

xissomal de oxidação *in vitro*; metabólitos plasmáticos e perfil hormonal, avaliando a bioquímica sanguínea e concentração de hormônios, especialmente os relacionados com o metabolismo intermediário e reprodução; produção e composição do leite e perfil de ácidos graxos, para avaliação da influência das fontes de gordura dietética no metabolismo animal; avaliação do escore de condição corporal e peso corporal, indicativo de mobilização de reservas corporais; ultrassonografia ovariana e avaliação dos aspectos reprodutivos; e avaliação da utilização das dietas na digestão, avaliando a digestibilidade aparente total, a fermentação ruminal e a produção microbiana.

081 Valor nutritivo da cana-de-açúcar tratada com óxido de cálcio ou hidróxido de cálcio

Acyr Wanderley de Paula Freitas

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (Apta)

Secretaria de Agricultura e Abastecimento

Processo 2005/04326-1

Vigência: 1/6/2006 a 30/4/2008

Dentre as alternativas para minimizar a nutrição animal inadequada, a cana-de-açúcar destaca-se entre as gramineas tropicais utilizadas como forragem. Embora um número cada vez maior de produtores esteja adotando o tratamento da cana-de-açúcar com a cal microprocessada, na forma de CaO ou Ca(OH)₂, inexistem dados na literatura a respeito da dose a ser utilizada e o tempo de reação necessário para um efeito significativo e, principalmente, sobre a qualidade e o valor nutritivo da cana-de-açúcar submetida a esses tratamentos. O desenvolvimento dessa pesquisa tem como objetivos: avaliar o efeito da aplicação de diferentes doses de CaO e Ca(OH)₂ (0,25; 0,5; 1,0; 2,0 e 4,0%) sobre a qualidade nutricional da cana-de-açúcar (experimento 1); determinar o consumo, a digestibilidade e o desempenho de novilhas recebendo dietas à base de cana-de-açúcar hidrolisada. Serão utilizadas 18 novilhas mestiças (holandês x zebu) alimentadas com cana-de-açúcar *in natura*, hidrolisada com CaO e hidrolisada com Ca(OH)₂ como fontes volumosas, constituindo 70% das dietas (experimento 2); determinar o consumo, a digestibilidade e o desempenho de ovinos recebendo dietas à base de cana-de-açúcar hidrolisada. Serão utilizados 18 ovinos alimentados com cana-de-açúcar *in natura*, hidrolisada com CaO e hidrolisada com Ca(OH)₂ como fontes volumosas, constituindo 70% das dietas (experimento 3).

082 Desenvolvimento de um software livre para simulação em melhoramento genético animal

Ricardo da Fonseca

Universidade Estadual Paulista (Unesp)

Campus Experimental de Dracena

Processo 2005/01554-3

Vigência: 1/12/2005 a 30/11/2009

Na área de melhoramento genético animal, devido aos altos custos de montagem e manutenção de experimentos, aos elevados tempos de geração e obtenção de resultados e à complexidade teórica, os *softwares* de simulação tornaram-se muito importantes. No entanto, os programas desenvolvidos apresentam limitações: 1) são específicos; 2) apresentam custos de aquisição e/ou utilização; 3) são construídos para um único sistema operacional; 4) são incapazes de manipular grandes quantidades de dados; 5) correção de erros e atualização são lentos; e 6) não disponibilizam o código-fonte para modificação e implementação de melhorias por outros programadores. Apesar da importância do desenvolvimento de simuladores na viabilização de experimentos e outras atividades para o estudo do melhoramento animal, são poucas as iniciativas, no Brasil, de criação e manutenção de uma linha de pesquisa voltada à produção desse e de outros *softwares* relacionados. Sendo assim, experimentos que poderiam ser simulados devem ser executados, com elevados custos de montagem e manutenção, ou são considerados inviáveis e não são realizados. Para que a comunidade científica possa se beneficiar de todas as vantagens oferecidas pelos simuladores, essas restrições devem ser superadas. Uma alternativa promissora é o desenvolvimento de simuladores sob o modelo *software* livre. Assim, os objetivos desse trabalho são: 1) desenvolver um simulador para auxílio à pesquisa em melhoramento genético animal sob o modelo *software* livre; 2) iniciar uma linha de pesquisa no Brasil para desenvolvimento de *softwares* livres em melhoramento genético animal; e 3) criar uma comunidade de pesquisadores que acreditem e compartilhem de valores de trabalho em grupo e de ajuda mútua e ao próximo para desenvolvimento de *software* livres ligados à produção animal. Serão desenvolvidos simultaneamente o gerador de genomas, o gerador de populações e os métodos simples de seleção para uma ou duas características: seleção individual, seleção de famílias e, dentro de famílias, teste de progênie, teste de irmãos, método tandem e métodos dos níveis independentes de eliminação. Nessa etapa serão implementadas as funções para gerar animais clonados e transgênicos. Em seguida, o índice de seleção será desenvolvido e, após esse, os métodos de predição como Blup, Blup com genes identificados e Blup com marcadores moleculares serão programados. Finalmente, os métodos de estimação de componentes de variância e os métodos que utilizam estatística bayesiana, para estimação de componentes de variância e predição de mérito genético, serão codificados. Os resultados obtidos serão analisados pela avaliação de ga-

nhos genéticos preditos e realizados, respostas indiretas, coeficientes de endogamia e gráficos dessas medidas. O *software* será distribuído gratuitamente para universidades e instituições públicas e permitirá que várias situações, com um ou mais parâmetros modificados, sejam expostas aos alunos para aprendizado da teoria e aplicações práticas. No campo da pesquisa, cenários poderão ser simulados para a verificação do desempenho de uma metodologia ou para comparação de duas ou mais metodologias. Pressuposições de métodos poderão ser testadas e resultados preliminares para elaboração de projetos de pesquisa simulados. Além disso, com pequenas alterações no programa, o pesquisador estará apto a rodar situações associadas a problemas específicos, enriquecer a discussão de artigos científicos, esclarecer pontos obscuros e direcionar os trabalhos para um caminho mais provável e/ou promissor.

083

Diretrizes para o manejo da desfolhação em pastagens de *Brachiaria decumbens* Stapf. cv. *Basilisk*

Gustavo José Braga

Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (Apta)

Secretaria de Agricultura e Abastecimento

Processo 2005/00424-9

Vigência: 1/10/2005 a 30/9/2009

A maioria dos estudos com plantas forrageiras tropicais sob pastejo desenvolvidos no Brasil ignora atributos das plantas e da comunidade vegetal, condicionantes da produção de forragem e do desempenho animal e que, portanto, deveriam nortear as estratégias de desfolhação. A espécie *Brachiaria decumbens*, embora se mantenha há vários anos como a gramínea forrageira mais cultivada no Brasil central, não possui recomendações objetivas e precisas em relação ao manejo do pastejo. Desse modo, o objetivo do experimento é propor, baseado na estrutura do dossel e na morfogênese da planta, opções para o manejo da desfolhação em pastagens de *Brachiaria decumbens* Stapf. cv. *Basilisk*. O estudo será desenvolvido na Unidade de Pesquisa e Desenvolvimento de Brotas, SP, ligada à Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (Apta) e conduzido em três fases, denominadas experimentos I, II e III. Os experimentos serão implantados numa pastagem de *Brachiaria decumbens*, em área de solo classificado como neossolo quartzarênico. Cada um dos experimentos vai perdurar do início da estação chuvosa até o início da estação seca do ano subsequente, aproximadamente de setembro a junho. Os tratamentos do experimento I serão quatro alturas de resíduo, 5, 10, 15 e 20 cm, em delineamento experimental inteiramente casualizado com quatro repetições. Durante a rebrotação em crescimento livre da planta forrageira, serão avaliadas, em perfis individuais, a taxa de aparecimento foliar (TAF), a taxa de expan-

são foliar (TEF), a taxa de senescência foliar (TSF) e a taxa de expansão da haste (TH). Também serão avaliados semanalmente aspectos da estrutura do dossel como altura, interceptação de luz (IL) e índice de área foliar (IAF). No experimento II serão testadas duas frequências (F) e duas intensidades (I) de desfolhação, em níveis definidos após obtenção dos resultados do experimento I, e para o qual serão utilizados novilhos cruzados como agentes de desfolhação. O delineamento será inteiramente casualizado em arranjo fatorial com quatro repetições. Assim como no experimento I, serão avaliadas morfogênese e estrutura do dossel. O experimento III terá como tratamentos três alturas de dossel, 10, 17,5 e 25 cm, mantidas constantes sob lotação contínua, em pastejo realizado por novilhos cruzados. O delineamento será inteiramente casualizado com três repetições. As variáveis avaliadas serão as mesmas que a do experimento I e II, sendo que a morfogênese será medida em períodos de 20 dias, e as variáveis de estrutura do dossel serão medidas mensalmente.

084

Caracterização de genes envolvidos com a lignificação de plantas forrageiras

Luis Felipe Prada e Silva

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2004/10970-8

Vigência: 1/9/2005 a 31/8/2009

Várias estratégias vêm sendo desenvolvidas para otimizar a composição da parede celular de plantas para melhorar o seu uso agroindustrial. A lignificação da parede celular que ocorre com o avanço da maturidade é o grande limitante à produtividade animal. Apesar da enorme importância das pastagens para a produção de ruminantes no Brasil, não existe nenhum estudo envolvendo a alteração da síntese de lignina em forrageiras tropicais. Várias plantas de clima temperado já tiveram a síntese de lignina alterada por engenharia genética, o que resultou em menores teores de lignina e maior digestibilidade ruminal. O objetivo deste trabalho é caracterizar a expressão dos genes envolvidos com a síntese de lignina e com a ligação da lignina com os carboidratos da parede celular, reduzindo sua digestibilidade. Especificamente, objetivamos clonar e sequenciar as principais enzimas envolvidas com a via metabólica da síntese da lignina em quatro espécies de forrageiras tropicais. Além disso, objetivamos caracterizar a expressão gênica dessas enzimas durante o desenvolvimento da planta. A correlação entre a expressão gênica, lignificação, composição da lignina e digestibilidade ruminal permitirá identificar os pontos da via de lignificação com maior potencial de impacto à digestibilidade ruminal que possam servir como alvo de estudos futuros visando à manipulação do processo de lignificação em forrageiras tropicais.