceedings of the 1984 Forage Grassland Conference (pp. 373-377).

NABINGER, C. (1996). **Princípios da exploração intensiva de pastagens. In Simpósio sobre Manejo da Pastagem** (pp. 15-95). Piracicaba: Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz.

OLIVEIRA, B. B. P. A. **Uso de grão de milho inteiro ou laminado como suplemento para bezerras de corte em pastejo em azevém.** 2012. 61f.

Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

- OLIVEIRA, A. P. T., et al. (2019). Características e utilização do azevém (*Lolium multiflorum* L.) na alimentação de ruminantes—Revisão de Literatura. **Revista Científica Rural**, 21(3), 347-365.
- OLIVEIRA, E.P. **Características morfogênicas e estruturais de cultivares de azevém**. 2023. 56f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- PEDREIRA, C. G. S. (2002). **Avanços metodológicos na avaliação de pastagens**. Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 39, 100-150.
- PELLEGRINI, L. G., et al. (2010). Produção e qualidade de azevém-anual submetido a adubação nitrogenada sob pastejo por cordeiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(9), 1894-1904.
- PILAU, A. **Alternativas de utilização de suplementação energética para recria de novilhas de corte em pastagem cultivada de inverno**. 2003. 117f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- PÖTTER, L. **Uso de suplementos em pastagem cultivada de inverno para bezerras de corte**. 2008. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Santa Maria.
- PÖTTER, L., et al. (2009). Desenvolvimento de novilhas de corte sob alternativas de mineralização em pastagem de azevém. **Ciência Rural**, 39(1).
- PÖTTER, L., et al. (2010). Suplementação com concentrado para bezerras de corte mantidas em pastagens cultivadas de estação fria. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(5), 992-1001.
- PONTES, L.S., et al. (2003). Variáveis morfogênicas e estruturais de azevém anual (*Lolium multiflorum* Lam) manejado em diferentes alturas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.814-820, 2003.
- PONTES, L. D. S., et al. (2004). Fluxo de biomassa em pastagem de azevém anual (*Lolium multiflorum* Lam.) manejada em diferentes alturas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 33, 529-537.
- QUADROS, F. L. F.; MARASCHIN, G. E. (1987). Desempenho animal em misturas de espécies forrageiras de estação fria. **Pesquisa agropecuária brasileira**. Brasília, 22(5):535-541, 1987.
- ROCHA, M.G. et al. (2003). Produção animal e retorno econômico da suplementação em pastagem de aveia e azevém. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33 (3), p. 573-578, 2003.

- ROCHA, L. M., et al., (2011). Desempenho e características das carcaças de novilhos superprecoces em pastos hibernais submetidos a intensidades de pastejo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.46, n.10 p.1379-1384.
- ROMAN, J. (2006). **Relação Planta-animal em diferentes intensidades de pastejo com ovinos em azevém anual**. 79 p. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.
- Rosa, et al., (2013). Herbage intake and animal performance of beef heifers receiving supplements in Italian ryegrass pasture. *Ciência Rural*, v.43, n.01, p.126-131.
- ROSA, A.T. N., et al. (2010). Recria de bezerras de corte em pastagem de azevém sob frequências de suplementação. **Ciência Rural**, v. 40, p. 2549-2554, 2010.
- ROSA, A.T. N. **Comportamento ingestivo e consumo de forragem por novilhas de corte recebendo suplementos em pastagem de azevém**. 2011. 71f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- ROSA, J. S. **Recria de bezerras em azevém recebendo suplemento sob diferentes formas de fornecimento**. 2022. 46f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Santa Maria.
- ROSA, V. B. **Suplementação mineral e energética para novilhas de corte em pastagens cultivadas**. 2022. 50f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- ROSO, D., et al. (2003). **Taxa de acúmulo e oferta de forragem em aveia mais azevém sob pastejo de bezerras de corte recebendo suplementação energética**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., Santa Maria. Anais... SBZ, CD-Room.
- ROSO, D. **Recria de bezerras de corte em alternativas de uso da pastagem de azevém (*Lolium multiflorum* Lam.)**. 2007. 87f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- ROSO, D., et al. (2009). Recria de bezerras de corte em alternativas de uso da pastagem de azevém. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.2, p.240-248, 2009.
- ROSO, D. **Alternativas forrageiras para sistemas de recria de novilhas de corte**. 2011. 99f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- SANTOS, D.T. **Avaliação bioeconômica do uso de suplementos energéticos na recria de novilhas de corte em pastagens cultivadas de verão e inverno**. 2003. 104f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

- SICHONANY, M. J. D. O., et al. (2016). Patterns of use of time by heifers with or without supplementation at different phenological stages of winter grasses. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, 38(2), 197-203.
- VICENTE, J. M. **Desempenho de bezerras de corte em azevém (*Lolium multiflorum* Lam.), sob dois métodos de pastoreio, com ou sem o fornecimento de suplemento energético**. 2022. 48f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.
- VICENTE, J.M. **Recria de bezerras de corte sob pastejo exclusivo em azevém ou em azevém consorciado com leguminosas**. 2017. 61f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Curso de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria.

Autores

Luciana Pötter, Érica Dambros de Moura, Eduarda Proença de Oliveira, Bruna Fernandes Machado, Dinah Pereira Abbott Rodrigues, Fabielly de Jesus Depra dos Santos, Marta Gomes da Rocha

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil

CAPÍTULO 10

Exigências protéicas e de aminoácidos para a nutrição de jundiá (*Rhamdia quelen*)

Rafael Lazzari, Edirlene Andrea Arnhold, Andressa Pelizari, Thamara Luisa Staudt Schneider, Leila Picolli da Silva

<https://doi.org/10.69570/mp.978-65-84548-29-9.c10>

Resumo

A qualidade da proteína em dietas para peixes, é fator fundamental para suas funções metabólicas, com impactos diretos no crescimento e na produção do pescado. Esta situação está fundamentada na importância da quantidade e qualidade dos aminoácidos essenciais disponíveis nas rações, que visam atender as exigências nutricionais dos peixes em cultivo. Neste contexto, as equipes dos Laboratórios de Piscicultura da Universidade Federal de Santa Maria (Campus Sede e Palmeira das Missões) realizaram alguns estudos sobre exigência de aminoácidos para o jundiá, espécie nativa importante para o desenvolvimento da piscicultura na região Sul do Brasil. As informações geradas contribuem para consolidar a viabilidade de cultivo da espécie, uma vez que se refletem decisivamente sobre a otimização do crescimento, galgada na qualidade das rações e adequado manejo alimentar. Neste capítulo estão apresentadas as principais informações obtidas sobre o tema pelo nosso grupo de pesquisa, ao longo dos últimos anos.

1. Importância da proteína e aminoácidos na nutrição de peixes

As proteínas são as macromoléculas mais abundantes que ocorrem em todas as células e são importantes para os tecidos, pois auxiliam na regulação do metabolismo, transporte de nutrientes e sistema imunológico do organismo dos peixes (PORTZ & FURUYA, 2012). São constituídas por aminoácidos (AAs) que são formados por um átomo central (carbono alfa - α) ligado ao grupo amina, átomo de hidrogênio e grupo carboxílico. Na hidrólise das proteínas, os AAs são absorvidos na membrana apical do enterócito, através de simportes

aminoácidos/ Na^+ , transportadores não dependentes de Na^+ e por difusão, no trato intestinal e distribuídos pelo sangue aos órgãos e tecidos (LI et al., 2009).

O aproveitamento das proteínas pelos peixes depende da sua quantidade e estrutura, do equilíbrio entre os AAs essenciais e não essenciais e da energia disponível de carboidratos e lipídios (WILSON, 2002). Os aminoácidos oriundos da digestão podem seguir duas vias: a anabólica, para a síntese de novas proteínas funcionais ou a via catabólica, na qual as proteínas desaminadas do músculo produzem esqueletos carbônicos usados como fonte de energia, sendo uma via indesejável nutricionalmente (HEMRE et al, 2002).

A quantidade de proteína inadequada resulta em diminuição ou interrupção do crescimento e na mobilização de proteína dos tecidos para manutenção das funções vitais (LOVELL, 1998). O excedente da proteína será transformado em energia e/ou eliminado na forma de nitrogênio amoniacal no ambiente.

Estudos recentes relacionaram a diminuição de proteína e a adição de AAs, foi observado a redução na excreção de compostos nitrogenados, maior crescimento e diminuição do desperdício de nutrientes, melhora do sistema de defesa antioxidante (JIANG et al., 2018) e maior custo/benefício da ração.

As dietas formuladas para peixes durante muito tempo foram baseadas na exigência em proteína bruta, mas o avanço no conhecimento e utilização de aminoácidos industriais nas rações tornou necessária a suplementação dos aminoácidos essenciais em cada fase de crescimento. As fases iniciais caracterizam-se por um maior aporte nutricional devido as aceleradas taxas de crescimento, e os peixes jovens depositam menos gordura e mais proteína corporal do que os peixes de maior porte.

A proteína das dietas (purificadas e semi purificadas) utilizadas para determinação da exigência em aminoácidos são geralmente compostas por gelatina, caseína e AAs sintéticos (MONTES-GIRAO & FRACALLOSSI, 2006).

A absorção é mais rápida quando são utilizados AAs livres ou proteínas hidrolisadas (caseína e gelatina) do que as proteínas intactas (farinha de peixe), que serão hidrolisadas para posteriormente ocorrer a absorção dos nutrientes. A rápida disponibilidade de AAs pode levar a uma saturação no transporte

intestinal, acarretando desequilíbrio na absorção dos mesmos afetando a retenção proteica.

Em experimentos para determinação da exigência nutricional, com utilização de fontes purificadas e semi purificadas, têm-se observado um desempenho insatisfatório dos peixes (CORRÊIA et al., 2020), fato que pode estar relacionado com a rápida absorção dos nutrientes destes ingredientes.

Estudos sobre as exigências nutricionais podem ser conduzidos pelo incremento, redução ou remoção do nutriente avaliado (NRC, 2011). As exigências nutricionais em peixes são usualmente determinadas em ensaios de dose-resposta, ocorrendo frequentemente sinais de toxicidade, diminuição da ingestão alimentar ou, ainda, gasto metabólico para excreção que compromete o crescimento quando utilizam-se níveis mais elevados de inclusão do nutriente testado. Sendo assim, a concentração dos nutrientes deve ser feita de modo que ultrapasse a porção ascendente da curva de dose-resposta garantindo o alcance da máxima resposta.

Na Universidade Federal de Santa Maria, algumas pesquisas foram conduzidas, utilizando experimentos dose-reposta para a espécie jundiá, alcançando valores importantes de exigência nutricional para alguns aminoácidos essenciais.

2. Aminoácidos na nutrição de jundiá

2.1. Lisina e Metionina

A lisina normalmente é o aminoácido mais limitante nas rações de peixes, sendo utilizada exclusivamente para a síntese de proteína corporal e deposição de tecido muscular. A adição de lisina permite economizar a proteína da dieta sem afetar o desempenho de crescimento dos peixes. A deficiência ou o desequilíbrio de lisina na dieta resulta em menor crescimento, maior deposição de gordura e aumento da excreção de amônia (GAN et al., 2012).

A metionina é um aminoácido limitante, principalmente, quando alta quantidade de proteínas vegetais são incluídas nas rações, como exemplo, o farelo de soja. A metionina é precursora na síntese de alguns produtos, como:

cisteína, taurina e colina e serve como fonte de enxofre para as células. A deficiência de metionina causa problemas no crescimento, redução da síntese proteica e catarata.

A relação de equilíbrio entre os AAs e a exigência pelo primeiro AAs limitante se atendido na dieta estabelece um bom desempenho de crescimento aos peixes. A variação de valores da relação de lisina:metionina em algumas espécies onívoras pode ser explicada pela qualidade e proporções das fontes proteicas utilizadas na formulação das dietas, além disso, espécie, categoria, idade também são fatores de influência.

Para o jundiá, os hidrolisados vegetal e animal como fontes principais de proteína na dieta resultaram em peixes de maior peso final com a maior relação lisina:metionina (UCZAY et al., 2019a;b). No entanto, a combinação de farinha de peixe, caseína e gelatina como fontes de proteína intactas na dieta para a espécie (peso médio inicial de $0,3 \pm 3,26$ g) resultaram em peixes de maior peso final com a menor relação lisina:metionina (ROTILI et al., 2018). Pianesso et al., (2015) utilizaram as mesmas fontes de proteína que o estudo anterior, no entanto obtiveram peixes (peso médio inicial de $4,65 \pm 0,68$ g) com menor peso final com a relação Lis:Met.

Com dietas mistas (contendo 0,07% de cistina) foi estimada a exigência de metionina para jundiás ($3,26 \pm 0,3$ g), sendo o máximo ganho em peso relativo e taxa de crescimento específico superior observados nos peixes alimentados com dietas contendo 3,59 e 3,46% deste aminoácido na fração proteica ou 1,33 e 1,28% da dieta (ROTILI, 2014).

Estudo conduzido por SCHNEIDER et al (2020) avaliou o crescimento, composição corporal, o metabolismo e a morfometria intestinal de jundiás alimentados com redução de proteína e suplementação com lisina e metionina na dieta. Durante 63 dias, foram testadas cinco dietas: 38% Proteína Bruta (PB) (controle); 34% PB; 34% PB com lisina (34L); 34% PB com metionina (34M); 34% PB com lisina e metionina (34LM). O peso final, taxa de crescimento específico e fator de condição foram maiores nos peixes alimentados com a dieta 34LM, mostrando que a redução de 4% de proteína na dieta para jundiás pode ser realizada, desde que a dieta seja suplementada com lisina e metionina.

ROTILI et al. (2018) determinaram a exigência de metionina na dieta de juvenis de jundiás (peso médio inicial de $3,26 \pm 0,3$ g e comprimento médio $7,17 \pm 0,27$ cm). Foram formuladas dietas contendo seis níveis crescentes de metionina (09; 16; 23; 30; 37 e 44 g kg⁻¹ de proteína da dieta).

A análise de regressão utilizando o ganho em peso relativo (GPR) e a taxa de crescimento específico (TCE) indicou que os níveis ideais de metionina na dieta, recomendadas para o crescimento de juvenis de jundiá, foram estimados em 35,9 g kg⁻¹ de proteína da dieta e 34,8 g kg⁻¹ de proteína a dieta, respectivamente, mantendo o nível de cistina constante (1,9 g kg⁻¹ de cistina da proteína da dieta), correspondendo assim a 13,3 e 12,9 g kg⁻¹ da dieta, ou um total de aminoácido sulfurado de 37,8 e 36,7 g kg⁻¹ da proteína da dieta, respectivamente.

2.2. Arginina

A Arginina é um aminoácido básico essencial para peixes, ao contrário da lisina, não possui uma única via metabólica, está envolvida em uma série de funções biológicas importantes, tais como, síntese de proteínas, produção de ureia, metabolismo do ácido glutâmico e prolina, síntese de creatina, óxido nítrico e poliaminas desempenhando um importante papel nos processos anabólicos (WAN et al., 2006). Diversos estudos têm sido conduzidos a respeito dos reflexos à adição de arginina em dietas para peixes. Segundo o NRC (2011), sua exigência se dá na faixa de 1% a 3% das dietas (3% a 6% da fração proteica).

Na nutrição animal, antagonismo entre aminoácidos é um fenômeno que se dá quando o excesso de um determinado aminoácido na dieta pode causar influência na absorção de outros aminoácidos de estrutura semelhante. Esta relação pode resultar em efeitos moderados como diminuição do crescimento, conversão e eficiência alimentar, ou em casos mais severos, leva a lesões no corpo e nas nadadeiras ou até mesmo a morte dos peixes.

A lisina e arginina protagonizam um dos mais clássicos casos de antagonismo ou desbalanço aminoacídico. Esse fenômeno pode ser observado em várias espécies de animais, como galinhas, ratos, porcos, cães e peixes.

Em outro estudo conduzido na UFSM, MASCHIO (2013) avaliou o nível ótimo de inclusão de arginina e a relação de antagonismo entre os aminoácidos lisina e arginina em dietas para juvenis de jundiá (*Rhamdia quelen*). Foram conduzidos para este fim dois ensaios biológicos (45 e 49 dias), onde verificou-se que a combinação de 5,1% de lisina com 4,6% de arginina proporcionou melhor desempenho associado a maior rendimento de carcaça e menor deposição de gordura corporal dos peixes. Quando foi mantido um nível fixo de lisina na dieta 6,65% (proteína), verificou-se melhor resposta à inclusão de arginina em 5,8% da fração proteica das dietas para o jundiá.

2.3. Treonina

A treonina é um aminoácido essencial, indispensável para o crescimento normal dos peixes pois participa da síntese proteica e outras funções metabólicas, sendo o último dos aminoácidos a ser descoberto, em 1938. É classificada como não-carregada, porém polar, assim como a cistina, metionina, glutamina e serina. Conferindo-lhe ser mais solúvel em água, ou hidrofílica, pois forma pontes de hidrogênio com a água.

É o primeiro aminoácido limitante para a produção de imunoglobulinas e mucina, sintetizada em grande quantidade pelos peixes em seu tubo digestivo e para o recobrimento da pele, sendo que para suínos 60% da treonina da dieta é catabolizada pela mucosa intestinal, duas vezes mais que o verificado para lisina, isso porque a treonina atua diretamente na integridade e no desenvolvimento do intestino.

Conduzindo um estudo de dose-resposta com cinco níveis de inclusão de treonina (1,6; 2,2; 2,8; 3,4; 4,0% (PB)), FLORES et al. (2023) avaliaram a exigência deste aminoácido para jundiá, com dietas isoprotéicas (37% PB) e isocalóricas (3400 kcal/kg de energia digestível estimada). Baseando-se nos parâmetros de biomassa, ganho de peso relativo taxa de crescimento específico e ganho de peso total o nível adequado de treonina para o jundiá nesta fase de peso é de 2,45% de treonina da proteína bruta da dieta.

2.4. Triptofano

O triptofano assim como a tirosina e fenilalanina, pertencem ao grupo dos aminoácidos R-aromáticos, com cadeias laterais aromáticas, apolar e hidrofóbico. A essencialidade do Trp não se deve apenas à sua contribuição para o crescimento e síntese proteica, também está envolvido em outras vias metabólicas importantes para o metabolismo dos animais.

PIANESSO et al. (2015) avaliaram a exigência dietária em triptofano para o jundiá por meio de um ensaio biológico com duração de 60 dias. Foram testadas dietas mistas com diferentes concentrações de triptofano (0,10; 0,18; 0,26, 0,34; 0,42 g triptofano 100 g⁻¹ da dieta).

Os peixes alimentados com níveis inadequados de triptofano apresentaram crescimento reduzido, índice hepatossomático superior e alterações enzimáticas e metabólicas, indicando processos gliconeogênicos. A exigência dietética estimada de triptofano para o máximo ganho em peso e coeficiente de retenção proteica está entre 0,25 e 0,34 g triptofano 100 g⁻¹, dependendo do modelo estatístico utilizado para a estimativa (regressão polinomial ou broken-line).

3. Considerações finais

Muitos dos estudos citados neste capítulo reportam anos de trabalho em pesquisas direcionadas para o estudo das exigências em aminoácidos para jundiá no âmbito do PPGZ. Muita coisa há de se implementar, visto que hoje novas técnicas, equipamentos e diferentes formas de abordagem neste tema estão disponíveis. É um caminho importante e necessário para seguir, principalmente em aspectos que relacionem também a genômica e outras áreas que aprofundem o entendimento dos resultados dos ensaios biológicos.

4. Referências bibliográficas

CORRÊIA, V. et al. Synchronic use of protein and carbohydrate sources for improved growth performance in Jundiá. **Aquaculture Research**, 00, 1–10. 2020 <https://doi.org/10.1111/are.15453>

- FLORES, D.P. et al. L-threonine requirement of silver catfish (*Rhamdia quelen*): growth performance, body composition, plasma and liver metabolites. **Journal of Applied Animal Research**, 2023, 51:1, 358-365, DOI: 10.1080/09712119.2023.2203746
- GAN, L. et al. Effect of dietary protein reduction with lysine and methionine supplementation on growth performance, body composition and total ammonia nitrogen excretion of juvenile grass carp, *Ctenopharyngodon idella*. **Aquaculture Nutrition**, v. 18, n. 6, p. 589–598, 2012.
- HEMRE, G-I.; MOMMSEN, T. P.; KROGDAHL, A. Carbohydrates in fish nutrition: effects on growth, glucose metabolism and hepatic enzymes. **Aquaculture Nutrition**, Oxford, v. 8, n. 3, p. 175-194, 2002.
- JIANG, J. et al. Lysine and methionine supplementation ameliorates high inclusion of soybean meal inducing intestinal oxidative injury and digestive and antioxidant capacity decrease of yellow catfish. **Fish Physiology and Biochemistry**, v. 44, n. 1, p. 319–328, 2018.
- LI, P. et al. New developments in fish amino acid nutrition: Towards functional and environmentally oriented aquafeeds. **Amino Acids**, v. 37, n. 1, p. 43–53, 2009.
- LOVELL, T. **Nutrition and Feeding of Fish**. 2^aed. Norwell: Kluwer Academic Publishers, 267 p., 1998.
- MASCHIO, D. **Avaliação nutricional de jundiás frente a dietas contendo diferentes níveis de arginina e seu antagonismo lisina/arginina**. 2013. 92 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2013.
- MONTES-GIRAO, P. J.; FRACALOSSO, D. M. Dietary lysine requirement as basis to estimate, e the essential dietary amino acid profile for jundiá, *Rhamdia quelen*. **Journal of World Aquaculture Society**, Oxford, v. 37, n. 4, p. 388-396, 2006.
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL - NRC. **Nutrient Requirements of Fish and Shrimp**. Washington: National Academy Press, 2011. 376 p.
- PIANESSO, D. et al. Determination of tryptophan requirements for juvenile silvercatfish (*Rhamdia quelen*) and its effects on growth performance, plasma and hepatic metabolites and digestive enzymes activity. **Animal Feed Science and Technology**, 210:172–183, 2015. <http://dx.doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2015.09.025>
- PORTZ, L.; FURUYA, W.M. Energia, proteína e aminoácidos. Capítulo 4. p. 65-77. In.: FRACALOSSO, D.M.; CYRINO, J.E.P. **NUTRIAQUA- Nutrição e alimentação de espécies de interesse para a aquicultura brasileira**. Florianópolis: Sociedade Brasileira de Aquicultura e Biologia Aquática, 2012, 375 p.

- ROTILI, D. A. et al. Determination of methionine requirement of juvenile silver catfish (*Rhamdia quelen*) and its effects on growth performance, plasma and hepatic metabolites at a constant cystine level. **Aquaculture Research**, v. 49, n. 2, p. 858–866, 2018.
- SCHNEIDER T.L.S. et al. Effects of reduced protein level and dietary amino acid supplementation on growth, body composition and intestinal morphometry of silver catfish (*Rhamdia quelen*). **Aquaculture Research**, 2020; 00:1–13. <https://doi.org/10.1111/are.14830>
- UCZAY, J. et al. Fish meal replaced by hydrolysed soybean meal in diets increases growth and improves the antioxidant defense system of silver catfish (*Rhamdia quelen*). **Aquaculture Research**, v. 50, n. 5, p. 1438–1447, 2019a.
- UCZAY, J. et al. Tilapia protein hydrolyzate improves growth performance, protein absorption and antioxidant status in Silver catfish (*Rhamdia quelen*). **Aquaculture Research**, p. are.14273, 2019b.
- WAN, J.; MAI, K.; AI, Q. The recent advanced on arginine nutritional physiology in fish nutrition. **Journal of Fishery Sciences Of China**, V.13, P.679-685, 2006.
- WILSON, R.P. Amino acids and proteins. Capítulo 3. In.: HALVER J.E.; HARDY R.W. **Fish Nutrition**, 824 p., 2002.

Autores

Rafael Lazzari^{1,2}, Edirlene Andrea Arnhold², Andressa Pelizari², Thamara Luisa Staudt Schneider², Leila Picolli da Silva^{1,2}

1. Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil
2. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Centro de Ciências Rurais, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Brasil



www.meridapublishers.com