Documentos
ISSN 1983-974X
Outubro, 2017
242

13ª Jornada Científica Embrapa Gado de Corte

Embrapa

ISSN 1983-974X
Outubro, 2017

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Gado de Corte
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

Documentos 242

13ª Jornada Científica Embrapa Gado de Corte

Comitê organizador:
Mateus Figueiredo Santos - Coordenador
Alessandra Coralo Nicácio - Vice-coordenadora
Rodrigo Carvalho Alva - Secretário-Executivo e editoração

Embrapa
Brasília, DF
2017

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Gado de Corte
Avenida Rádio Maia, 830 - Zona Rural, CEP 79106-550 Campo Grande, MS
Caixa Postal 154
Fone: (67) 3368 2090
Fax: (67) 3368 2150
http://www.embrapa.br
http://www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê de Publicações da Unidade
Presidente: *Thais Basso Amaral*
Secretário-Executivo: *Rodrigo Carvalho Alva*
Membros: *Alexandre Romeiro de Araújo, André Dominghetti Ferreira, Andréa Alves do Egito, Kadijah Suleiman Jaghub, Liana Jank, Lucimara Chiari, Marcelo Castro Pereira, Mariane de Mendonça Vilela, Rodiney de Arruda Mauro, Wilson Werner Koller*

Supervisão editorial: *Rodrigo Carvalho Alva*
Revisão de texto e Editoração Eletrônica: *Rodrigo Carvalho Alva*
Imagens da capa: Paulo Roberto Duarte Paes (criador da logomarca)

1ª edição
Versão online (2017)

Todos os direitos reservados.
A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Gado de Corte.

Jornada Científica Embrapa Gado de Corte (*13. : 2017 : Campo Grande, MS*)
[Anais da] 13ª Jornada Científica Embrapa Gado de Corte [recurso eletrônico] / Comissão organizadora : Mateus Figueiredo Santos ; Alessandra Coralo Nicacio ; Rodrigo Carvalho Alva. - Campo Grande, MS : Embrapa Gado de Corte, 2017.
112p. ; 21cm. - (Documentos / Embrapa Gado de Corte, ISSN 1983-974X ; 242).

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.
Modo de acesso: <http://www.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/DOC242.pdf>.
Título da página da Web: (acesso em 3 out. 2017).
Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader 4 ou Superior.

1. Bovinos de corte. 2. Ovino. 3.Produção animal. 4. Sanidade animal. 5. Nutrição animal. 6. Melhoramento genético. 7. Pastagem. I. Santos, Mateus Figueiredo. II, Nicacio, Alessandra Coralo. III. Alva, Rodrigo Carvalho. IV. Título. V. Série.

CDD 636.213 (21. ed.)

© Embrapa Gado de Corte 2017

Comitê organizador

Mateus Figueiredo Santos – Coordenador
Alessandra Corallo Nicacio – Vice-coordenador
Rodrigo Carvalho Alva – Secretário-executivo
Lucimara Chiari – Chefe-Adjunta de P&D
Thais Basso Amaral – Chefe-Adjunta de TT

Comitê científico

Alessandra Corallo Nicacio
Alexandra Rocha Oliveira
Denise Baptaglin Montagner
Fabiane Siqueira
Gelson Luis Dias Feijó
Grácia Maria Soares Rosinha
Lucimara Chiari
Marlene de Barros Coelho
Marta Pereira da Silva
Mateus Figueiredo Santos
Thais Basso Amaral

Sumário

Identificação de biomarcadores para qualidade da carne de animais Nelore e Brangus 10

Seleção de genitoras no melhoramento de *Panicum maximum* Jacq. 12

Plataforma de monitoramento de populações de mosca-dos-estábulos e alertas para surtos 14

Análise de caracteres quantitativos de cultivares de *Brachiaria* em estádio juvenil 16

Raças Guzerá, Senepol e Caracu em cruzamentos simples e triplos: desempenho durante a fase de cria e recria em sistema de pastejo..... 18

Efeito da raça paterna e do mérito genético para acabamento sobre o desempenho na recria de novilhos precoces..... 20

Análise comparativa de métodos de genotipagem para avaliação da Síndrome da Musculatura Dupla em bovinos de corte..... 22

Snooper: dispositivo de monitoramento por sensores de ambientes e equipamentos críticos 24

Performance e divergência genética usando análise multivariada entre genitores apomíticos e sexuais em

Panicum maximum Jacq..... 26

Capacidade produtiva de consórcios entre gramíneas tropicais submetidos a diferentes estratégias de manejo . 28

Pureza física e germinação de sementes *Pennisetum purpureum* PCEA..... 30

Massa de forragem e características estruturais de capim-piatã em Sistemas Silvipastoris 32

Em busca de marcadores moleculares associados a caracteres de interesse em *Panicum maximum*..... 34

Multiplicação e avaliação do potencial de produção de sementes por híbridos de *Brachiaria* spp. em Campo Grande, MS 36

Desempenho produtivo de sementes e seleção de híbridos de *Brachiaria* spp. da Embrapa Gado de Corte 38

Genômica funcional para identificação de genes associados à resistência ao carrapato em bovinos de diferentes grupos genéticos 40

Análise funcional de genes associados com espessura de gordura subcutânea em bovinos Canchim..... 42

Monitoramento da mosca-dos-estábulos (*Stomoxys calcitrans*) em ambientes sem influência de usina sucroalcooleira 44

Avaliação agronômica e de valor nutritivo de hibridos de *Brachiaria decumbens* 46

Seleção de híbridos de *Brachiaria humidicola* para caracteres agronômicos 48

Efeito do grupo genético materno sobre o desempenho de bovinos cruzados durante a fase de cria e recria a pasto. 50

Coincidência na seleção baseada em diversos caracteres simultaneamente em solos de baixa e alta fertilidade em *Panicum maximum* Jacq..... 52

Estimativa do potencial produtivo de sementes em híbridos de *Brachiaria decumbens* da Embrapa Gado de Corte 54

Pasto Certo: aplicativo para dispositivos móveis sobre cultivares de forrageiras tropicais 56

Seleção genômica em *Panicum maximum*: escolha de modelos preditivos com base em SNPs e dosagem alélica .. 58

Teste de paternidade em *Brachiaria* spp. com marcadores baseados em RNA-seq 60

Utilização da ultrassonografia para avaliação da deposição e distribuição de gordura subcutânea na carcaça bovina . 62

Reação de genótipos de *Panicum maximum* à mancha das folhas causada por *Bipolaris maydis* 64

Correlações entre caracteres de produção de forragem e rebrota em dois níveis de fertilidade do solo em *Panicum maximum* Jacq. 66

Desenvolvimento, adaptação e validação de ferramentas computacionais para coleta de dados e gestão do Protocolo Carne Carbono Neutro 68

Imunização com vacina de DNA contra Linfadenite Caseosa e análise da resposta imune em camundongos 70

Correlações entre características no melhoramento de *Panicum maximum* Jacq. 72

Manejo para produção de sementes de *Brachiaria* spp. ... 74

Avaliação do potencial de produção de sementes por híbridos de *Brachiaria* spp. em Campo Grande, MS 76

Ferramentas genético-genômicas para *Brachiaria decumbens*: uma importante gramínea forrageira 78

Efeito do nível de fertilidade do solo nos parametros genéticos de diversos caracteres em *Panicum maximum* Jacq. 80

Efeito da lasalocida sódica sobre o desempenho produtivo de vacas Nelore e seus bezerros na época das águas 82

Marcadores baseados em RNA-seq aplicados na diferenciação molecular de cultivares de *Panicum maximum* 84

Parâmetros genéticos de características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol no Brasil 86

Desenvolvimento de um modelo de *benchmark* para a pecuária de corte 88

Diferenciação de cultivares de *Brachiaria* em estadio juvenil para caracteres qualitativos 90

Desenvolvimento de bibliotecas GBS (*Genotyping-by-Sequencing*) para *Panicum maximum* utilizando duas endonucleases: maior cobertura e profundidade de genomas complexos 92

Seleção de híbridos de *Panicum maximum* Jacq. visando produtividade na seca 94

Avaliação de protocolos para a extração de dna e de marcadores moleculares para a identificação de espécies de *Bipolaris* 96

Plataforma + Precoce: simulação de sistemas de cria, recria e engorda para produção de novilho precoce..... 98

Avaliação do polimorfismo *g.10329t>C* do gene SCD1 em raças bovinas 100

Método prático para determinação de perdas por escoamento de suplemento mineral 102

Respostas fisiológicas e estruturais do capim-piatã sob níveis de sombreamento em sistemas de integração na época seca 104

Desempenho de novilhos Nelore em sistemas silvipastoris.. 106

Fortalecimento e consolidação do Sistema de Inteligência Estratégica em Carne Bovina - CICARNE 108

Estimação de parâmetros genéticos e seleção de híbridos de *Brachiaria* spp. em diferentes intensidade de seleção....110

Identificação de biomarcadores para qualidade da carne de animais Nelore e Brangus

Primeiro autor: Amanda Awumi Perestrelo
Demais autores: Perestrelo, A. A.[1]; Ferraz, A. L. J.[2]; Verbisck, N. V.[3]; Bonin, M. N.[4]; Medeiros, S. R.[3]; Almeida, R. G.[3]; Mele, M.[5]; De Paula, L. C.[6]; Feijó, G. L. D.[3]*

Resumo

Na última década, a origem da carne bovina começou a ser questionada e, por conseguinte, passou a ser valorizada por consumidores esclarecidos. Essa valorização tende a aumentar nos próximos anos, seja para garantir aspectos sanitários, nutritivos, sensoriais e até mesmo de indicação geográfica ou *terroir*. O presente projeto tem como objetivo desenvolver biomarcadores para caracterização fenotípica da carne. Este estudo utilizará dados de qualidade da carne oriunda de 20 animais Nelore e 20 animais Brangus divididos aleatoriamente em duas dietas, com baixa (DBG) ou com alta concentração de gordura (DAG), 3,2% ou 6,4% de extrato etéreo, respectivamente. As dietas foram compostas com níveis de proteína e energia similares e continham silagem de sorgo (30% do total de matéria seca), casquinha de soja, milho moído, farinha de soja, ureia e mistura mineral. Foi adicionado gordura derivada de caroço de algodão (equivalente a 18% da matéria seca da dieta DAG) em substituição ao milho moído, que participou com 31% de matéria seca na DAG e 52% na DBG. O

(1) Mestranda da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – UEMS, amanda_perestrelo@outlook.com. (2) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – UEMS. (3) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (4) Professora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS. (5) Professor da Universidade de Pisa, Itália. (6) Mestrando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS. * Autor correspondente.

experimento durou 71 dias. Os animais foram abatidos em frigorífico comercial e a carne foi avaliada para colorimetria, pH, força de cisalhamento e marmorização. Serão realizadas análises sensoriais por meio de painel de degustação para avaliação de maciez, palatabilidade e suculência e análise de composição de ácidos graxos e outros componentes lipídicos polares e não polares por cromatografia gasosa com posterior definição dos isolados por espectrometria de massas. A definição dos biomarcadores será feita em função dos perfis lipídicos encontrados, podendo ser quantitativo (diferentes proporções de lipídios) ou qualitativo (presença ou não de lipídios específicos). Espera-se obter biomarcadores para classificação e certificação de carnes de animais Nelore ou Brangus e de animais suplementados ou não com caroço de algodão, proporcionando uma técnica confiável para a certificação e garantia da origem da carne bovina

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CAPES, UEMS.

Seleção de genitoras no melhoramento de *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Amanda Guerra Teixeira
Demais autores: Teixeira, A. G.[1*]; Jank, L.[2]; Santos, M. F.[2]; Nonato, T. B.[3]; Scanzani, M. Z.[3]; Santana, T. S.[3]

Resumo

O melhoramento genético de *Panicum maximum* envolve cruzamentos entre genitores sexuais e apomíticos. As sementes híbridas derivadas desses cruzamentos dão origem a 50% de híbridos sexuais e 50% de híbridos apomíticos, esses últimos sendo passíveis de liberação como cultivares. Para o sucesso dos cruzamentos, são necessárias genitoras sexuais que transmitam as características superiores aos seus descendentes. O objetivo desse trabalho foi selecionar genitoras sexuais per se e por meio de suas progênies para caracteres de interesse (MSF, PB, DIG). Para isso, cinco genitoras sexuais e três genitores apomíticos foram cruzados e 154 híbridos foram avaliados em experimento em blocos ao acaso com duas repetições a partir de fevereiro de 2016. As parcelas consistiram de dez plantas, compostas por duas linhas de cinco plantas. Foram avaliadas as características produção de matéria seca foliar (MSF), proteína bruta (PB) e digestibilidade das folhas (DIG) em cada parcela por meio de cortes, sendo um de seca e quatro de águas. Os dados foram analisados utilizando o SAS. A genitora A42 foi superior às demais para MSF tanto per se quanto com base em sua progênie; 47% dos híbridos desta progênie

(1) Graduanda da Universidade Anhanguera UNIDERP, amanda2007teixeira@gmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Graduandos da Universidade Católica Dom Bosco. * Autor correspondente.

resultaram em produções acima da apresentada em si mesma. Para PB, apesar de não diferir significativamente das demais, a genitora S12 apresentou o maior valor (13,9%) e sua progênie foi superior às demais; 8% de seus híbridos apresentaram valores maiores do que si mesma. A genitora S12 apresentou a maior DIG, porém sem diferir da A42; o mesmo ocorreu quando comparou-se sua progênie com as das demais genitoras; dos híbridos da S12, 29% apresentaram melhores valores que a genitora. Concluiu-se que as genitoras A42 e S12 são as melhores para produção e qualidade, respectivamente, e que transferem estas características para suas progênies. Além disso, é possível selecionar híbridos com melhores características que suas genitoras.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Unipasto.

Plataforma de monitoramento de populações de mosca-dos-estábulos e alertas para surtos

Primeiro autor: Ana Caroline Gabriel de Araújo
Demais autores: Araújo, A. C. G.[1]; Cançado, P. H. D.[2]; Barros, J. F. S.[1]; Barros, A. T. M.[2]*

Resumo

Stomoxys calcitrans é um parasita que afeta a eficiência da produção de gado de corte, nos estados de Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, São Paulo, Minas Gerais e Goiás em função dos intensos surtos ocorridos. Devido ao prejuízo econômico dos pecuaristas e usinas sucroalcooleiras, esse ectoparasita está sendo estudado por pesquisadores do Brasil. Objetivo foi conhecer as condições ideais em relação à densidade larval para sua criação em laboratório, visando uma manutenção de colônia mais eficiente. Foram testadas diferentes proporções de larvas mantidas, por gramas de dietas. No primeiro bioensaio foram utilizados 1.680 ovos, divididos em quatro tratamentos e três repetições de cada. Os tratamentos foram montados em potes com 80, 120, 160 e 200 ovos cada um. Após surgimento dos adultos, 15 exemplares de cada pote foram escolhidos aleatoriamente e tiveram o comprimento de suas asas medidas. Para o segundo bioensaio foram realizados tratamentos diferentes com intuito de identificar com precisão a densidade populacional ideal. O total de ovos neste bioensaio foi de 4.140 ovos divididos em cinco tratamentos e com seis repetições. Os tratamentos foram montados em potes com 40, 80,

(1) Graduanda da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB, anaaraujo27@outlook.com.
(2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

120, 180, 270 ovos cada um. Em ambos os bioensaios, o desenvolvimento larval foi observado diariamente, as condições de temperatura e umidade foram controladas e mantidas em 27 ± 1oC e 70% ± 10 UR, ao final do desenvolvimento, as pupas foram colhidas e pesadas. A quantidade de ovos colocadas em cada pote é um fator determinante, para que possa ocorrer o desenvolvimento larval. A alimentação disponível que cada pote terá para o número de ovos também é de extrema importância, já que são eles que irão determinar o tamanho dos adultos. Com isso ficou claro que a temperatura, umidade são um fator de extrema importância, no entanto a disponibilidade de alimento oferecido é fundamental para determinação de seu crescimento.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq.

Análise de caracteres quantitativos de cultivares de *Brachiaria* em estádio juvenil

Primeiro autor: Anderson Ramires Candido
Demais autores: Candido, A. R.[1*]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B. do[2]; Amaral, P. N. C.[3]; Machado, W. K. R.[1]; Gonçalves, T. D. T.[4]; Freitas, J. C. R.[4]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]

Resumo

Pastagens de *Brachiaria* são as mais utilizadas no Brasil tropical. A quantificação de caracteres morfológicos permitirá que pesquisadores e produtores sejam capazes de distinguir as diferentes cultivares. O objetivo deste trabalho foi determinar caracteres morfológicos que possibilitem a diferenciação de algumas das cultivares disponíveis ao produtor. As cultivares de *B. brizantha* (Marandu, Xaraés, BRS Piatã, e BRS Paiaguás), o híbrido 'BRS Ipyporã', as cultivares de *B. humidicola* (Comum, Llanero e BRS Tupi), a *B. decumbens* 'Basilisk' e a *B. ruziziensis* foram avaliadas em vasos em casa de vegetação. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com doze repetições. A parcela foi constituída por três plantas por vaso, avaliadas individualmente. Os caracteres avaliados foram Altura da planta em cm (AP), Número total de folhas (NºTF), Número de folhas verdes (NºFV), Comprimento da lâmina foliar em cm (CL), largura da lâmina foliar em cm (LF) e número de perfilhos (NºP). As avaliações foram feitas semanalmente, em intervalos fixos, durante oito semanas (aos 7, 14, 21, 28, 35, 42, 49 e 56 dias). Para cada semana realizou-

(1) Mestrando em Zootecnia na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS, anderson.arc_@hotmail.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Docente Adjunto do Departamento de Zootecnia - UEMS. (4) Graduando da UNIDERP. * Autor correspondente.

se uma análise utilizando a abordagem de modelos mistos, com o software Selegen REML/BLUP. A análise dos resultados mostrou intervalos de valores coincidentes entre as cultivares de *B. brizantha* e as de *B. humidicola*. A *B. ruziziensis* foi a mais vigorosa, mostrando os valores mais altos para todas as características acima, em cada semana analisada. Assim, enquanto 'Marandu', 'Xaraés', Piatã' e 'Paiaguás' tinham AP de 1,7 a 4,7 cm aos 14 dias, a *B. ruziziensis* já estava com 5,1 a 7,3 cm e aos 56 dias o NºTF variou entre 30 ('Piatã') a 75 ('Paiaguás') e para *B. ruziziensis* estava entre 149 e 224. Considerando os caracteres avaliados e com uma segunda avaliação agendada para este ano será possível diferenciar cultivares dessas várias espécies em estádio juvenil.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UEMS e Unipasto.

Raças Guzerá, Senepol e Caracu em cruzamentos simples e triplos: desempenho durante a fase de cria e recria em sistema de pastejo

Primeiro autor: Andrei Pereira Neves
Demais autores: Neves, A. P.[1*]; Gomes, R. C.[2]; Menezes, G. R. O.[2]; Ribeiro, E. L. A.[3]; Favero, R.[4]; Araujo, T. L. A. C.[5]; Silva, A. M.[6]; Torres Jr., R. A. A.[2]

Resumo

O cruzamento de raças taurinas, adaptadas e não adaptadas, com raças zebuínas, permite explorar a heterose e a complementariedade tanto materna quanto individual, promovendo aumento no desempenho nas fases pré e pós-desmama, favorecendo a produção de carcaça e carne de qualidade. Sendo assim, objetivou-se avaliar o desempenho de diferentes grupos genéticos nas fases de cria e recria. O experimento foi realizado na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. Foram avaliados 208 animais cruzados, machos e fêmeas, divididos em duas safras consecutivas, oriundos da inseminação de matrizes Nelore e cruzadas, com touros Guzerá, Senepol e Caracu. Os animais foram recriados em uma área de pastagem formada por *Brachiaria brizantha* cv. Marandu onde permaneceram por 12 meses, sendo pesados a cada 56 dias. Durante o período da recria, os animais foram submetidos a suplementação proteica ou proteico-energética. Foram analisados o peso ao nascimento, peso à desmama, peso no início e final da recria, além dos ganhos médios diários na recria e períodos de águas e secas. Os dados

(1) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina - UEL, andrei.pn@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Professor da Universidade Estadual de Londrina. (4) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina. (5) Doutorando da Universidade Federal do Ceará. (6) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco. * Autor correspondente.

foram analisados ajustando-se um modelo misto, utilizando-se o procedimento PROC MIXED do SAS, adotando-se para comparação de médias o teste t a 5% de significância. Animais ½ Caracu + ½ Nelore e ½ Senepol + ½ Nelore, apresentaram ganhos superiores ($P<0,05$) no período da seca, entretanto, tal superioridade não ocorreu no período das águas. Animais ½ Senepol + ½ Nelore, ½ Caracu + ½ Nelore, ½ Guzerá + ¼ Angus + ¼ Nelore e ½ Guzerá + ¼ Caracu + ¼ Nelore apresentaram valores de ganho médio diário superiores durante a recria ($P<0,05$). A utilização da raça Guzerá em matriz ½ Angus + ½ Nelore produziu animais mais pesados ao final do período seco e recria, o que pode contribuir para diminuir a idade ao abate e melhorar a eficiência do sistema.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UEL, CNPq, CAPES, Fundect e Connan Nutrição Animal.

Efeito da raça paterna e do mérito genético para acabamento sobre o desempenho na recria de novilhos precoces

Primeiro autor: Antônio Marcos da Silva
Demais autores: Silva, A. M.[1]; Gomes, R.[2]; Menezes, G. R. O.[3]; Nogueira, E.[3]; Oliveira, L. O. F.[3]; Mouskosfk, S. L.[4]; Paula, L. C.[5]; Favero, R.[6]; Feijó, G. L. D.[2]; Bonin, M. N.[7]*

Resumo

A dificuldade na produção de animais com acabamento de gordura adequado na carcaça, principalmente em animais jovens e inteiros, faz com que haja a busca por genética com maior potencial nesta característica. O objetivo foi avaliar o desempenho animal de animais de diferentes grupos genéticos, para identificação de sistemas melhoradores de recria de novilhos precoces. O experimento ocorreu na Agropastoril São Miguel da Catequese, município de Nova Andradina, MS, no período de recria, com 40 bovinos machos ½ Angus ½ Nelore, com idade de 8 a 10 meses. Os bezerros são oriundos de matrizes Nelore inseminadas de touros de mérito genético positivo ou negativo para a característica acabamento de carcaça, para produção de bezerros ½ Angus ½ Nelore com alto (ANG+) e baixo (ANG-) mérito genético para acabamento. Foram produzidos 17 animais com alto mérito genético para acabamento de carcaça e 22 com baixo mérito genético para acabamento de carcaça. Os animais foram mantidos em um único lote, alojados em piquetes de *Brachiaria brizantha* cv. Marandu e suplementados com

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, antoniosilvawm@gmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Pantanal. (4) Graduanda da Universidade Camilo Castelo Branco. (5) Graduando da Universidade Estadual Mato Grosso do Sul. (6) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina. (7) Professora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.

proteico energético de 500 g/dia de consumo, durante toda a recria. Animais de alto mérito genético para acabamento de carcaça apresentaram um ganho médio diário (GMD) de 0,252 kg/dia na seca, e 0,921 kg/dia nas águas. O lote de baixo mérito genético para acabamento de carcaça obteve um GMD de 0,311 kg/dia na seca e 0,830 kg/dia nas águas. Entre os tratamentos não se obteve diferença significativa, tendo os animais de baixo mérito genético no período da seca uma média de peso de 231,5 kg e nas águas uma média de 317,95 kg, e animais de alto mérito genético no período da seca uma média de peso de 231,0 kg e nas águas uma média de 322,3 kg. Pode-se concluir que os diferentes tratamentos não apresentaram diferenças significativas de desempenho.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Embrapa Pantanal, Agropastoril São Miguel da Catequese, UCDB, UEMS, CNPq.

Análise comparativa de métodos de genotipagem para avaliação da Síndrome da Musculatura Dupla em bovinos de corte

Primeiro autor: Arianna da Silva Costa Urquiza
Demais autores: Costa-Urquiza, A. S.[1]; Siqueira, F.[2]; Menezes, G. R. O.[2]; Ferreira, A. B. R.[3]; Ferraz, A. L. J.[4]*

Resumo

Em diversas raças bovinas têm sido observadas mutações no gene que codifica a proteína miostatina (*GDF-8*), determinando a síndrome da hipertrofia muscular. Este fenótipo confere ao animal limitações fisiológicas e reprodutivas. Entretanto, com relação a aspectos econômicos, as carcaças destes animais são consideradas superiores, resultando em maior produção de carne, maior proporção de cortes nobres e carne mais macia e magra. Neste contexto, objetivou-se testar três metodologias de genotipagem e comparar qual a melhor em relação custo/benefício, com o intuito de avaliar a mutação nt821 em bovinos de corte. Foi extraído DNA genômico de amostras biológicas de 17 animais da raça Senepol, sendo sete com o fenótipo da musculatura dupla e dez sem o fenótipo. As amostras de DNA foram quantificadas por espectrofotometria e, posteriormente, foram submetidas à reação em cadeia da polimerase (PCR). Foram testadas as metodologias: 1) Sequenciamento direto do exon III do gene *GDF-8*; 2) Detecção de fragmentos em gel de agarose; e 3) Detecção de fragmentos em se-

(1) Graduando em Agronomia da Universidade Para o Desenvolvimento do Estado e da RegMestranda da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS, ariannaurquiza@yahoo.com.br. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. (4) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS. * Autor correspondente.

quenciador automático. Na metodologia de sequenciamento direto do exon III foi possível detectar com precisão os genótipos de todos os indivíduos, entretanto, esta metodologia foi a mais onerosa e laboriosa. A técnica de detecção de fragmentos em gel de agarose resultou em 100% de concordância com os genótipos obtidos destes mesmos animais por sequenciamento. Porém, em toda corrida eletroforética é necessário acrescentar amostras controle de animais previamente genotipados, principalmente de um indivíduo heterozigoto, para garantir uma melhor visualização dos genótipos esperados, reduzindo, assim, artefatos técnicos. No entanto, esta foi a metodologia que apresentou o menor custo. Na metodologia de detecção de fragmentos em sequenciador automático foi possível observar com precisão os genótipos de todos os indivíduos analisados. Foi incluído a esta análise um teste de paternidade, reduzindo os custos desta metodologia, mantendo sua qualidade e sensibilidade.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UEMS e Fundect.

Snooper: dispositivo de monitoramento por sensores de ambientes e equipamentos críticos

Primeiro autor: Arthur Lemos Nogueira Filho
Demais autores: Nogueira Filho, A. L.[1]; Carromeu, C.[2]; Andreu, M. P.[2]*

Resumo

O Snooper é um sistema embarcado para monitoramento por sensores de parâmetros físicos de temperatura e umidade relativa do ar e de detecção de gases, em ambientes críticos fechados, tais como, centros de processamento de dados (CPDs) ou laboratórios de pesquisa. Objetiva-se com esta tecnologia identificar princípios de incêndio e/ou aumento excessivo da temperatura e umidade (causados, por exemplo, por falhas no sistema de refrigeração) que poderiam danificar equipamentos e causar a perda de dados, amostras, reagentes e outros recursos críticos, comprometendo o desenvolvimento de projetos de pesquisas e ações correlatas na Embrapa. Seu desenvolvimento objetivou também formalizar um processo local de criação de provas conceituais de dispositivos de hardware com software embarcado a partir da confecção de placas de circuito impresso (PCI). O Snooper é formado por um dispositivo de hardware com sensores e uma aplicação web para armazenar e visualizar os dados coletados e gerenciar os dispositivos. Seu hardware utiliza a plataforma de desenvolvimento NodeMCU e sensores de gases MQ-2, de temperatura ambiente e umidade relativa do ar DHT22, um termopar tipo K para medir a

(1) Graduando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, arthur.filho@aluno.ufms.br. (2) Analista da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

temperatura interna em equipamentos e um conversor analógico-digital com compensação de junção fria. A PCI foi projetada com o software KiCad e encapsulada com a impressora 3D CubeX. A plataforma web foi desenvolvida utilizando o Titan Framework, que recebe os dados dos dispositivos de hardware por um barramento REST HTTP. O alerta antecipado de singularidades nas aferições permitirá à Embrapa a tomada de medidas de controle e o acionamento de planos de contingenciamento para preservação dos recursos críticos. Caso uma medida extrapole os valores de referência, a plataforma web avisará usuários previamente cadastrados por e-mail. Espera-se, assim, reduzir as perdas materiais e intelectuais causadas por falhas em equipamentos, além de evitar acidentes que possam pôr em risco colaboradores da Embrapa.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte.

Performance e divergência genética usando análise multivariada entre genitores apomíticos e sexuais em *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Carlos Henrique Pereira
Demais autores: Pereira, C. H.[1]*; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]; Araújo, A. R.[2]; Cassin, M. F.[3]; Nunes, J. A. R.[4]

Resumo

Nos programas de melhoramento é comum realizar avaliações de multicaracteres, em que a análise de diversidade genética gera informações sobre os grupos de genitores. Objetivou-se avaliar a performance e a divergência genética entre genitores apomíticos e sexuais por análise multivariada. O experimento foi conduzido no ano de 2017, no campo experimental da Embrapa Gado de Corte. Foram avaliados 24 genótipos em delineamento de blocos completos casualizados (DBCC) com três repetições, em solo de baixa (SBF) e alta fertilidade (SAF). As parcelas foram duas linhas de cinco plantas espaçadas 0,5 m entre plantas e 1,5 m entre parcelas. Foram utilizados 20 caracteres a partir de avaliações de produtividade, rebrota, sanidade e valor nutritivo para compor a análise multivariada. Foram estimadas as performances médias dos caracteres: produtividade de matéria seca foliar (PMSF, kg.ha^{-1}); densidade (DR, nota) e velocidade (VR, nota) de rebrota; vigor de touceira (VT, nota) e proteína bruta da folha (PB, %). Houve diferenças significativas para os principais caracteres e verificou-se elevada acurácia seletiva, que variou de 0,80 a 0,98. Foi observado que a média geral

(1) Doutorando da Universidade Federal de Lavras - UFLA, chpereira88@hotmail.com. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Graduando em Agronomia da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB. (4) Professor do Departamento de Biologia - UFLA. * Autor correspondente.

foi influenciada pela fertilidade do solo para o caráter PMSF (810,32 $kg.ha^{-1}$ em SBF e 1505,18 $kg.ha^{-1}$ em SAF). Já para os demais caracteres não foi observado diferenças expressivas. Pelos resultados das Distâncias Euclidianas de Tocher, foi observado cinco grupos entre os 24 genótipos, sendo: 8 apomíticos, 6 sexuais e 3 testemunhas no Grupo 1; 2 sexuais no Grupo 2; uma testemunha e um sexual no Grupo 3; um sexual e um apomítico no Grupo 4 e um apomítico no Grupo 5. A análise de divergência genética permitiu uma estruturação de grupos mais divergentes, sendo promissora para agrupar genitores geneticamente distintos para explorar de forma eficiente a heterose destes caracteres nas gerações futuras de cruzamentos.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq e Unipasto.

Capacidade produtiva de consórcios entre gramíneas tropicais submetidos a diferentes estratégias de manejo

Primeiro autor: Cauby de Medeiros Neto
Demais autores: Medeiros-Neto, C.[1]; Fernandes, P. B.[2]; Barbosa, R. A.[3]; Sbrissia, A. F.[4]*

Resumo

Ambientes pastoris biodiversos podem promover maior produção de biomassa em função da potencial complementariedade produtiva das espécies no ecossistema. Nesse sentido, o consórcio entre gramíneas submetidas a adequadas estratégias de manejo possivelmente promoveria maior estabilidade quando comparado ao monocultivo. Dessa forma, objetiva-se neste projeto avaliar a estabilidade produtiva e a persistência de dois consórcios entre gramíneas tropicais submetidos a duas severidades de desfolhação. Os consórcios de gramíneas serão: Consórcio A - *P. maximum* BRS Zuri, *B. brizantha* cv. Xaraés e *B. decumbens* e Consórcio B: *P. maximum* BRS Quênia, *B. brizantha* cv. Marandu e *B. brizantha* cv. Paiaguás e a testemunha será o monocultivo de *P. maximum* BRS Zuri. O delineamento experimental será inteiramente casualizado com três repetições e cinco tratamentos. O consórcio A será manejado com 70 cm pré-pastejo e rebaixado a 40% (T1) e 60% (T2) da altura pré-pastejo; o consórcio B será manejado com 60 cm pré-pastejo e rebaixado a 40% (T3) e 60% (T4) e o mono-

(1) Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC, caubymedeiros@gmail.com. (2) Doutorando do Programa de Pós-graduação da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (3) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (4) Professor Associado da Universidade do Estado de Santa Catarina. * Autor correspondente.

cultivo será manejado com 80 cm pré-pastejo e rebaixado a 50% (T5). A altura dos pastos será estimada pela média de 50 pontos por piquete em pré e pós-pastejo. Serão coletadas seis amostras de forragem por piquete em pré e pós-pastejo para estimativa de acúmulo de forragem. A análise de variância assim como a estimativa e a comparação entre as médias serão analisadas conforme delineamento apropriado. Foram realizados os tratos culturais de implantação e, após 75 dias de plantio, foram registradas 170 plantas/m² com proporção de 55, 25 e 20%, respectivamente, para as cultivares de Zuri, Xaraés e Decumbens e de 57, 26 e 18% para as cultivares de Quênia, Marandu e Paiaguás. Espera-se que o consórcio entre gramíneas promova maior estabilidade produtiva quando comparado ao monocultivo, gerando novas propostas de uso de pastos tropicais.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UDESC, CAPES e Unipasto.

Pureza física e germinação de sementes *Pennisetum purpureum* PCEA

Primeiro autor: Cláudia Barrios de Libório
Demais autores: Libório, C. B.[1*]; Verzignassi, J. R.[2]; Lima, N. D.[3]; Fernandes, C. D.[2]; Ledo, F. J. S.[4]; Machado, J. C.[4]; Silva, M. A.[2]; Jesus, L.[2]; Corado, H. S.[2]; Rocha, F. R. M.[5]; Oliveira, M. A. S.[3]; Castro, G. G.[5]; Martins, W. L.[5]; Andrade, D. F. M.[5]

Resumo

PCEA é um híbrido intraespecífico e será a primeira cultivar de capim-elefante propagada por sementes do mundo. O objetivo foi avaliar variações nos procedimentos de análise de pureza e germinação. Sementes colhidas em 2017 foram beneficiadas e submetidas à análise de pureza por meio da ventilação em soprador pneumático, utilizando-se as aberturas 0,5; 1; 1,5; 1,7; 2; 2,5 e 3, e sementes brutas (não ventiladas), como testemunha. Foram utilizadas quatro repetições de 1,5 g de sementes por tratamento. Nas aberturas 0,5 e 1, bem como nas aberturas 2, 2,5 e 3, não houve separação das sementes por densidade. Sementes resultantes da submissão às aberturas 1,5 e 1,7 foram quantificadas em peso quanto às frações A e B (A: sementes com maior densidade; B: menor densidade) e avaliadas quanto à germinação (G%), pelo teste padrão (10dias, 8/16h–15/35°C), primeira contagem de germinação (aos 3 dias, PCG%) e índice de velocidade de germinação (IVG). Para a abertura 1,5, a massa de sementes A foi 0,77 g e B foi 0,72 g, com pureza física 52% e perda por ventilação

(1) Doutoranda do IF Goiano – Rio Verde/GO, cbliborio@gmail.com. (2) Pesquisador(a) Embrapa Gado de Corte. (3) Estudante de Graduação Universidade Anhanguera-Uniderp. (4) Pesquisador(a) Embrapa Gado de Leite. (5) Estudante de Graduação Universidade Católica Dom Bosco. (6) Estudante de Graduação Universidade Estadual de Londrina. * Autor correspondente.

de 48%. A germinação da fração A foi 71%, com IVG 15 e PCG 24%. Para a fração B, os valores foram 44%, 9 e 13%, respectivamente. Para a abertura 1,7, a massa de sementes A foi 0,52 g e B de 0,97 g, com pureza 35% e perda de 65% no volume das sementes. A germinação da fração A foi 54%, com IVG 9 e PCG 9%. Para a fração B, os valores foram 53%, 10 e 12%, respectivamente. Para sementes brutas, não ventiladas, os valores encontrados foram 58%, 10 e 9%, respectivamente para G, IVG e PCG. Assim, para sementes brutas, os valores de germinação superaram o mínimo para comercialização, conforme normas preconizadas, sem necessidade de elevação da pureza e, consequentemente, sem redução do peso do lote.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Embrapa Gado de Leite, CNPq, Unipasto, Universidade Católica Dom Bosco, Universidade Anhanguera-Uniderp, IF Goiano, Universidade Estadual de Londrina, Fundapam.

Massa de forragem e características estruturais de capim-piatã em Sistemas Silvipastoris

Primeiro autor: Emizael Menezes de Almeida
Demais autores: Almeida, E. M.[1]; Almeida, R. G.[2]; Gomes, R. C.[2]; Gracia, E. C.[3]; Motta, L. C.[4]; Miyagy, E. S.[5]*

Resumo

Sistemas silvipastoris são importantes estratégias para promover diversificação e sustentabilidade na agropecuária brasileira, entretanto, a dinâmica do sombreamento pode afetar a produção forrageira com reflexos na produção animal. Objetivou-se com este estudo avaliar a massa de forragem e as características estruturais de *Brachiaria brizantha* cv. BRS Piatã, sob pastejo, em sistemas silvipastoris (SSP) em comparação com pastagem em monocultivo (PM). Os sistemas foram estabelecidos em dezembro de 2015, em Ribas do Rio Pardo-MS. As avaliações foram realizadas no período de maio a julho de 2017. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados em esquema de parcelas subdivididas (no tempo), com duas repetições. Os tratamentos foram: PM (I), SSP com 178 (II), 238 (III), 357 (IV) e 441 (V) árvores/ha. Os componentes florestais utilizados foram: *Corymbia citriodora* e híbridos de eucalipto, Urocam VM01, Toreliodora e Urograndis I144, que apresentavam altura média de 7,0 m. As avaliações foram realizadas em dois transectos, cada um com cinco pontos equidistantes (A,

(1) Mestrando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, emizaelmenezes@gmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Graduanda em Medicina Veterinária do Centro Universitário de Mineiros - UNIFIMES. (4) Graduanda em Medicina Veterinária, Universidade Católica Dom Bosco – UCDB. (5) Professora do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Goiás.
* Autor correspondente.

B, C, D e E) entre as linhas/renques de eucalipto. Quantificou-se a massa de forragem (MST), altura do dossel (AD) e cobertura do solo (CS). Não houve redução da MST entre os sistemas (média de 4.756 kg/ha), porém, verificou-se uma redução da MST entre os meses de maio e julho (6.295 vs 3.216 kg/ha). A redução na MST foi ocasionada pelo déficit hídrico, pois este fator limita a taxa de acúmulo de forragem. Os resultados para AD foram semelhantes, com média de 33,16 cm para os sistemas, com redução de maio a julho (41,31 *vs* 25,0 cm). Para a CS não houve diferença entre sistemas e meses (média de 70,28%). No período avaliado, o sombreamento não afetou negativamente MST e AD e o déficit hídrico reduziu a massa de forragem e altura do dossel de *Brachiaria brizantha* cv. BRS Piatã.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFG, Capes, CNPq e Unipasto.

Em busca de marcadores moleculares associados a caracteres de interesse em *Panicum maximum*

Primeiro autor: Eric Ragalzi da Silva
Demais autores: Ragalzi, E.[1];. Almeida, B. B.[2]; Rege, L. R.[3]; Miranda, S. G.[4]; Vilela, M. M.[5]; Meireles, K. G. X.[6*]

Resumo

A partir do sequenciamento do transcritoma de *Panicum maximum* sob interação com o fungo *Bipolaris maydis*, causador da mancha foliar em pastagens compostas por essa gramínea, foi disponibilizado um banco de 40.000 sequencias de cDNA espécie-específicas para viabilizar ações de pesquisa biotecnológica, demandadas pelo programa de melhoramento. Dentre elas, o desenvolvimento em larga-escala de marcadores moleculares diretamente nas sequências geradas, especialmente aqueles que possam ser associados a genes de resistência à mancha foliar. O mapeamento genético dessa característica possibilitará ao melhorista a triagem rápida e eficiente de um grande número de genótipos, minimizando a necessidade de fenotipagem, como também a transferência desta característica para genótipos com potencial para uso forrageiro, e que se mostram susceptíveis ao patógeno. Buscando esse objetivo, está em desenvolvimento uma atividade de pesquisa que inclui diversas etapas de trabalho que se caracterizam como multidisciplinares, a saber: (i) cruzamentos específicos foram realizados no

(1) Graduado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (2) Graduada em Agronomia pela Universidade Anhanguera-UNIDERP. (3) Graduanda em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (4) Graduanda em Ciências Biológicas pela Universidade Anhanguera-UNIDERP. (5) Analista da Embrapa Gado de Corte. (6) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. karem.meireles@embrapa.br. * Autor correspondente.

campo pelos melhoristas de *Panicum maximum*, originando uma população de 350 indivíduos, segregante para *B. maydis*; (ii) essa população foi fenotipada quanto a resistência ao fungo, pela equipe de fitopatologia; (iii) No Laboratório de Biotecnologia Vegetal, foram selecionados 200 microssatélites (SSRs) e *primers* foram desenhados e sintetizados. Adequações para amplificação dos microssatélites foram realizadas e o polimorfirmo desses marcadores foi avaliado nos genitores e em parte da população pelos estagiários 1, 2 e 3, representando um grande esforço de trabalho de bancada que levou 18 meses para ser concluído. Dos 200 *loci* de SSRs avaliados, 42 se revelaram multialélicos e, por essa razão, serão utilizados pela estudante 4 para confirmar a paternidade de toda a progênie, e para genotipar a população de mapeamento. Os dados genotípicos produzidos nessa etapa serão somados aos fenotípicos obtidos no item ii, visando à produção de um mapa genético de *Panicum maximum*.

Parceria / Apoio financeiro

Unipasto.

Multiplicação e avaliação do potencial de produção de sementes por híbridos de *Brachiaria* spp. em Campo Grande, MS

Primeiro autor: Falkoln Raffael Mendes Rocha
Demais autores: Rocha, F. R. M.[1*]; Verzignassi, J. R.[2]; Barrios, S. C. L.[2]; Fernandes, C. D.[2]; Valle, C. B.[2]; Libório, C. B.[3]; Lima, N. D.[4]; Corado, H. S.[2]; Jesus, L.[2]; Silva, M. A.[2]; Oliveira, M. A. S.[4]; Castro, G. G.[1]; Martins, W. L.[1]; Andrade, D. F. M.[5]

Resumo

O Brasil responde como maior produtor, consumidor e exportador de sementes de espécies forrageiras tropicais, produzindo anualmente mais de 150 mil toneladas. Objetiva-se, com este trabalho, gerar conhecimentos para o lançamento de novas cultivares com características agronômicas superiores, visando à diversificação de pastagens e contribuindo para a sustentabilidade desse agronegócio. Serão submetidos à multiplicação 97 híbridos interespecíficos de *Brachiaria* spp. (*B. decumbens* x *B. brizantha* x *B. ruziziensis*) pré-selecionados em fase 1 para caracteres agronômicos, valor nutritivo e resistência às cigarrinhas das pastagens. Mudas de cada genótipo serão transplantadas para áreas de multiplicação, espaçadas 1m entre si, em parcelas de 2 x 2 m. Para efeito de avaliação de produtividade de sementes, Marandu, Mulato II e BRS RB331 Ipyporã servirão como testemunhas. As áreas serão corrigidas quanto à fertilidade e as adubações de cobertura/manutenção serão efetuadas com adubos a base de N e K, além de micronutrientes. Os genótipos serão mantidos em crescimento livre até o momento da colheita que será realizada manualmente.

(1) Estudante de Graduação Universidade Católica Dom Bosco, falkoln.rocha@outlook.com. (2) Embrapa Gado de Corte. (3) Doutoranda do IF Goiano – Rio Verde/GO. (4) Estudante de Graduação Universidade Anhanguera-Uniderp. (5) Estudante de Graduação Universidade Estadual de Londrina. * Autor correspondente.

As sementes serão submetidas ao beneficiamento, determinação da produtividade de sementes puras e análise da qualidade fisiológica conforme as Regras para Análise de Sementes. A partir do primeiro ano de produção, corte de uniformização e cortes para a sincronização da emissão de perfilhos, aliados à adubação em cobertura, serão efetuados. Com o mesmo procedimento, 34 híbridos intraespecíficos de *B. decumbens* em fase 1 serão também submetidos à multiplicação, com o diferencial das testemunhas serem Basilisk e Marandu. Diante ao exposto, pretende-se avaliar e, especialmente, selecionar genótipos híbridos de *Brachiaria* superiores em produção de sementes, candidatos a novas cultivares ou potenciais genitores sexuais para serem utilizados em novos cruzamentos.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq, Unipasto, Universidade Católica Dom Bosco, Universidade Anhanguera-Uniderp, IF Goiano, Universidade Estadual de Londrina, Fundapam.

Desempenho produtivo de sementes e seleção de híbridos de *Brachiaria* spp. da Embrapa Gado de Corte

Primeiro autor: Ianca Corrêa dos Santos
Demais autores: Santos, I. C.[1*]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B. do[2]; Machado, W. K. R.[3]; Gomes, L. L.[1]; Freitas, J. C. R.[1]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]

Resumo

Cultivares de *Brachiaria* são as forrageiras tropicais mais utilizadas em pastagens no mundo, mas para o lançamento de nova cultivar é fundamental uma alta produção de sementes de qualidade. Objetivou-se avaliar 95 híbridos interespecíficos (HI) previamente selecionados para caracteres agronômicos e resistência às cigarrinhas-das-pastagens, quanto ao potencial de produção de sementes, utilizando o delineamento experimental de blocos aumentados com as testemunhas *B. brizantha* cv. Marandu e o híbrido Mulato II para os HI que foram replicados e alocados em cada repetição com parcelas de duas plantas por genótipo. A colheita das sementes foi feita manualmente no cacho e estas foram pesadas para a determinação do peso total de sementes (PTS). Após o beneficiamento, as sementes puras foram pesadas para determinar o peso de sementes cheias (PSC) e a porcentagem de sementes cheias (SC%). Foi usado o software Selegen REML/BLUP para as análises estatísticas com abordagem de modelos mistos. Observou-se elevada precisão experimental com acurácia variando de 81% (PTS) a 93% (PSC) e herdabilidade de 0,65 a 0,86 para os HI, sendo significativa para PSC e %SC ($p < 0,01$). Verificou-se

(1) Graduanda em Agronomia, Uniderp, ianca.correa@outlook.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Mestrando da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul.
* Autor correspondente.

variabilidade genética entre os HI para as variáveis PSC e %SC ($p < 0,01$). Considerando uma intensidade de seleção de 10% em relação à média da população, os ganhos com a seleção foram de 199% e 101% para PSC e %SC; com 20% mostrou-se significativo para %SC com ganho de 143%. Em relação à cv. Marandu esses ganhos foram respectivamente de 141% e 15% para PSC e %SC. Em relação ao Mulato II houve ganho de seleção de 97% e 33% a uma intensidade de seleção de 10%; e 59% e 16% a intensidade de 20% para PSC e %SC respectivamente. Há híbridos com potencial de produção de sementes superior que prosseguirão para as próximas etapas do programa de melhoramento.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Genômica funcional para identificação de genes associados à resistência ao carrapato em bovinos de diferentes grupos genéticos

Primeiro autor: Isabella Maiumi Zaidan Blecha
Demais autores: Blecha, I. M. Z.[1]; Siqueira, F.[2]; Cardoso, F. F.[3]; Csordas, B. G.[1]; Aguirre, A. A. R.[4]; Ferreira, A. B. R.[6]; Barros, J. C.[6]; Andreotti, R.[2]*

Resumo

O carrapato *Rhipicephalus microplus* é um ectoparasita hematófago responsável por grandes perdas na pecuária mundial. Apesar de sua predileção por bovinos de origem taurina em relação aos de origem zebuína, diferentes níveis de resistência ao parasita são observados entre e dentro de raças. Nesse contexto, objetivou-se prospectar genes diferencialmente expressos (DE) relacionados à resistência bovina ao carrapato do boi em animais taurinos (Angus), zebuínos (Nelore) e bovinos resultantes do cruzamento entre essas duas raças. Para o sequenciamento de RNA foram coletadas amostras de pele do dorso de quatro animais de cada grupo genético sem infestação e após seis e 16 dias de infestação com larvas de *R. microplus*. O RNA total foi obtido por trituração em equipamento Tissue Ruptor utilizando Trizol e o rendimento, qualidade e integridade das amostras foram verificados em Nanodrop, gel de agarose desnaturante e Bioanalyser. Bibliotecas de cDNA foram sequenciadas em equipamento HiSeq 2500 e os resultados foram analisados por programas de bioinformática passando por

(1) Doutorando(a) da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS, isablecha@hotmail.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. (4) Doutorando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS e tecnologista em Saúde Pública da Fiocruz - Rondônia. (6) Analista da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

etapas de conversão de formato, avaliação das leituras, filtragem das bases com qualidade baixa e remoção. Após a filtragem, as leituras do sequenciamento de cada amostra foram alinhadas contra o genoma de bovino. Em uma comparação sem infestação e seis dias após a infestação, foram encontrados 212 genes DE em Angus, 41 em cruzados e 1.158 em Nelore. Já na comparação sem infestação e 16 dias após infestação, foram encontrados 86 genes DE em Angus, 814 em cruzados e 1.676 em Nelore. O estudo de anotação funcional dos genes listados está em andamento e os níveis de expressão diferencial serão validados em estudo posterior. Resultados de padrões de expressão gênica após infestação artificial de animais resistentes e susceptíveis são importantes para identificação de genes candidatos para esta característica visando o desenvolvimento de métodos alternativos de controle.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e CNPq.

Análise funcional de genes associados com espessura de gordura subcutânea em bovinos Canchim

Primeiro autor: Isadora Inácio Sousa
Demais autores: Sousa, I. I.[1]; Siqueira, F.[2]; Ferreira, A. B. R.[3]; Santiago, G. G.[4]; Torres Junior, R. A. A.[2]; Souza Junior, M. D.[5]; Faria, F. J. C.[6]*

Resumo

Sabe-se que o peso, o rendimento de carcaça e o grau de acabamento exercem importante papel no valor comercial da carcaça bovina e que a expressão destas características depende da interação de fatores, como a composição genética do indivíduo e efeitos ambientais. Desta forma, o melhoramento genético constitui fundamental ferramenta para identificar genes e compreender suas funções sobre tais características. Objetivou-se analisar a funcionalidade e as vias metabólicas relacionadas aos genes associados com espessura de gordura subcutânea (EGS) em animais participantes de Provas Canchim de Avaliação e Desempenho. As regiões genômicas foram identificadas por GWAS (*Genome-wide Association Study*) no Laboratório de Genômica e Melhoramento Animal (Embrapa Gado de Corte) e o mapeamento dos genes foi realizado pela plataforma Ensembl. Os genes foram avaliados, por meio da ferramenta DAVID v.6.8, para suas funcionalidades nas categorias componente celular, processo biológico e função molecular. A identificação das vias metabólicas foi realizada pelo

(1) Mestranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, isadorainacio@hotmail.com. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. (4) Doutorando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. (5) Técnico da Associação Brasileira de Criadores da Raça Canchim – ABCCAN. (6) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS. * Autor correspondente.

banco de dados KEGG. Foram encontradas duas regiões genômicas associadas com EGS, sendo uma no cromossomo 9, contendo nove genes, e uma no cromossomo 14, contendo um gene. Dois genes não obtiveram anotações, desta forma os genes analisados foram: SOD2 (*Superoxide Dismutase*), WTAP (*Wilms Tumor 1 Associated Protein*), ACAT2 (*Acetyl-CoA Acetyltransferase 2*), MRPL18 (*Mitochondrial Ribosomal Protein L18*), PNLDC1 (*Ribonuclease Domain Containing 1*), MAS1 (*MAS1 Proto-oncogene*), SLC22A1 (*Solute Carrier Family 22 Member 1*) e SLC22A3 (*Solute Carrier Family 22 Member 3*). Foram observadas 16 anotações de componente celular, 28 de processos biológicos e 18 de função molecular. Foram encontradas 23 diferentes vias metabólicas relacionadas com seis genes. Neste contexto, é fundamental obter conhecimentos sobre as funções dos genes, já que a maioria destes exercem papéis distintos no organismo. Isto viabiliza estudos de prospecção gênica para identificar mutações associadas às características de interesse econômico, contribuindo assim para programas de melhoramento da raça Canchim.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Geneplus e ABCCAN.

Monitoramento da mosca-dos-estábulos (*Stomoxys calcitrans*) em ambientes sem influência de usina sucroalcooleira

Primeiro autor: Jaiane Fabiola Santos Barros
Demais autores: Barros, J. F. S.[1]; Koller, W. W.[2]; Cançado, P. H. D.[2]; Barros, A. T. M.[2]; Araújo, A. C. G.[1]*

Resumo

Stomoxys calcitrans, conhecida como mosca-dos-estábulos, destaca-se como um dos ectoparasitos mais importantes à pecuária nacional. De hábito hematófago, sua picada provoca grande estresse em animais domésticos e silvestres, além do próprio homem. Explosões populacionais (surtos) desta mosca, associadas a subprodutos orgânicos resultantes da produção de etanol, têm causado grandes problemas à pecuária em vários estados. A dinâmica dos surtos tem sido estudada em áreas de influência de usinas sucroalcooleiras, entretanto, são escassas as informações sobre a dinâmica populacional desta mosca em outras áreas. O presente estudo objetivou conhecer a abundância e sazonalidade da mosca-dos-estábulos em sistemas de produção sem a influência de usinas. Iniciado em outubro de 2016, na Embrapa Gado de Corte, o monitoramento populacional da mosca tem sido realizado pelo uso de armadilhas reflexivas (tipo Alsynite) revestidas com plástico transparente adesivo. Foram instaladas 40 armadilhas, sendo 10 em área de confinamento e 30 em piquetes (pastagem de braquiária) com bovinos. As capturas foram realizadas continuamente, sendo o material entomológico coletado

(1) Graduanda da Universidade Católica Dom Bosco-UCDB, jaiane.barros53@gmail.com.
(2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

semanalmente e levado ao Laboratório de Parasitologia Veterinária Aplicada para identificação e contagem das moscas. Capturas realizadas durante 43 semanas, de outubro 2016 a julho 2017, totalizaram 17.167 *S. calcitrans*. Em área de confinamento foram capturadas 14.344 (83,56%) moscas desta espécie, enquanto na área de pastagem 2.820 (16,43%) espécimes foram capturados. O pico de abundância ocorreu em maio, com capturas totalizando 5.886 moscas. Menor abundância ocorreu em dezembro, tendo sido capturadas apenas 89 moscas em ambos os locais. A maior abundância de *S. calcitrans* na área de confinamento pode ser explicada pela maior concentração de bovinos e maior produção de resíduos (sobra de silagem) propícios à sua reprodução.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte.

Avaliação agronômica e de valor nutritivo de hibridos de *Brachiaria decumbens*

Primeiro autor: José Carlos Ribeiro Freitas
Demais autores: Freitas, J. C. R.[1*]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B.[2]; Machado, W. K. R.[3]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]; Candido, A. R.[3]

Resumo

A *Brachiaria decumbens*, apesar de sua importância, conta ainda apenas com uma cultivar disponível no mercado. O objetivo desse trabalho foi avaliar híbridos intraespecíficos de *B. decumbens*, previamente selecionados, para caracteres agronômicos e de valor nutritivo visando à seleção de híbridos candidatos a novas cultivares. Foram avaliados 34 híbridos em campo experimental em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições, cinco plantas clonais por parcela e as cultivares Marandu e Basilisk como testemunhas. As características agronômicas avaliadas foram peso verde de campo (PVC), massa seca total (MST), massa seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (%F), relação folha:colmo (RFC), densidade de perfilhos rebrotados (DEN), velocidade de rebrota (VEL) e rebrota final (REB). As características nutritivas foram proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), digestibilidade (DIG) e lignina (LIG). As análises estatísticas foram realizadas no software Selegen REML/BLUP utilizando a abordagem de modelos mistos. Foi observada uma moderada precisão experimental, com estimativas de acurácia variando de 0,15 (FDN) a 0,95 (REB). As estimativas de herdabilidade entre médias de genótipos variaram

(1) Graduando em agronomia da Universidade Anhanguera Uniderp – UNIDERP, zecarlosfreitas2008@hotmail.com; (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte; (3) Mestrando do curso de Zootecnia UEMS – Aquidauana/MS. * Autor correspondente.

de 0,02 (FDN) a 0,90 (REB). Híbridos com melhor desempenho foram identificados em relação à cv. Basilisk, sendo que a cultivar comercial ocupou a 27ª posição para PVC, 21ª para MST, 31ª para MSF, 36ª para %F, 36ª para RFC e 30ª para DEN, 27ª para VEL, 32ª para REB, 20ª para PB, 4ª para DIG, 31ª para FDN e a 27ª para LIG. Com uma intensidade de seleção de 10% e 20% os ganhos de seleção (GS) em relação à média populacional para a variável RFC foram o mais expressivos (54 e 47%, respectivamente). Em relação à cultivar Basilisk, a variável RFC também se destacou com GS de 129% e 117%, respectivamente. Conclui-se que há possibilidades de selecionar híbridos superiores à cv. Basilisk para todas as características analisadas.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Seleção de híbridos de *Brachiaria humidicola* para caracteres agronômicos

Primeiro autor: José Marcos Queiroz Júnior
Demais autores: Queiroz Júnior, J. M.[1]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B.[2]; Machado, W. K. R.[3]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]

Resumo

A *Brachiaria humidicola* possui grande importância econômica, especialmente em regiões de solos encharcados temporariamente, como por exemplo no bioma Pantanal. Por possuir essas características a *B. humidicola*, juntamente com espécies nativas, são predominantes nesse bioma. O objetivo desse trabalho foi avaliar caracteres agronômicos de 135 híbridos de *B. humidicola* visando a seleção de híbridos superiores, candidatos a novas cultivares. O delineamento experimental foi o de blocos aumentados, com 11 blocos incompletos, parcelas de plantas individuais espaçadas de 1,5 m x 1,5 m e com as testemunhas H47, BRS Tupi e *B. humidicola* cv. Comum alocadas em cada bloco. As variáveis analisadas foram peso verde de campo (PVC) e rebrota final (REB), avaliadas em seis cortes no período das águas. As análises estatísticas foram realizadas no software Selegen REML/BLUP utilizando a abordagem de modelos mistos. Os ganhos de seleção (GS), em relação à média populacional, foram estimados considerando as intensidades de seleção de 10% e 20% e dois índices de seleção foram construídos (Aditivo e Mulamba Rank). Para o índice aditivo, a ponderação dos pesos foi de 60% para PVC e 40% para

(1) Graduando em Agronomia pela Universidade Católica Dom Bosco – UCDB, marcosqzagro@gmail.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Mestrando pela Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul - UEMS. * Autor correspondente.

REB. O GS para PVC foi de 39,2% e 26,8%, para as intensidades de seleção de 10% e 20%, respectivamente. Para REB os GS foram de 12,6% e 9,5%, respectivamente. No índice de seleção aditivo os híbridos 350S-145, 350x-52, 350x-95, 350S-6 apresentaram melhor desempenho em relação às testemunhas e para o índice de Mulamba Rank foram os híbridos 350x-52, 350S-6, 350x-95 e 350S-145. Considerando os dois índices simultaneamente, os híbridos 350S-145, 350x-52, 350x-95 e 350S-6 foram superiores às testemunhas. Conclui-se que existe variabilidade genética entre os híbridos e que híbridos superiores foram selecionados em relação às cultivares já existentes. Esses híbridos prosseguirão para as próximas etapas do programa de desenvolvimento de cultivares.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Efeito do grupo genético materno sobre o desempenho de bovinos cruzados durante a fase de cria e recria a pasto

Primeiro autor: Karla Izidio Latta
Demais autores: Latta, K. I.[1]; Pereira, G. M.[1]; Neves, A. P.[3]; Favero, R.[3]; Araujo, T. L. A. C.[4]; Silva, A. M.[1]; Torres Junior, R. A. A.[2]; Feijó, G. L. D.[2]; Gomes, R. C.[2]; Menezes, G. R. O.[2]*

Resumo

O cruzamento entre raças zebuínas e taurinas é uma estratégia que, através da heterose e da complementaridade entre raças, eleva a eficiência produtiva e a qualidade da carne no sistema precoce. Assim, objetivou-se avaliar o efeito do grupo genético materno sobre o desempenho na cria e recria de bovinos cruzados criados a pasto. O experimento foi realizado na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. Foram avaliados 208 animais cruzados de duas safras consecutivas, oriundos da inseminação de matrizes Nelore, ½ Angus + ½ Nelore (ANGNEL) e ½ Caracu + ½ Nelore (CARNEL) com touros Guzerá, Senepol e Caracu. Os animais foram recriados por 12 meses em área de pastagem de Brachiaria brizantha cv. Marandu. Os animais foram pesados ao nascimento, aos 120 dias, à desmama e durante a recria foram realizadas pesagens a cada 56 dias. Foi ajustado um modelo misto utilizando-se o PROC MIXED do SAS e adotou-se o teste t para comparação de médias. Vacas ANGNEL pariram bezerros mais pesados ($P<0,05$) que vacas CARNEL e Nelore. Quanto ao peso aos 120 dias, progênies de vacas ANGNEL e CARNEL, apresentaram peso superior ($P<0,05$) ao grupo Nelore. Para o peso à desmama foi ob-

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, karla.i.latta@gmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina. (4) Doutorando da Universidade Federal do Ceará. * Autor correspondente.

servada influência do grupo materno, sendo que progênies de vacas ANGNEL apresentaram peso superior, seguido pelo grupo CARNEL e Nelore ($P<0,05$). Não houve resultados significativos sobre peso ao final da seca e da recria ($P>0,05$). Entretanto, filhos de vacas Nelores apresentaram ganho médio diário nas águas e durante a recria superior ($P<0,05$) a progênies de vacas ANGNEL e CARNEL. Para o ganho médio diário nas águas, progênies de vacas ANGNEL e Nelore apresentaram ganhos superiores ($P<0,05$) a progênie CARNEL. Matrizes Nelore pariram e desmamaram bezerros mais leves, porém não foi observado diferença no peso ao final da recria, indicando bom desempenho durante o período da recria.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UCDB, CAPES, CNPq, Fundect e Connan Nutrição Animal.

Coincidência na seleção baseada em diversos caracteres simultaneamente em solos de baixa e alta fertilidade em *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Kelvyn Walace Oliveira Saavedra
Demais autores: Saavedra, K. W. O.[1*]; Pereira, C. H. P.[2]; Santos, M. F.[3]; Jank, L.[3]; Araújo, A. R.[3]; Barrios, S. C. L.[3]; Valle, C. B.[3]

Resumo

A espécie *Panicum maximum* é responsiva ao aumento da fertilidade do solo. Seu cultivo em solos com diferentes níveis de fertilidade pode afetar a seleção. O objetivo deste trabalho foi aplicar o índice de seleção de Mulamba e Mock (IMM) obtido com base em diversos caracteres simultaneamente em *P. maximum* e verificar o efeito da fertilidade do solo neste índice de seleção. Na Embrapa Gado de Corte, em 2017, 24 genótipos foram avaliados em experimento em blocos ao acaso com três repetições em solo de baixa (SBF) e alta fertilidade (SAF). As parcelas foram duas linhas de cinco plantas espaçadas 0,5 m entre plantas e 1,5 m entre parcelas. Os caracteres avaliados foram produção de matéria seca foliar (PMSF), porcentagem de folhas (PORF), proteína bruta da folha (PBF), digestibilidade in vitro da matéria orgânica da folha (DIVMOF), fibra em detergente neutro (FDN) e resistência a doenças (RD). As análises estatístico-genéticas foram realizadas com base em modelos mistos e as médias BLUP foram utilizadas para obtenção do índice de seleção. O IMM de soma de rankings foi obtido em cada nível de fertilidade do solo. Posteriormente, foi calculada correlação entre os *rankings* dos genótipos com base no IMM entre os SBF e SAF e calcu-

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB, kelvynsaavedra@hotmail.com (2) Doutorando da Universidade Federal de Lavras - UFLA. (3) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

lado o índice de coincidência na seleção entre solos utilizando intensidade de seleção de 20%. A correlação entre IMM no SAF e no SBF foi de 0,96, indicando alta correlação deste índice nos solos. O índice de coincidência na seleção foi de 75%, indicando que há alta coincidência na seleção dos genótipos entre os solos. A resposta à seleção por caráter após a aplicação do IMM foi satisfatória para todos os caracteres no SAF e SBF, exceto PBF no SBF. Com base nos resultados, conclui-se que é alta a coincidência na seleção baseada no IMM nos SBF e SAF.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq e Unipasto.

Estimativa do potencial produtivo de sementes em híbridos de *Brachiaria decumbens* da Embrapa Gado de Corte

Primeiro autor: Laura Lorena Gomes
Demais autores: Gomes, L. L.[1*]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B.[2]; Arruda, C. O. C. B.[3]; Gonçalves, T. D. T.[1]; Freitas, J. C. R.[1]; Machado. W. K. R.[4]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]

Resumo

Cultivares de *Brachiaria* são as forrageiras mais utilizadas em pastagens no Brasil, entretanto para o lançamento de uma nova cultivar é fundamental uma alta produção de sementes de qualidade. Com isso, objetivou-se avaliar 34 híbridos de *B. decumbens* previamente selecionados para caracteres agronômicos e resistência às cigarrinhas-das--pastagens, quanto ao potencial de produção de sementes. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos aumentados com B. brizantha cv. 'Marandu' e *B. decumbens* cv. 'Basilisk' como testemunhas. Estas foram alocadas em cada repetição com parcelas de duas plantas por genótipo. A colheita das sementes foi feita manualmente no cacho e pesadas para a determinação do peso total de sementes (PTS). Após o beneficiamento, as sementes puras foram pesadas para determinar o peso de sementes cheias (PSC) e porcentagem de sementes cheias (SC%). Foi utilizado o software Selegen REML/BLUP para as análises estatísticas com abordagem de modelos mistos. Observou-se alta precisão experimental para PTS, com acurácia de 97% porém de média a baixa para as outras variáveis. Verificou-se variabilidade genética entre

(1) Graduando em Agronomia da Universidade Anhanguera – Uniderp, lorenalaura47@gmail.com; (2) Embrapa Gado de Corte; (3) Mestranda da Universidade Catolica Dom Bosco - UCDB; (4) Mestrando em Zootecnia da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.

os híbridos para PST ($p < 0,01$), portanto, pode-se obter ganhos com a seleção (GS) para essa característica. Com uma intensidade de seleção de 20%, o GS para PTS foi de 670% em relação à cv. 'Basilisk'. A dificuldade em detectar diferenças significativas para PSC ou %SC, pode ter sido devida ao desenho experimental utilizado (sem repetições) e pequeno número de híbridos, além da cv. 'Basilisk' ser boa produtora de sementes. Foi possível identificar híbridos melhores do que a cv. 'Basilisk' que ficou em 30º e 15º lugar para PTS e PSC respectivamente e melhor que a cv. Marandu que ficou em 6º e 3º lugar para PTS e %SC respectivamente. São esperados ganhos com seleção para PTS, porém não é possível garantir ganhos para as outras características com o desenho experimental utilizado.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Pasto Certo: aplicativo para dispositivos móveis sobre cultivares de forrageiras tropicais

Primeiro autor: Leonardo Lazarino Crivellaro
Demais autores: Crivellaro, L. L.[1*]; Da Silva, M. A. I.[2]; Barrios, S. C. L.[3]; Carromeu, C.[4]; Santos, M. F.[3]; Valle, C. B.[3]; Jank, L.[3]

Resumo

O Pasto Certo - versão 1.0 - é uma plataforma de software composta por um aplicativo para dispositivos móveis e uma aplicação *Web* que permite o acesso, de forma rápida e integrada, às características das principais cultivares (*Brachiaria* e *Panicum maximum*) de forrageiras tropicais lançadas pela Embrapa e outras de domínio público. Ele possibilita ao produtor identificar/diferenciar as cultivares e se informar sobre as principais recomendações de uso e restrições de cada cultivar. A sua versão em desenvolvimento, Pasto Certo 1.5, tem como objetivo a adição da funcionalidade "Onde Comprar" que se utiliza de geolocalizações buscando indicar ao usuário vendedores de cultivares. Dada a dificuldade de acesso à internet no meio rural, decorrente da falta de infraestrutura nas localidades mais remotas, o aplicativo sincroniza o catálogo das forrageiras gerenciado e atualizado na aplicação web assim que é instalado e o mantém localmente no dispositivo móvel, permitindo o acesso à informação mesmo sem conexão. O aplicativo é um software para o sistema operacional Android, enquanto que a aplicação *Web* de gestão dos dados foi implementada utilizando o

(1) Graduando da Universidade Federal De Mato Grosso do Sul - UFMS, leonardo.lazarinocrivellaro@gmail.com. (2) Prof. Adjunto I da Faculdade de Computação da UFMS. (3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (4) Analista da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

Titan, que é um *framework* PHP mantido pela Embrapa Gado de Corte e pela UFMS. Por meio do Pasto Certo é possível também comparar até quatro cultivares, simultaneamente, para 107 características diferentes, distribuídas em seis categorias de variáveis (identidade, morfologia, agronômico, manejo de pastejo, sistemas integrados e estádio juvenil). O aplicativo - versão 1.0, lançado durante a Dinapec 2017, já foi baixado por mais de 5.000 usuários na Play Store e possui nota média de avaliação de 4,3, além disso versões intermediárias estão sendo lançadas constantemente com o propósito de correções de problemas menores e traduções para o aplicativo que já está disponível internacionalmente em inglês, espanhol e português.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFMS e Unipasto.

Seleção genômica em *Panicum maximum*: escolha de modelos preditivos com base em SNPs e dosagem alélica

Primeiro autor: Letícia Aparecida de Castro Lara
Demais autores: Lara, L. A. C.[1*]; Amadeu, R. R.[2]; Santos, M. F.[3]; Jank, L.[3]; Chiari, L.[3]; Vilela, M. M.[4]; Zeng, Z.-B.[5]; Garcia, A. A. F.[6]

Resumo

A seleção genômica é uma estratégia promissora para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento, pois permite acelerar ciclos de seleção recorrente quando comparada a estratégias com base somente no fenótipo. Para isto, modelos de predição genômica adequados devem ser utilizados. O objetivo deste trabalho foi desenvolver e selecionar modelos de predição genômica em uma população sexual tetraploide de *Panicum maximum*, submetida à seleção recorrente. A população consiste de 530 plantas obtidas a partir de um policruzamento entre 19 genitores. Os caracteres produção de matéria seca foliar (MSF) e digestibilidade *in vitro* de matéria orgânica (DIV) foram avaliados em oito e quatro cortes, respectivamente, em delineamento de blocos aumentados na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. Foi desenvolvido um modelo linear misto multivariado para análise de dados longitudinais, modelando diferentes estruturas de variância e covariância para os efeitos residuais. A técnica de genotipagem por sequenciamento (GBS) foi aplicada na população para a descoberta de SNPs

(1) Doutoranda da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Universidade de São Paulo – ESALQ/USP, lara.lac@usp.br. (2) Mestrando da ESALQ/USP. (3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (4) Analista da Embrapa Gado de Corte. (5) Professor da North Carolina State University – NCSU, Raleigh, USA. (6) Professor da ESALQ/USP. * Autor correspondente.

utilizando-se *96-plex* e *PstI* como enzima de restrição para construção das bibliotecas genômicas. O sequenciamento foi realizado em plataforma NextSeq500 da Illumina. Dados brutos de GBS foram analisados no *pipeline* TASSEL-GBS modificado para poliploides. A estimação da dosagem alélica tetraploide para 41.424 SNPs foi realizada no software SuperMASSA. Seis modelos preditivos (GBLUP, BRR, BayesA, BayesB, BayesC, BLASSO) foram generalizados para tetraploides e a acurácia foi estimada por validação cruzada. A acurácia média dos modelos preditivos variou entre 0,1691 e 0,2113 para MSF e 0,3279 e 0,3311 para DIV e apresentou magnitudes similares entre modelos. Esta acurácia mostra que a seleção genômica pode aumentar a eficiência de programas de seleção recorrente em *P. maximum*, possibilitando um maior ganho por unidade de tempo. Recomenda-se o modelo GBLUP para os caracteres MSF e DIV, devido à menor demanda computacional e à facilidade de implementação.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, FAPESP (Processo número 2015/20659-2 e 2016/01279-7) e Unipasto.

Teste de paternidade em *Brachiaria* spp. com marcadores baseados em RNA-seq

Primeiro autor: Luana Ribas Rege
Demais autores: Rege, L. R.[1*]; Oliveira, S. J.[2]; Vilela, M. M.[3]; Meireles, K. G. X.[4]

Resumo

Com o propósito maior de se construir um mapa genético de *Brachiaria*, uma população interespecífica foi selecionada para ser genotipada com marcadores microssatélites, desenvolvidos a partir do sequenciamento do transcritoma dessa forrageira. No programa de melhoramento, híbridos são gerados a partir de cruzamentos entre genótipos de interesse, diretamente no campo. Mesmo se respeitando uma margem de isolamento entre blocos distintos, é esperada alguma contaminação por pólen externo, ou ainda podem ocorrer equívocos na identificação das sementes durante a coleta – portanto, nas progênies pode haver indivíduos que não são frutos do cruzamento desejado. No mapeamento genético, é essencial conhecer a genealogia da população, pois genótipos contaminantes causam desvios graves nas análises. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a capacidade de três microssatélites em discriminar a paternidade da referida população. Foram avaliados 137 híbridos provenientes do cruzamento entre o genitor masculino apomítico A (GMA), e de 130 híbridos do genitor masculino apomítico B (GMB), cada um deles cruzados com quatro genitores femininos sexuais. A amplificação dos fragmentos de DNA foi testada em gel de agarose, seguida pela se-

(1) Graduanda em Ciências Biológicas (UFMS), luanarege@gmail.com (2) Graduanda em Ciências Biológicas (UNIDERP). (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. (4) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

paração dos produtos de PCR por eletroforese capilar no LabChip. Dentre os híbridos oriundos do GMA, 4 foram confirmados como filhos do GMB; 10 genótipos não apresentaram alelos característicos de nenhum dos genitores masculinos, sendo descartados dessa progênie. Na progênie do GMB, verificou-se que 36 genótipos são filhos, de fato, do GMA. Para 22 híbridos, não foi confirmado o parentesco com nenhum genitor, e por isso eliminados. Os marcadores utilizados foram eficientes na avaliação da natureza híbrida da população, alterando significativamente sua composição inicial. A análise resultou em uma população de mapeamento com 225 híbridos, sendo 145 provenientes do GMA e 80 do GMB. Esse estudo aponta a necessidade de melhorias na produção das progênies no campo, quando se objetiva utilizá-las em estudos moleculares.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Utilização da ultrassonografia para avaliação da deposição e distribuição de gordura subcutânea na carcaça bovina

Primeiro autor: Lucas Chaves de Paula
Demais autores: De Paula, L. C.[1]; Gomes, R. C.[2]; Bonin, M. N.[3]; Feijó, G. L. D.[2]; Menezes, G. R. O.[2]; Favero, R.[4]; Neves, A. P.[4]; Araújo, T. L. A. C.[5]; Perestrelo, A. A.[6]*

Resumo

A qualidade da carcaça bovina tem sua importância ressaltada nos últimos anos, impactando positivamente a pecuária de corte, abrangendo todos os elos do setor e alcançando o consumidor com a oferta de carne de melhor qualidade. Tendo em vista a importância do acabamento de carcaças bovinas, o objetivo deste trabalho é estabelecer uma nova metodologia de avaliação de carcaças por ultrassonografia, visando relacionar as avaliações tradicionalmente feitas com novas medidas no traseiro e o acabamento visual ao abate. Os animais serão provenientes de parcerias com a Embrapa Gado de Corte, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul e propriedades assistidas pela empresa PecBR. Serão avaliadas a área de olho de lombo (AOLus) e espessura de gordura subcutânea (EGSus) pela coleta de imagens seccionais do músculo *Longissimus* (ML) entre a 12ª e 13ª costelas. A espessura de gordura na picanha (EGPus) será avaliada coletando-se uma imagem sobre o músculo *Biceps femoris*, paralela ao terço final do íleo. As imagens serão armazenadas e posteriormente analisadas

(1) Mestrando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, l-c-depaula@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Professora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. (4) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina - UEL. (5) Doutorando da Universidade Federal do Ceará – UFC. (6) Mestranda da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS. * Autor correspondente.

pelo programa Lince®. Novas medidas de ultrassom serão realizadas sobre os músculos do patinho, coxão duro e lagarto a fim de mensurar sua espessura de gordura e avaliar sua influência sobre a classificação frigorífica e espessura obtida no pós-abate. As carcaças serão classificadas por cinco classes de acabamento e a distribuição de gordura no traseiro será avaliada em escores de 1 a 3. Espera-se obter assim, medidas ultrassonográficas acuradas para predição da uniformidade do acabamento na carcaça, possibilitando avanço na seleção de animais com melhores padrões de deposição de gordura subcutânea e melhor padronização das carcaças bovinas. Busca-se assim proporcionar à pecuária uma ferramenta útil para a melhoria dos resultados produtivos, refletindo na produção de carcaças passíveis de melhores bonificações na indústria e a disponibilização de carnes de melhor qualidade ao consumidor.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFMS e Capes.

Reação de genótipos de *Panicum maximum* à mancha das folhas causada por *Bipolaris maydis*

Primeiro autor: Marcelo Batista Barbosa
Demais autores: Barbosa, M. B.[1*]; Fernandes, C. D.[2]; Pereira, T. B. C.[3]; Verzignassi, J. R.[2]; Batista, M. V.[4]; Quetez, F. A.[5]

Resumo

A mancha foliar, ocasionada por *Bipolaris maydis*, vem causando perdas na produtividade de matéria seca e de sementes de *Panicum maximum*. A melhor estratégia para o controle da doença é o uso de cultivares resistentes. Assim, este trabalho, objetiva avaliar a resistência de 36 genótipos de *P. maximum*, pré-selecionados agronomicamente na Embrapa Gado de Corte, à mancha foliar causada por *B. maydis*. O experimento será delineado em blocos casualizados com dez repetições, conduzido em casa de vegetação e Laboratório de Fitopatologia da Embrapa. As cultivares BRS Tanzânia -1 e BRS Zuri serão utilizadas, respectivamente, como testemunhas suscetível e resistente ao fungo. As plantas com trinta dias após semeadura serão inoculadas com suspensão de conídios de *B. maydis*, usando-se 8 x 10^4 conídios.mL^{-1} do fungo. Posteriormente, as mesmas serão acondicionadas em câmara úmida e mantidas por 48 horas sob umidade entre 90-100% e temperatura em torno de 25°C. Decorrido este tempo, serão mantidas por 10 dias em ambiente climatizado com temperaturas entre 28-33ºC. A avaliação da severidade da doença será

(1) Bolsista PIBIC/CNPq, Graduando da Universidade Anhanguera-UNIDERP, marcelo.batista.barbosa@gmail.com. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisadora DCR/CNPq-FUNDECT, Embrapa Gado de Corte. (4) Técnica do Laboratório de Fitopatologia. (5) Técnico Agrícola. * Autor correspondente.

realizada utilizando-se escala diagramática com notas de 0 a 8 (0 = ausência de sintomas e 8 = severidade superior a 50% de área foliar lesionada). Espera-se obter genótipos de *P. maximum* com alto grau de resistência à mancha das folhas, característica esta fundamental para o lançamento comercial de novos genótipos da forrageira. Desta forma, o trabalho irá contribuir para a pecuária de Mato Grosso do Sul e do Brasil. A obtenção destas cultivares impactará na redução dos custos com o manejo da doença, bem como no uso de forrageiras em sistemas integrados de lavoura e pecuária, beneficiando a economia do Estado e do País.

Parceria / Apoio financeiro

CNPq, Fundect, Fundapam, Unipasto e Embrapa.

Correlações entre caracteres de produção de forragem e rebrota em dois níveis de fertilidade do solo em *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Marcos Felipe Cassin
Demais autores: Cassin, M. F.[1*]; Pereira, C. H. P.[2]; Santos, M. F.[3]; Jank, L.[3]; Araújo, A. R.[3]; Barrios, S. C. L.[3]; Valle, C. B.[3]

Resumo

A espécie *Panicum maximum* é responsiva ao aumento da fertilidade do solo. O cultivo desta espécie em solos com diferentes níveis de fertilidade pode alterar as correlações entre caracteres de produção e rebrota. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações entre caracteres de produção de forragem e de rebrota em dois níveis de fertilidade do solo. Para isso, na Embrapa Gado de Corte, em 2017, 24 genótipos foram avaliados em um experimento em blocos ao acaso com três repetições em solo de baixa (SBF) e alta fertilidade (SAF). As parcelas foram duas linhas de cinco plantas espaçadas 0,5 m entre plantas e 1,5 m entre parcelas. As produções de matéria seca foliar (PMSF) e de colmo (PMSC) foram avaliadas com base no total da parcela (kg/parcela) e o vigor da touceira (VT), densidade de rebrota (DR) e velocidade de rebrota (VR) foram avaliadas por meio de notas em cada planta da parcela, sendo que nas análises considerou-se a média das plantas. Análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando a abordagem de modelos mistos. As médias preditas foram utilizadas para o cálculo das correlações entre caracteres. As correlações genéticas entre PMSF e os caracteres de rebrota variaram

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, mfcassin@hotmail.com. (2) Doutorando da Universidade Federal de Lavras - UFLA. (3) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

de 0,46 (DR) a 0,76 (VT) no SAF e de 0,49 (DR) a 0,65 (VT) no SBF; para a PMSC as correlações variaram de -0,51 (VR) a -0,32 (DR) no SAF e de -0,51 (VR) a -0,15 (DR) no SAF. O aumento da fertilidade do solo elevou as correlações entre PMSF e VR e PMSF e VT, e reduziu a correlação entre PMSC e DR. Dessa forma, os caracteres de produção de forragem se relacionam diferentemente com os caracteres de rebrota, ou seja, a PMSF positivamente e a PMSC negativamente, e pode ter magnitude dessas associações alteradas devido ao nível de fertilidade do solo.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq e Unipasto.

Desenvolvimento, adaptação e validação de ferramentas computacionais para coleta de dados e gestão do Protocolo Carne Carbono Neutro

Primeiro autor: Mário de Araújo Carvalho
Demais autores: Carvalho, M. A.[1]; Alves, F. V.[2]; Carromeu, C.[3]*

Resumo

Carne Carbono Neutro (CCN) é uma marca-conceito desenvolvida pela Embrapa que visa atestar, por meio de protocolo parametrizável e auditável, que bovinos produzidos em sistemas de integração do tipo silvipastoril (pecuária-floresta, IPF) ou agrossilvipastoril (lavoura-pecuária-floresta, ILPF) têm suas emissões de metano entérico neutralizadas. Um dos objetivos do projeto é desenvolver e validar, junto aos produtores e empresas certificadoras, ferramentas computacionais para coleta e registro de dados nas propriedades passíveis de receberem o selo. Além de inovadoras, tais ferramentas visam a agilidade no processamento e segurança das informações coletadas. A plataforma de software a ser desenvolvida será composta por dois sistemas: (1) aplicativo móvel, e; (2) aplicação web. Esta última, por sua vez, conterá três módulos: Módulo Gestor Web (disponível para os gestores dos dados); Módulo do Produtor (disponível para o produtor); e Módulo de Auditoria e Certificação (disponível para as empresas certificadoras). A metodologia de desenvolvimento será efetuada em fases: (1) definição dos requisitos da plataforma; (2) modelagem e projeto; (3) implementação do protótipo, com base nos critérios fornecidos; (4) implementa-

(1) Bolsista PIBIC - Embrapa Gado de Corte, mariodearaujocarvalho@gmail.com. (2) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

ção do produto final; e, (5) teste e validação. O aplicativo móvel será desenvolvido para a plataforma Android, devido a sua maior presença no mercado, e auxiliará o produtor a verificar a adequação das áreas de sua propriedade ao protocolo CCN. Caso a área seja considerada apta, as informações cadastradas poderão ser enviadas para a aplicação web, onde ficarão disponíveis para as certificadoras. Estas, com os dados disponibilizados pelos produtores, poderão agendar uma visita técnica para certificar oficialmente a área e obter, caso se adequem aos pré-requisitos, o selo CCN.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e CNPq.

Imunização com vacina de DNA contra Linfadenite Caseosa e análise da resposta imune em camundongos

Primeiro autor: Matheus de Souza Santana
Demais autores: Santana, M. S.[1]; Gomes, J. S.[2]; Rosinha, G. M. S.[3]; Soares, C. O.[3]; Coelho, M. B.[3]; Santos, L. R.[3]*

Resumo

A Linfadenite Caseosa (LC) é uma das principais doenças infecto-contagiosas que acometem ovinos e caprinos, cujo agente etiológico é a bactéria *Corynebacterium pseudotuberculosis*. No Brasil, a LC é endêmica e possui uma prevalência clínica média de aproximadamente 30% dos animais. Como sua notificação não é obrigatória, sua prevalência real é geralmente subestimada. Muitos criadores desconhecem seu impacto econômico e não identificam animais com sintomas subclínicos, dificultando assim seu controle. Esta enfermidade é caracterizada por causar abscessos em linfonodos superficiais e/ou pele, linfonodos internos e órgãos como os pulmões e fígado. Estes abcessos possuem material purulento de cor amarelo-esverdeada e consistência firme. A vacinação é considerada como ação de profilaxia e reduz a ocorrência de abscessos no rebanho em até 70%. A maioria das vacinas comercializadas contra LC é combinada com outros patógenos, geralmente do gênero *Clostridium*. No ano 2000, o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (Mapa/Brasil) licenciou a vacina 1002 Atenuada® contra a LC, formulada a partir da amostra 1002 de *C. pseudotuberculosis* a qual pode con-

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco, matheus-medvet18@outlook.com. (2) Doutoranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

ferir 83,3% de proteção em caprinos. No entanto, esta vacina não vem fornecendo os mesmos índices a campo. A utilização de novos antígenos pode gerar vacinas que sejam mais eficazes no controle da doença. Uma possibilidade, objeto deste estudo, é avaliar novos antígenos em estratégias de imunização inovadoras. Assim, grupos de camundongos serão imunizados com DNA/antígeno e DNA/antígeno encapsulado em nanopartículas, incluindo seus respectivos controles. Amostras de sangue/soros serão coletados para detecção de IgG total, IgG1 e IgG2a por ELISA. A retirada do baço será realizada para obtenção e cultivo de esplenócitos para a estimulação específica das citocinas interferon-gama (INF-γ) e interleucina-10 (IL-10). Espera-se uma maior produção de IgG2a que condiz com uma resposta celular do tipo Th1, mediada por altos níveis de IFN-gama, importante para o combate de *C. pseudotuberculosis*.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect e CNPq.

Correlações entre características no melhoramento de *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Matheus Zanardo Scanzani
Demais autores: Scanzani, M . Z.[1*]; Jank, L.[2]; Santos, M. F.[2]; Nonato, T. B.[1]; Teixeira, A. G.[3]; Santana, T. S.[1]

Resumo

Panicum maximum se adapta em várias regiões do Brasil e se destaca pela elevada produtividade, qualidade e produtividade animal. Nos trabalhos de melhoramento genético, é importante se conhecer quais características são correlacionadas e qual a direção da correlação, uma vez que várias características são levadas em consideração na seleção final de híbridos. O objetivo no presente trabalho foi estudar as correlações entre as características de produção e valor nutritivo em duas épocas em híbridos de *P. maximum*. O experimento implantado em fevereiro de 2016 envolve 170 genótipos em parcelas de dez plantas em delineamento em blocos ao acaso com duas repetições. A produção forrageira (matérias verde, seca total e seca de folhas) foi avaliada por meio de um corte na seca em setembro de 2016 (110 dias de crescimento) e um nas águas em janeiro de 2017 (35 dias de crescimento). O valor nutritivo da forrageira [proteína bruta (PB), digestibilidade (DIG), fibras detergente neutro e ácido, lignina e celulose] foi avaliado por meio da Espectroscopia no Infravermelho Próximo (NIRS). Os dados foram correlacionados por meio do SAS. As correlações entre as variáveis de produção foram altas nas duas épocas (acima de 0,81).

(1) Graduandos da Universidade Católica Dom Bosco, mzanardo717@gmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Graduanda da Universidade Anhanguera/MS. * Autor correspondente.

Altas correlações foram encontradas entre todas as características de valor nutritivo nas folhas; as correlações de PB e DIG com as demais foram negativas, o que é vantajoso ao melhoramento. Outra vantagem também é a correlação de PB com DIG acima de 0,51. As correlações das características de produção com as de valor nutritivo foram baixas na seca e não significativas nas águas. As correlações entre folhas e colmos de todas as variáveis foram maiores na época da seca, possivelmente devido ao maior tempo de crescimento. Conclui-se que há possibilidade de seleção de híbridos produtivos e de maior valor nutritivo para as águas e para seca.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Unipasto.

Manejo para produção de sementes de *Brachiaria* spp.

Primeiro autor: Maycon Antonio da Silva de Oliveira
Demais autores: Oliveira, M. A. S.[1*]; Verzignassi, J. R.[2]; Barrios, S. C. L.[2]; Fernandes, C. D.[2]; Valle, C. B.[2]; Libório, C. B.[3]; Lima, N. D.[1]; Corado, H. S.[2]; Jesus, L.[2]; Silva, M. A.[2]; Rocha, F. R. M.[4]; Castro, G. G.[1]; Martins, W. L.[1]; Andrade, D. F. M.[5]

Resumo

No Brasil, maior produtor, consumidor e exportador de sementes de espécies forrageiras tropicais, produzindo anualmente mais de 150 mil toneladas, a produção de sementes de forrageiras tropicais tem sido praticamente baseada no conhecimento dos produtores, o que proporciona redução na relação benefício/custo ou redução na produtividade. O objetivo deste trabalho será gerar conhecimentos e tecnologias para suprir uma das demandas prioritárias do setor produtivo de sementes de gramíneas forrageiras, a de lançar sementes de cultivares com os sistemas de produção pré-definidos, em especial no que tange as respostas a diferentes épocas de corte de uniformização e níveis de fertilidade de plantas em N. Os ensaios serão conduzidos na Embrapa Gado de Corte, em Latossolo Vermelho Distroférrico, textura argilosa. Os materias utlizados serão: acesso B140 (*B. brizantha*) e BRS RB331 Ipyporã (*B. brizantha* x *B. ruziziensis*). Cada um dos materias genéticos constituirá um ensaio, cujos tratamentos serão representados por épocas de cortes X doses de N (zero, 50, 100 e 200 kg N/ha, sob forma de ureia) e, após estabelecida a época de corte de uniformização para

(1) Estudante de Graduação Universidade Anhanguera-Uniderp, mayckantonio@live.com. (2) Embrapa Gado de Corte. (3) Doutoranda do IF Goiano – Rio Verde/GO. (4) Estudante de Graduação Universidade Católica Dom Bosco. (5) Estudante de Graduação Universidade Estadual de Londrina. * Autor correspondente.

cada genótipo. Análises químicas foliares serão efetuadas no pré-florescimento das plantas. Na mesma época, a mensuração de clorofila será efetuada por meio de clorofilômetro portátil. A colheita das sementes será efetuada, nas inflorescências e por varredura, em área útil. Novas análises de solo serão efetuadas imediatamente após a colheita das sementes. Serão avaliados: a) Início do florescimento das plantas forrageiras; b) Número de inflorescências totalmente expandidas; c) Biomassa de plantas; d) Produção de sementes puras; e) Germinação; f) Viabilidade, pelo teste de tetrazólio. Assim, de acordo com o exposto, pretende-se definir, pelo menos, uma estratégia de manejo baseada em cortes de uniformização e adubação para incremento na produtividade e na qualidade da produção de sementes de cada um dos genótipos de *Brachiaria* testados.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq, Unipasto, Universidade Católica Dom Bosco, Universidade Anhanguera-Uniderp, IF Goiano, Universidade Estadual de Londrina, Fundapam.

Avaliação do potencial de produção de sementes por híbridos de *Brachiaria* spp. em Campo Grande, MS

Primeiro autor: Natália Dias Lima
Demais autores: Lima, N. D.[1*]; Verzignassi, J. R.[2]; Barrios, S. C. L.[2]; Fernandes, C. D.[2]; Valle, C. B.[2]; Ramos, A. K. B.[3]; Libório, C. B.[4]; Silva, M. A.[2]; Jesus, L.[2]; Corado, H. S.[2]; Rocha, F. R. M.[5]; Oliveira, M. A. S.[1]; Castro, G. G.[5]; Martins, W. L.[5]; Andrade, D. F. M.[6]

Resumo

O Programa de Melhoramento de Forrageiras da Embrapa é responsável por grande parte dos lançamentos em abrangência de uso de cultivares de forrageiras tropicais no Brasil. O objetivo foi avaliar híbridos e acessos de *Brachiaria* superiores em produção de sementes, sendo 44 genótipos de *Brachiaria* spp. (20 híbridos intraespecíficos de *Brachiaria decumbens*, 20 híbridos interespecíficos de *B. decumbens* x *B. ruziziensis* x *B. brizantha* e quatro acessos da coleção de germoplasma). Mudas de cada material foram transplantadas em nov/dez/2016 para áreas de multiplicação de até 340 m^2 em Latossolo Vermelho, Distrófico. As áreas foram corrigidas quanto à fertilidade por calagem, adubação básica e cobertura. A colheita foi realizada manualmente e/ou com máquina automotriz colhedora de parcelas. Posteriormente, foram submetidas ao beneficiamento e análises das qualidades física e fisiológica. As colheitas ocorreram de 22/02/17 até 16/06/17 e, para alguns genótipos, houve até quatro colheitas. A produtividade em sementes puras (SP) variou de 0,08 a 139 kg/ha e os melhores genótipos foram os híbridos interespecíficos 970-10,

(1) Graduanda da Universidade Anhanguera-Uniderp, nataliadlima_@hotmail.com. (2) Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Cerrados. (4) Doutoranda do IF Goiano – Rio Verde/GO. (5) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco. (6) Graduando da Universidade Estadual de Londrina. * Autor correspondente.

233-10, 798-10, 1115-10, 141-10 e 1242-10, apresentando 79, 84, 91, 93, 113 e 139 kg/ha, respectivamente, com valores de até 85% para tetrazólio e de 1,5 a 58% para germinação, indicando existência de dormência logo após a colheita para alguns genótipos. Da mesma forma, houve grande variação para índice de velocidade de germinação, primeira contagem de germinação e peso de mil sementes, este último variando de 5,3 a 11,1 g. Oito genótipos intraespecíficos não produziram sementes e outros três genótipos não produziram sementes cheias. Vinte genótipos produziram menos que 20% de sementes cheias em peso. Para os seis melhores genótipos, a percentagem de sementes cheias em número e peso variaram de 7 a 14 e de 20 a 40, respectivamente. Todos os genótipos avaliados produziram, no máximo, 14% de sementes cheias em número. Alguns híbridos sobressaíram em produtividade de sementes em primeiro ano.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq, Unipasto.

Ferramentas genético-genômicas para *Brachiaria decumbens*: uma importante gramínea forrageira

Primeiro autor: Rebecca Caroline Ulbricht Ferreira
Demais autores: Ferreira, R. C. U.[1*]; Lara, L. A. C.[2]; Chiari, L.[3]; Barrios, S. C. L.[3]; do Valle, C. B.[3]; Garcia, A. A. F.[4]; de Souza, A. P.[5]

Resumo

Brachiaria decumbens é uma gramínea forrageira de origem africana, predominantemente alotetraploide e apomítica, que desempenha papel relevante na pecuária brasileira. Apesar da enorme importância, estudos a nível molecular são limitados devido, principalmente, à complexidade genética da espécie. Nesse contexto, esse trabalho teve como objetivo desenvolver ferramentas genético-genômicas para *B. decumbens*. Uma população inédita com 239 híbridos intraespecíficos foi gerada na Embrapa Gado de Corte. Bibliotecas genômicas foram construídas para a identificação de marcadores moleculares: (1) biblioteca enriquecida com microssatélites; (2) e biblioteca GBS. Os marcadores microssatélites foram analisados em gel de poliacrilamida. Dados brutos de GBS foram analisados no pipeline TASSEL-GBS. Cinco genomas de referência foram utilizados para alinhamento das tags em Bowtie2. A estimação da dosagem alélica foi realizada no software SuperMASSA. A partir da biblioteca de microssatélites, obteve-se 82 *primers* polimórficos que foram transferidos com sucesso para outras quatro espécies do

(1) Doutoranda da Universidade Estadual de Campinas- Unicamp, rebeccaulbricht@gmail.com. (2) Doutoranda da Universidade de São Paulo – Esalq - USP. (3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (4) Professor e Pesquisador do Departamento de Genética da Universidade de São Paulo – Esalq - USP. (5) Professora e Pesquisadora do Instituto de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Campinas. * Autor correspondente.

gênero, evidenciando a proximidade genética de *B. decumbens* com *B. brizantha* e *B. ruziziensis*. A população de mapeamento foi genotipada com 47 *primers*, o que possibilitou a identificação de 154 marcadores dominantes e a discriminação de falsos híbridos. O sequenciamento da biblioteca GBS gerou mais de um bilhão de *reads*. A taxa de alinhamento global foi de aproximadamente 15,3% para todos os genomas de referência utilizados. No total, 262.449 marcadores SNPs foram obtidos pelo TASSEL-GBS, sendo que a partir do genoma de *Setaria viridis* foram selecionados 4.240 marcadores com dosagem alélica estimada. Os marcadores moleculares serão utilizados para construir o primeiro mapa genético intraespecífico de *B. decumbens*, a partir do qual será possível detectar QTLs importantes para o programa de melhoramento. Os resultados gerados irão contribuir para o conhecimento genético-genômico da espécie e, integrados com o melhoramento clássico, contribuirão para uma futura seleção genômica, reduzindo o custo e o tempo para o lançamento de novas cultivares.

Parceria / Apoio financeiro

Capes, Embrapa Gado de Corte, Fapesp e Unicamp.

Efeito do nível de fertilidade do solo nos parametros genéticos de diversos caracteres em *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Renan Marcos da Silva
Demais autores: Silva, R. M.[1*]; Pereira, C. H. P.[2]; Santos, M. F.[3]; Jank, L.[3]; Araújo, A. R.[3] Barrios, S. C. L.[3]; Valle, C. B.[3]

Resumo

A espécie *Panicum maximum* é responsiva ao aumento da fertilidade do solo. O cultivo desta espécie em solos com diferentes níveis de fertilidade pode afetar os parâmetros genéticos populacionais. O objetivo deste trabalho foi estimar médias e variâncias genéticas de caracteres forrageiros e correlações entre caracteres em solos de baixa fertilidade (SBF) e de alta fertilidade (SAF), assim como verificar o efeito do nível de fertilidade nestes parâmetros. Para isso, na Embrapa Gado de Corte em 2017, 24 genótipos foram avaliados em um experimento em blocos ao acaso com três repetições em solo de baixa (SBF) e alta fertilidade (SAF). As parcelas foram duas linhas de cinco plantas espaçadas 0,5 m entre plantas e 1,5 m entre parcelas. Os caracteres avaliados nas parcelas foram produção de matéria seca foliar (PMSF), porcentagem de folhas (PorF), proteína bruta da folha (PBF), digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica da folha (DIVMOF) e fibra em detergente neutro (FDN). Análises estatístico-genéticas foram realizadas com base em modelos mistos e as médias preditas foram utilizadas para obtenção da média geral, coeficiente de variação genética (CVG) e correlações entre caracteres. O aumento da fertilidade do solo elevou a média dos

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, renanagro54@gmail.com. (2) Doutorando da Universidade Federal de Lavras - UFLA. (3) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

caracteres entre 1,0% (PorF) a 85,7% (PMSF), indicando um elevado efeito na produção de forragem. Já os CVG reduziram para todos os caracteres, exceto DIVMOF, entre -2,7% (PBF) e -39,8% (PMSF), indicando uma menor variância genética e menor resposta a seleção no SAF. As correlações entre caracteres variaram entre -0,70 (PorF e PBF) e 0,49 (PBF e DIVMOF) no SAF e de -0,74 (PorF e PBF) e 0,50 (PBF e DIVMOF) no SBF, não sendo afetadas pela fertilidade do solo. Esses resultados mostram que o nível de fertilidade do solo altera a média e a variância genética dos caracteres em *P. maximum*, principalmente para o caráter PMSF.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq e Unipasto.

Efeito da lasalocida sódica sobre o desempenho produtivo de vacas Nelore e seus bezerros na época das águas

Primeiro autor: Ricardo Favero
Demais autores: Favero, R.[1]; Nicacio, A. C.[2]; Menezes, G. R. O.[2]; Mizubuti, I. Y.[3], Oliveira, L. O. F.[2]; Neves, A. P.[1]; Araújo, T. L. A. C.[4]; Silva, A. M.[5], Gomes, R. C.[2]*

Resumo

O sucesso da atividade de cria tem grande impacto na pecuária de corte. Neste sentido, a utilização de aditivos alimentares constitui uma alternativa para aumentar a produtividade nesta fase, incrementando a eficiência do sistema produtivo como um todo. Assim, objetivou-se avaliar o efeito da lasalocida sódica adicionada ao suplemento mineral sobre o desempenho de vacas Nelore e seus bezerros na época das águas. O estudo foi desenvolvido na Fazenda Modelo da Embrapa Gado de Corte, Terenos, MS. Foram utilizadas 172 vacas Nelore multíparas paridas, distribuídas em uma área de aproximadamente 200 hectares dividida em quatro piquetes formados por *Brachiaria brizantha* cv. Marandu. Foi ofertada suplementação mineral (80 g de fósforo/kg), sendo que dois lotes (n = 88) receberam suplemento acrescido de 750 mg/kg de lasalocida e dois lotes (n = 84) suplemento sem a presença do aditivo. Os suplementos foram ofertados *ad libitum* em cochos cobertos com acesso para as vacas e bezerros por um período de 131 dias. Sobras foram pesadas mensalmente para determinação do con-

(1) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina – UEL, bolsista CAPES, *ricardo.mvet@yahoo.com.br. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Professora da Universidade Estadual de Londrina – UEL. (4) Doutorando da Universidade Federal do Ceará – UFC. (5) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB. * Autor correspondente.

sumo diário. Os animais foram pesados no início e final do período e nestas ocasiões foram aferidos os escores de condição corporal (ECC) das vacas. Os bezerros foram desmamados com média de 208 dias de idade. Os dados foram submetidos à ANOVA utilizando-se o PROC GLM (SAS) a 5% de significância. Verificou-se que o consumo de suplementos foi muito próximo entre os tratamentos (100 vs. 96 g/dia). Com relação ao desempenho das vacas, não houve efeito da inclusão de lasalocida no suplemento mineral para os pesos inicial, final e GMD, assim como nos ECC inicial e final ($P>0,05$). Quanto aos bezerros, também não foram observadas diferenças no peso inicial, peso a desmama e GMD ($P>0,05$). A adição de lasalocida no suplemento mineral fornecido na época das águas não interfere no desempenho de vacas Nelore e de seus bezerros.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UEL, CAPES, CNPq, Fundect e Connan Nutrição Animal.

Marcadores baseados em RNA-seq aplicados na diferenciação molecular de cultivares de *Panicum maximum*

Primeiro autor: Suelen de Jesus Oliveira
Demais autores: Oliveira, S. J.[1]; Vilela, M. M.[2]; Meireles, K. G. X.[3*]

Resumo

Valendo-se da oportunidade de utilização de tecnologias de sequenciamento de nova geração, e da aquisição de um equipamento de eletroforese capilar automático e de alto rendimento, a equipe do Laboratório de Biotecnologia Vegetal vem, desde 2015, investindo esforços no desenvolvimento de marcadores microssatélites (SSRs) inéditos, capazes de diferenciar cultivares de *Panicum maximum* lançados pela EMBRAPA. A partir do RNA isolado de cinco genótipos elite da forrageira, bibliotecas de cDNA foram produzidas e sequenciadas em plataforma Illumina, gerando milhares de transcritos. Ferramentas de bioinformática foram aplicadas nesse banco de sequencias para prospecção de SSRs, seguida pela seleção de um conjunto de loci com potencial para discriminar os genótipos. *Primers* foram desenhados e sintetizados para 31 SSRs. Os objetivos do presente trabalho foram aperfeiçoar condições de amplificação e caracterizar o polimorfismo de 31 loci de microssatélites, como também avaliar o potencial de discriminação desses marcadores em 8 cultivares da EMBRAPA e 1 cultivar do mercado. Reações de PCR foram preparadas para amplificar a região do SSR no genoma de cada cultivar. Os produtos de PCR foram avaliados em gel de agaro-

(1) Graduanda em Ciências Biológicas pela Universidade Anhanguera-UNIDERP. (2) Analista da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte karem.meireles@embrapa.br. * Autor correspondente.

se, e os que confirmaram amplificação foram submetidos à separação eletroforética no LabChip. Foram descartados 21 marcadores por não amplificarem ou por se revelarem monomórficos dentre os cultivares. Outros 7 SSRs mostraram polimorfismo dentre os genótipos, apresentando fragmentos de diferentes tamanhos que podem ser facilmente usados para distingui-los. E 3 SSRs amplificaram exclusivamente em uma cultivar EMBRAPA, resultado confirmado por eletroforese capilar e em agarose, sugerindo se tratar de um marcador robusto para identificação específica desse genótipo. A próxima etapa do trabalho consiste em validar os resultados dos 10 marcadores potenciais, utilizando-se sementes de procedências distintas. Os microssatélites selecionados nesse estudo serão somados a outros desenvolvidos por outra estratégia, compondo um único painel de marcadores úteis para diferenciação molecular em *Panicum maximum*.

Parceria / Apoio financeiro

Unipasto.

Parâmetros genéticos de características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol no Brasil

Primeiro autor: Taynara Raimundo Martins
Demais autores: Martins, T. R.[1]; Menezes, G. R. O.[2]; Pádua J. T.[3]; Gondo, A.[4]; Torres Júnior, R. A. A.[2]; Nobre, P. R. C.[5]; Silva, L. O. C.[2]; Taveira, R. Z.[6]*

Resumo

A escolha de recursos genéticos que aprimore o trinômio genética, nutrição e sanidade é de grande importância para a lucratividade dos sistemas de produção animal. Dentre as inúmeras opções de recursos genéticos disponíveis para uso no Brasil, a raça Senepol representa uma interessante opção comprovada pelo expressivo crescimento nos últimos anos. Portanto, o presente estudo tem por objetivo estimar parâmetros genéticos para características de importância zootécnica, a fim de auxiliar os processos de avaliação e seleção genética da raça. Os dados utilizados serão provenientes do Geneplus - Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte, de animais nascidos entre 1961 a 2016. As características estudadas serão peso ao nascer, peso aos 120 dias, peso à desmama, peso ao sobreano, ganho pós - desmama, conformação frigorífica à desmama, conformação frigorífica ao sobreano, perímetro escrotal ao sobreano, área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea. Para a composição do conjunto e análise crítica dos dados

(1) Mestranda da Universidade Federal de Goiás, UFG, taynara_enz@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Professor e Pesquisador do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Goiás. (4) Analista da Embrapa Gado de Corte. (5) Pesquisador da Área de Melhoramento Genético Animal, Programa Geneplus-Embrapa. (6) Professor e Pesquisador do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Goiás e PUC/Goiás. * Autor correspondente.

será utilizado o programa estatístico SAS e na formação dos grupos contemporâneos serão considerados os efeitos de sexo, ano, época de nascimento, regime alimentar, grupo de manejo, data de medida, grupo genético do produto e se o animal é produto de FIV/TE. A estimação dos componentes de (co) variância para obtenção de parâmetros genéticos será realizada utilizando o método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, sob modelo animal, por meio de softwares da família BLUPF90 e pelo software Intergen versão 1.3. Conhecer a variabilidade genética das características de importância zootécnica e suas inter-relações é imprescindível para auxiliar os processos de avaliação e seleção genética, assim como para delinear um programa de melhoramento genético. Espera-se com a realização deste projeto fornecer subsídios para o melhoramento genético da raça Senepol no Brasil.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Universidade Federal de Goiás, Fapeg e Geneplus/Embrapa.

Desenvolvimento de um modelo de *benchmark* para a pecuária de corte

Primeiro autor: Thaís Lopes Gonçalves
Demais autores: Gonçalves, T. L.[1*]; Pereira, M. A.[2]; Costa, F. P.[2]

Resumo

O *benchmark* é uma ferramenta gerencial de mensuração de produtos e práticas e sua comparação com concorrentes. Quando aplicado à bovinocultura de corte, o método permite identificar déficits nos sistemas produtivos e apontar os processos que tornam determinado produtor mais eficiente dentro de um grupo homogêneo. Dada sua importância, o projeto objetiva o desenvolvimento de uma metodologia padronizada de *benchmarking* para a pecuária de corte que viabilize a comparação do desempenho bioeconômico entre propriedades rurais no país. O projeto será desenvolvido em parceria com algumas das principais empresas de consultoria em bovinocultura de corte, com ampla abrangência territorial e contará com as seguintes etapas: (1) Revisão bibliográfica nacional e internacional sobre a aplicação do *benchmarking* nos sistemas de produção agropecuários, (2) seleção dos principais indicadores de desempenho bioeconômico para bovinocultura de corte, (3) proposta de padronização de terminologia e cálculo dos indicadores selecionados, (4) elaboração de um banco de dados, cujas informações serão fornecidas pelas empresas parceiras, (5) processamento dos dados para fins de teste e validação do método, (6) análise de *benchmark* e

(1) Graduanda da Universidade Federal do Pampa – Unipampa, lopesg.thais@gmail.com (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

publicação de resultados. Mediante a aplicação da metodologia, espera-se o incremento nos resultados bioeconômicos das propriedades rurais por meio da melhoria contínua de processos, com foco na gestão e na adoção de tecnologia. "Dentro da porteira" será possível aos gestores identificar as ineficiências do sistema e propor medidas corretivas embasadas em processos reconhecidamente eficientes. Aos órgãos de pesquisa, o método permitirá entender a discrepância de resultados produtivos e econômicos entre empresas rurais sob as mesmas condições, ou ainda déficits comuns a determinada região, podendo subsidiar políticas públicas e embasar ações de extensão rural e transferência de tecnologia. Além disso, ao incentivar uma melhoria contínua na eficiência, o *benchmarking* possibilita uma maior rentabilidade ao produtor, tornando-se uma ferramenta útil na promoção da pecuária sustentável.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte.

Diferenciação de cultivares de *Brachiaria* em estadio juvenil para caracteres qualitativos

Primeiro autor: Thallyson Danchen Teixeira Gonçalves
Demais autores: Gonçalves, T. D. T.[1*]; Santos, I. C.[4]; Gomes, L. L.[4]; Freitas, J. C. R.[1]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B.[2]; Machado, W. K. R.[3]; Candido, A. R.[3]; Queiroz Junior, J. M.[4]

Resumo

No Brasil, o gênero *Brachiaria* é o principal entre as pastagens cultivadas. Existem dúvidas na identificação das diferentes cultivares quando da implantação dos pastos daí a hipótese de se estabelecer características morfológicas no estádio juvenil para auxiliar pesquisadores e produtores a diferenciá-las. Este trabalho objetivou determinar quais caracteres morfológicos possibilitariam a diferenciação dentre as seguintes cultivares: *B. brizantha* (Marandu, Xaraés, BRS Piatã, BRS Paiaguás), o híbrido BRS Ipyporã, *B. humidicola* (Comum, Llanero, e BRS Tupi), *B. decumbens* cv. Basilisk e *B. ruziziensis*. O delineamento foi o de blocos casualizados com 12 repetições para as variáveis de formato do colmo (FC), coloração do colo da planta (CC), pilosidade da bainha (PB), pilosidade da lâmina foliar (PF), coloração da lâmina foliar (CF) e coloração da bainha (CB). As avaliações foram feitas semanalmente, em intervalos fixos, durante oito semanas (aos 7, 14, 21, 28, 35, 42, 49 e 56 dias). Os dados foram obtidos por análise visual e classificados pela Moda, isto é pelos caracteres que surgem com mais frequência num

(1) Graduando da Universidade para o Desenvolvimento do Estado e Região do Pantanal - UNIDERP, thallysonteixeira@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Mestrando da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS. (4) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB. * Autor correspondente.

intervalo de classe dos dados contínuos. Aos 14 dias a CC variou de verde para Tupi e BRS Ipyporã até roxo para Xaraés e *B. ruziziensis*. Já aos 21 dias a PB distinguiu a Marandu e *B. ruziziensis* com alta pilosidade, *versus* Paiaguás e as *B. humidicola* com ausência de pelos. Em geral, a *B. humidicola* obteve diferença no formato do colmo (achatado) e coloração da bainha (roxa) em relação às demais, e a *B. ruziziensis* e o BRS Ipyporã apresentaram alta PF e PB em relação às outras cultivares. Dependendo da data de avaliação e de acordo com os caracteres analisados foi possível observar pequenas diferenças entre as cultivares. Uma segunda avaliação agendada para esse ano permitirá reanalisar essas características e com isso diferenciar cultivares dessas várias espécies em estádio juvenil.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Unipasto.

Desenvolvimento de bibliotecas GBS (*Genotyping-by-Sequencing*) para *Panicum maximum* utilizando duas endonucleases: maior cobertura e profundidade de genomas complexos

Primeiro autor: Thamiris Gatti Deo
Demais autores: Deo, T. G.[1*]; Ferreira, R. C. U.[2]; Moraes, A. C. L.[3]; Jank, L.[4]; Souza, A. P.[5]

Resumo

Panicum maximum é uma das forrageiras tropicais mais produtivas e estudos genético-moleculares são necessários para auxiliar no programa de melhoramento genético da espécie, como a construção de mapas genéticos. Em busca de mapas com uma maior cobertura e profundidade do genoma, novas metodologias têm sido empregadas, baseadas na identificação de marcadores SNP. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo implementar a metodologia de construção de bibliotecas GBS com o uso de duas endonucleases em *P. maximum*. Foi extraído o DNA de 138 híbridos intraespecíficos, provenientes do cruzamento de S10 x cv. Mombaça. A digestão foi realizada em 300 ng de DNA, utilizando a enzima de restrição PstI (corte raro) e MspI (corte frequente). Os fragmentos obtidos foram ligados a adaptadores específicos (*barcodes*), representativos para cada amostra, e ao adaptador comum a todas as amostras de DNA. Posteriormente, um pool contendo 5 μL de cada amostra foi feito, procedido de uma purificação para a retirada de fragmentos e adaptadores não

(1) Mestranda da Universidade Estadual de Campinas - Unicamp, thamirisdeo@gmail.com. (2) Doutoranda da Universidade Estadual de Campinas. (3) Técnica Superior da Universidade Estadual de Campinas. (4) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. (5) Professora e Pesquisadora do Instituto de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Campinas. * Autor correspondente.

ligados, além de posterior amplificação dos fragmentos ligados e, finalmente, uma nova purificação para excluir aqueles inferiores a 100 pares de bases. A validação das bibliotecas foi verificada em equipamento Bioanalyzer e apresentou maior número de fragmentos na faixa esperada de 200 a 400 pb. A comprovação prévia de que estes estão ligados aos adaptadores e de que será sequenciada a faixa esperada, foi visualizada em gel de agarose 2% a partir da amplificação das bibliotecas com um adaptador complementar aos adaptadores contidos nos fragmentos. Os resultados demonstram que esta é uma metodologia adequada para a construção de bibliotecas GBS para gramíneas forrageiras. Os dados gerados serão utilizados para aumentar a cobertura de um mapa genético previamente construído para *P. maximum*.

Parceria / Apoio financeiro

Unicamp, Capes e Embrapa.

Seleção de híbridos de *Panicum maximum* Jacq. visando produtividade na seca

Primeiro autor: Thauane Barbosa Nonato
Demais autores: Nonato, T. B.[1]*; Jank, L.[2]; Santos, M. F.[2]; Santana, T. S.[1];Scanzani, M. Z.[1]; Teixeira. A. G.[3]

Resumo

O *Panicum maximum* é uma das principais forrageiras cultivadas no Brasil e, apresenta destaque pelo grande potencial de produção e valor nutritivo, porém, sua produção na seca é baixa. Na busca por novas cultivares de *P. maximum*, objetivou-se neste trabalho selecionar cruzamentos e híbridos quanto à produção e valor nutritivo na época da seca. Em fevereiro de 2016, foi implantado um experimento de avaliação na Embrapa Gado de Corte com 154 híbridos de nove cruzamentos, seus parentais e oito testemunhas em um delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições. As parcelas consistiram de duas linhas de cinco plantas espaçadas 50 cm entre plantas e linhas, e 1,5 m entre parcelas. Em maio as plantas foram uniformizadas e em setembro foi realizado o corte da seca onde se avaliou a produção de matéria seca foliar (MSF). O valor nutritivo, proteína bruta e digestibilidade *in vitro* da matéria orgânica das folhas foram avaliados por meio da Espectroscopia no Infravermelho Próximo (NIRS). Os dados foram analisados utilizando o SAS. Houve variabilidade entre os cruzamentos para produção de MSF ($p<0,01$), sendo que os híbridos variaram de 1,5 a 8,9 t/ha. Os cruzamentos envolvendo a genitora A42 (A42 x Myiage e

(1) Graduandos da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB/MS, tnonato21@hotmail.com.(2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte, Grupo Vegetal. (3) Graduanda da Universidade Anhanguera/MS. * Autor correspondente.

A42 x PM20) resultaram em maiores médias de MSF (5,8 e 5,4 t/ha, respectivamente), apesar de que este último não diferiu de outros quatro cruzamentos.Os teores de proteína e digestibilidade não variaram entre os cruzamentos (P>0,01), porém os híbridos variaram dentro dos cruzamentos. O cruzamento entre S12 x PM21 se destacou, por apresentar maior número de genótipos com valores superiores a cultivar comercial de maior valor (11 para proteína bruta e 20 genótipos para digestibilidade). Conclui-se que é possível selecionar cruzamentos e híbridos mais produtivos e com melhor valor nutritivo na época seca do ano.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Unipasto.

Avaliação de protocolos para a extração de dna e de marcadores moleculares para a identificação de espécies de *Bipolaris*

Primeiro autor: Thays Benites Camargo Pereira
Demais autores: Pereira, T. B. C.[1*]; Fernandes, C. D.[2]; Chiari, L.[2]; Verzignassi, J. R.[2]; Batista, M. V.[3]

Resumo

A mancha foliar, causada por *Bipolaris maydis*, é a principal doença de *Panicum maximum*. Este fungo apresenta grande diversidade genética e alta variabilidade morfológica, o que dificulta a sua identificação. Objetivando-se caracterizar molecularmente a diversidade genética de *Bipolaris* spp., oriundos de *P. maximum*, foram testados dois métodos de extração de DNA e quatro marcadores moleculares para diferenciação de espécies do fungo. Para o estudo, selecionaram-se seis isolados dentre os 55 presentes na coleção micológica do laboratório de fitopatologia da Embrapa Gado de Corte. Dois métodos para extração de DNA foram testados: Doyle & Doyle modificado e *DNeasy Plant Mini Kit* (Qiagen), seguindo-se as recomendações do fabricante. Avaliou-se também o melhor processo para maceração do micélio fúngico, utilizando-se nitrogênio líquido ou areia de aquário autoclavada. Os marcadores moleculares ITS, GPDH, TEF e LSU foram utilizados nos isolados de *Bipolaris* sp., sendo a reação de PCR processada em um volume final de 25 μL contendo: 50 ng de DNA; 20 pmol.μL^{-1} de cada *primer*; 2,5

(1) Pesquisadora DCR/CNPq-FUNDECT, Embrapa Gado de Corte, tbcpereira@usp.br. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Técnica do Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

mM de cada dNTPs; 350 nM Tris-HCl, 250 mM KCl, 35 nM $MgCl_2$ do 10X PCR Buffer; e 1U Uni-Taq DNA Polymerase (5 $U.\mu L^{-1}$). As melhores concentrações e purezas do DNA genômico foram obtidas pela utilização do método Doyle & Doyle modificado, após maceração do micélio fúngico em areia de aquário autoclavada. Estas concentrações foram maiores que 100 $ng.\mu L^{-1}$ e a razão das absorbâncias 260/280 variando de 1,98 a 2,65. A correta amplificação do fragmento genômico de *Bipolaris* spp. ocorreu somente com a utilização do marcador molecular ITS (≈600 pb). Os demais marcadores não apresentaram amplificação de fragmento conforme o esperado, necessitando assim, de uma reavaliação individual das condições de amplificação. Deste modo, estabeleceu-se um protocolo eficiente para extração do DNA de *Bipolaris* sp., bem como das condições ideais para amplificação das regiões ITS do rDNA do patógeno.

Parceria / Apoio financeiro

CNPq, Fundect, Fundapam, Unipasto e Embrapa.

Plataforma + Precoce: simulação de sistemas de cria, recria e engorda para produção de novilho precoce

Primeiro autor: Thiago Basso
Demais autores: Basso, T.[1]; Paiva, D. M. B.[2]; Cagnin, M. I.[2]; Dias, F. R. T.[3]; Costa, F. P.[4]; Carromeu, C.[5]; Siqueira, R. A. de O.[6]; Gomes, R. da C.[4]*

Resumo

O uso de tecnologias computacionais por parte dos produtores rurais tem figurado como diferencial para ganho de competitividade de mercado e melhorias na produção. No âmbito das Tecnologias da Informação e Comunicação (TICs), os simuladores têm se destacado como ferramentas que permitem ao produtor agregar valor ao seu processo, auxiliando na tomada de decisões gerenciais, desenvolvimento de projetos, uso de recursos, impacto ambiental, dentre outros. O objetivo neste trabalho é desenvolver um software simulador para sistemas melhorados de produção de gado de corte, integrando-o a uma plataforma on-line (Plataforma + Precoce). O desenvolvimento da ferramenta conta com o uso do Titan *Framework* para o *backend* e AngularJS para o *frontend*. Foi realizado um estudo bibliográfico com o intuito de identificar softwares semelhantes. Os trabalhos encontrados foram discutidos tendo em vista a caracterização e identificação de requisitos do software apresentado. Além disso, o simulador proposto irá atender critérios específicos dos pesquisadores da Embrapa, tais como facilidade de

(1) Doutorando do curso de Ciência Animal na Universidade Federal de Mato Grosso do Mestrando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, thiago.basso@gmail.com. (2) Professora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (3) Pesquisador da Embrapa Pantanal. (4) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (5) Analista de TI da Embrapa Gado de Corte. (6) Graduando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.

acesso, por parte do produtor rural, às informações acerca de sistemas melhorados para produção de gado de corte e adaptabilidade em relação à simulação dos diversos sistemas de produção elaborados ou estudados pela instituição. Concluído o desenvolvimento do simulador, protocolos que descrevem os sistemas de produção de gado de corte recomendados pela Embrapa serão disponibilizados para o produtor rural via Plataforma +Precoce, que poderá simular o comportamento desses sistemas com parâmetros ajustados pelo produtor, aproximando o sistema recomendado à situação de sua propriedade. Espera-se que as recomendações presentes nestes protocolos permitam aos produtores ajustar os seus sistemas de produção de modo a obter produtos de melhor qualidade e participar de programas de bonificação de carne de qualidade ofertados no Brasil via iniciativa governamental, indústria ou cooperativas, contribuindo para sua rentabilidade e a melhoria da carne produzida no Brasil.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Embrapa Pantanal e UFMS.

Avaliação do polimorfismo *g.10329t>C* do gene SCD1 em raças bovinas

Primeiro autor: Thiago Gonsalo da Silva
Demais autores: Silva, T. G.[1]; Walker, C. C.[2]; Morais, M. G.[3]; Feijó, G. L. D.[4]; Ferraz. A. L. J.[4]; Egito, A. A.[4]*

Resumo

O perfil de ácidos graxos na carne influencia nas propriedades nutricionais, nos aspectos organolépticos e sua estabilidade oxidativa, além disto, correlaciona-se com doenças cardiovasculares. Estudos indicam que a mutação *g.10329T>C*, no gene SCD1, eleva a proporção de ácidos graxos monoinsaturados e o marmoreio na carne. Visando buscar alternativas para a produção de carne mais saudável, estimou-se a frequência alélica desta mutação em raças bovinas para avaliar a segregação do alelo favorável. Foram genotipados 291 animais das raças Brangus (BRA-133), Pantaneiro (PAN-35), Caracu (CA-31), Curraleiro Pé-Duro (CPD-27), Crioulo Lageano (CL-18), Guzerá (GU-15), Wagyu (WA-15), Nelore (NEL-9) e Gir (GI-8). O DNA foi obtido a partir de amostras sanguíneas. Usou-se técnica de PCR em Tempo Real com volume final de 7 μL, contendo: 3,5 μL de Master Mix 2.0X, 0,18 μL de ensaio (SCD1.878) e 90 ng de DNA. Foram utilizados equipamento e programa StepOnePlusTM da Applied Byosystems para amplificação das amostras e interpretação dos resultados por contagem direta dos genótipos e alelos. Contrariando as expectativas, o genótipo favorável CC foi encontrado em

(1) Graduando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, thiagogonsalo@gmail.com. (2) Doutoranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (3) Professora e Pesquisadora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. (4) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

maior proporção em NEL, GI, BRA e GU, com 88,8%; 87,5%; 75,9% e 73,3%, respectivamente e em menor proporção nas raças taurinas CU – 3,7%; CA – 6,4% e CL – 11,1%. A frequência alélica de C nas raças localmente adaptadas foi de: PAN – 51,4%; CL – 27,7%; CA – 27,4% e CU – 12,9%. Houve variação das médias das frequências alélicas e genotípicas nas raças comerciais e as localmente adaptadas. Os resultados apontam que este SNP não pode ser utilizado como marcador para marmoreio já que ocorre em maior proporção em raças zebuínas do que em raças taurinas. Estudos de associação com o perfil lipídico devem ser conduzidos para comprovação de sua utilização nestas populações, contudo a presença deste indica que é possível realizar seleção para o aumento deste alelo caso seja de interesse.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFMS e CNPq.

Método prático para determinação de perdas por escoamento de suplemento mineral

Primeiro autor: Thiago Luís Alves Campos de Araújo
Demais autores: Araújo, T. L. A. C.[1]; Neves, A. P.[2]; Favero, R.[2]; Silva A. M.[3]; Oliveira, L. O. F.[4]; Menezes, G. R. O.[4]; Nogueira, E.[5]; Pereira, E. S.[6]; Gomes, R. C.[4]*

Resumo

Para estimar com maior precisão o consumo de suplemento mineral ofertado em cochos expostos, propôs-se um método simples e prático de medir perdas por escoamento pela chuva. O método consiste no uso de um dispositivo feito com garrafa plástica. A garrafa é seccionada formando um funil, o qual deve ser fixado invertido na extremidade de que foi retirado. Abrem-se orifícios de 3 mm na base da garrafa para drenar o excesso de água após a filtragem. Acima dos furos de drenagem, abre-se um orifício para aliviar a pressão de enchimento. Sobre o funil, prende-se um cone invertido feito com papel filtro de celulose, previamente pesado e identificado. Encaixa-se o dispositivo abaixo do orifício de drenagem do cocho de suplemento, onde deve permanecer durante a avaliação. Em seguida, leva-se o filtro com resíduos para análises laboratoriais. Para verificar a eficiência do método, utilizou-se 72 animais, alocados em 12 piquetes de 5,6 ha, recebendo dois tipos de suplemento: um suplemento tradicional em pó e outro suplemento granulado. Os suplementos foram ofertados em cochos de tambor com orifícios de 5 mm para escoamento de água das chuvas. Abaixo dos

(1) Doutorando da Universidade Federal do Ceará - UFC, thiagotor4@hotmail.com. (2) Doutorando da Universidade Estadual de Londrina. (3) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco. (4) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (5) Pesquisador da Embrapa Pantanal. (6) Docente da Universidade Federal do Ceará * Autor correspondente.

orifícios dos cochos foram acoplados dispositivos de coleta. A cada 14 dias, os filtros eram retirados, substituídos, secos em estufa e pesados para determinação dos sólidos retidos. Simultaneamente, verificou-se o desaparecimento de suplemento no cocho (oferta menos sobra) e ganho de peso dos animais. Os dados foram submetidos a ANOVA. Não houve efeito ($P>0,05$) do tipo de suplemento sobre peso e ganho de peso dos animais. Houve maior desaparecimento ($P<0,05$) do suplemento em pó. Observou-se maiores perdas ($P<0,05$) por escoamento do suplemento em pó (0,64 g/d) em relação ao granulado (0,26 g/d). Pode-se concluir que o método é sensível para estimar variações nas perdas por escoamento de sólidos de suplementos minerais expostos a chuva.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Connan Nutrição Animal.

Respostas fisiológicas e estruturais do capim-piatã sob níveis de sombreamento em sistemas de integração na época seca

Primeiro autor: Valéria Ana Corvalã dos Santos
Demais autores: Santos, V. A. C.[1]; Santos, P. M.[2]; Almeida, R. G.[3]; Laura, V. A.[3]; Pereira, M.[4]; Glatzle, S.[5]*

Resumo

O capim-piatã (*Brachiaria brizantha* cv. BRS Piatã) destaca-se como uma das principais forrageiras cultivadas em sistemas de integração no Brasil, por seu valor nutritivo e adaptação em consórcio. Sistemas de integração lavoura-pecuária-floresta (ILPF) são apontados como importantes estratégias para sustentabilidade na produção agropecuária, e seu sucesso depende da tolerância da planta forrageira ao sombreamento. Neste contexto, objetivou-se avaliar as respostas fisiológicas e estruturais do capim-piatã sob níveis de sombreamento, bem como as mudanças no acúmulo de biomassa da forrageira, em sistemas de ILPF na época seca. O capim-piatã foi avaliado em dois sistemas de ILPF, com arranjos de árvores de eucalipto de 14x2 m (com 357 árvores ha^{-1}), e 22x2 m (com 227 árvores ha^{-1}) comparados a um sistema de integração lavoura-pecuária (ILP, a pleno sol), no campo experimental da Embrapa Gado de Corte. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As avaliações foram realizadas no período de julho a setembro de 2015. Foram avaliadas as características: fotossíntese foliar, índice de área foliar (IAF), área foliar especifica (AFE), ângulos foliares (Â), coefi-

(1) Doutoranda da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – ESALQ/USP, valeria.corvala@usp.br. (2) Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste. (3) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (4) Mestranda da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, (5) Doutoranda da Universidade de Hohenheim. * Autor correspondente.

ciente de extinção (k) e acúmulo de forragem. A fotossíntese foliar não variou entre os sistemas, porém o sistema a pleno sol apresentou maior produção de forragem (2.622 kg ha^{-1} de MS). IAF e AFE foram maiores a pleno sol (1,8 e 314,2 cm^2 g^{-1} respectivamente) e não diferiram entre os sistemas sombreados (IAF médio de 0,4 e AFE média de 212,5 cm^2 g^{-1}). Entretanto, maiores valores de k e menores de Â foram encontrados nos sistemas sombreados, indicando que as folhas se apresentam em uma disposição mais horizontal. Sistemas de ILPF modificaram a arquitetura do dossel forrageiro para potencializar a absorção de luz e manter a taxa de fotossíntese foliar, porém, estas modificações não foram suficientes para manter a produção de forragem na época seca.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Esalq/USP, Capes e Unipasto.

Desempenho de novilhos Nelore em sistemas silvipastoris

Primeiro autor: Viviane da Silva Teles
Demais autores: Teles, V. S.[1]; Almeida, E. M.[2]; Costa, G. F.[3]; Almeida, R. G.[4]; Gomes, R. C.[4]; Miyagy, E. S.[5]*

Resumo

O desempenho animal em sistemas silvipastoris pode ser favorecido, pois com o sombreamento as plantas forrageiras podem apresentar melhor valor nutritivo. Objetivou-se avaliar a produtividade animal em pastos de *Brachiaria brizantha* cv. BRS Piatã, em sistemas silvipastoris (SSP) comparados com pastagem em monocultivo (PM). Os sistemas foram estabelecidos em dezembro de 2015, em Ribas do Rio Pardo-MS. As avaliações foram realizadas no período de abril a julho de 2017. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados em esquema de parcelas subdivididas (no tempo), com duas repetições. Os tratamentos foram: PM (I), SSP com 178 (II), 238 (III), 357 (IV) e 441 (V) árvores/ha. Os componentes florestais utilizados foram: *Corymbia citriodora* e híbridos de eucalipto, Urocam VM01, Toreliodora e Urograndis I144, que apresentavam altura média de 7,0 m. O método de pastejo foi o contínuo, com taxa de lotação variável. Os animais apresentavam peso corporal inicial médio de 260 kg, foram distribuídos ao acaso e receberam água e suplemento protéico-energético a 0,2%

(1) Graduanda em Medicina Veterinária da Universidade Católica Dom Bosco – UCDB, vivianeteles_fefe@hotmail.com. (2) Mestrando da Universidade Federal de Goiás, Programa de Pós-graduação em Zootecnia. (3) Mestrando da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Programa de Pós-graduação em Zootecnia. (4) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (5) Professora da Universidade Federal de Goiás, Programa de Pós-graduação em Zootecnia * Autor correspondente.

do peso vivo. Os animais foram pesados a cada 56 dias para cálculo do ganho médio diário (GMD) e ganho por área (GPA). O GMD foi semelhante entre os sistemas (507 g/animal/dia) e houve diminuição no GMD entre os meses de abril e julho (632 *vs* 383 g/animal/dia). A redução da razão folha:colmo ao longo do período seco limita o valor nutritivo do pasto, refletindo em menores GMD. O GPA não diferiu entre os sistemas (111 kg/ha de peso vivo). Conclui-se que ao longo do período seco, o GMD diminui e o GPA não foi influenciado pelos sistemas.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFG, UCDB, Capes, CNPq e Unipasto.

Fortalecimento e consolidação do Sistema de Inteligência Estratégica em Carne Bovina - CICARNE

Primeiro autor: Wagner Luis Bertoldo
Demais autores: Bertoldo, W. L.[1]; Malafaia, G. C.[2]*

Resumo

Sabe-se que nas próximas décadas, a expansão da produção agropecuária brasileira deverá se manter sustentada. Tal trajetória irá consolidar a posição do Brasil como uma das principais superpotências agrícolas do Mundo, e um dos principais países que, via mecanismos de mercado, contribuirá para a segurança alimentar nos diferentes continentes. O objetivo geral desse projeto é identificar os principais desafios de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação (PD&I) e Transferência de Tecnologia (TT), bem como as atuais tendências e incertezas críticas para a cadeia produtiva da carne bovina no Brasil, no período de 2016 a 2036, fortalecendo e consolidando, desta forma, o Centro de Inteligência da Carne Bovina (CICARNE) dentro do âmbito da Embrapa e de seus Stakeholders. Serão coletados dados estratégicos (produção, mercado, tecnologia, logística, sanidade, ambiente institucional, sustentabilidade) referentes aos elos da cadeia produtiva da carne bovina. Para tanto, as seguintes atividades serão necessárias: Identificação das variáveis da cadeia produtiva da carne bovina; Seleção das variáveis bioeconomicas; Identificação das fontes de origem dos dados selecionadas; Compilação e organização dos dados, criando-se universos de dados

(1) Graduando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, wagner_bertoldo@hotmail.com (2) Doutor em Agronegócios e Pesquisador na Embrapa Gado de Corte * Autor correspondente.

sobre a pecuária de corte; Inserção e cruzamento destes dados com outros universos dentro da plataforma de BI já existente na Embrapa; e Elaboração e disponibilização de produtos de BI. Metodologicamente, o PA (Plano de Ação) possui três fases: Planejamento e elaboração; Construção; Apresentação e Validação. O resultado entregue será a disponibilização de forma segura de produtos de BI na plataforma do CICARNE com dados, informações e indicadores da cadeia produtiva da pecuária de corte. Serão disponibilizados dados estratégicos referentes aos elos de insumos, sistema de produção, indústria, distribuição e consumo final. Serão desenvolvidos sistemas operacionais para a plataforma do CICARNE, bem como aplicativos mobile para acesso as informações (ambas passíveis de Propriedade Intelectual - PI).

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e Pibic/CNPq.

Estimação de parâmetros genéticos e seleção de híbridos de *Brachiaria* spp. em diferentes intensidade de seleção

Primeiro autor: Wyverson Kim Rocha Machado
Demais autores: Machado, W. K. R.[1*]; Barrios, S. C. L.[2]; Valle, C. B.[2]; Amaral, P. N. C.[3]; Candido, A. R.[1]; Queiroz Júnior, J. M.[4]; Santos, M. F.[2]; Jank, L.[2]

Resumo

Brachiaria apesar de ser a principal forrageira no Brasil tropical, conta com poucas cultivares disponíveis e sua vasta utilização ocasionou monocultivos. Visando aumentar as opções de cultivares, objetivou-se avaliar híbridos interespecíficos de Brachiaria previamente selecionados quanto a características agronômicas e nutritivas e selecionar híbridos superiores. 96 híbridos foram avaliados em campo experimental com delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e cinco plantas por parcela, espaçadas de 1,0 x 0,5 m utilizando as cultivares Marandu, Paiaguás e Mulato II como testemunhas. As variáveis agronômicas foram: peso verde de campo (PVC), rebrota (REB), produtividade de massa seca total (MST), de massa seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (%F), relação folha:colmo (RFC), densidade (DEN) e velocidade (VEL) de rebrota. As de valor nutritivo foram proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), digestibilidade (DIG) e lignina (LIG). As análises foram feitas no software Selegen REML/BLUP utilizando modelos mistos. Os valores genotípicos (BLUP) dos híbridos foram utilizados para estimar ganhos de seleção (GS) em relação à média populacional e

(1) Mestrando da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS, wyverson.krm@gmail.com. (2) Pesquisador (a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia – UEMS. (4) Graduando em Agronomia – UCDB. * Autor correspondente.

ao 'Mulato II'. Evidenciou-se variabilidade genética entre os híbridos ($p < 0,05$) para as variáveis, exceto para RFC, VEL, DIG e LIG. A herdabilidade variou de 0,18 a 0,86 para RFC e VEL, respectivamente. A interação genótipos x cortes constatou diferença significativa ($p < 0,05$) para os caracteres avaliados, exceto VEL e LIG. Híbridos superiores ao 'Mulato II' foram identificados. Os GS em intensidade de 10% e 20% para a variável PVC foram mais expressivos (28,81% a 22,02%). Para valor nutritivo, DIG apresentou os menores ganhos (1,38% a 1,14%). GS expressivos foram obtidos em relação ao 'Mulato II' para todas as características e intensidades de seleção empregadas, exceto para %F, DIG, FDN e LIG com menores estimativas. Esses resultados demonstram existência de variabilidade genética e possibilidade de selecionar híbridos superiores ao 'Mulato II'.

Parceria / Apoio financeiro

Unipasto, Capes.

Embrapa

Gado de Corte

CGPE 13968

Embrapa
MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO
BRASIL GOVERNO FEDERAL