

## **Divergência nutricional de cascas de vagens de genótipos de feijão-fava para alimentação de ruminantes**

*Nutritional divergence of peels pods of lima bean genotypes for ruminants feeding*

SILVA, Raimundo Nonato Pereira da<sup>1\*</sup>; ALVES, Arnaud Azevêdo<sup>1</sup>; CAMPELO, José Elivalto Guimarães<sup>1</sup>; COSTA, Márcio da Silva<sup>2</sup>; MOREIRA, Antônia Leidiana<sup>1</sup>; GARCEZ, Bruno Spíndola<sup>1</sup>; PARENTE, Henrique Nunes<sup>4</sup>; AZEVÊDO, Danielle Maria Machado Ribeiro<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Teresina, Piauí, Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí, Campus Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, Brasil.

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, Brasil.

<sup>4</sup>Universidade Federal do Maranhão, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Departamento de Zootecnia, Chapadinha, Maranhão, Brasil.

\*Endereço para correspondência: nonatopereirars@hotmail.com

### **RESUMO**

Objetivou-se avaliar a divergência nutricional de cascas de vagens de 25 genótipos de feijão-fava para alimentação de ruminantes, considerando-se a composição química, características de fermentação e cinética de degradação *in situ* no rúmen. Os constituintes químicos foram considerados variáveis discriminatórias em uma primeira análise, enquanto os parâmetros de cinética de degradação ruminal e a degradação efetiva (DE 2%h<sup>-1</sup>) da matéria seca foram considerados na segunda análise. Utilizou-se o método de otimização de Tocher, adotando-se a matriz de “distâncias euclidiana” média dos caracteres para avaliar a dissimilaridade entre os genótipos. Constatou-se a formação de sete grupos heterogêneos, destacando-se a fibra em detergente ácido e proteína bruta como as variáveis mais impactantes para agrupamento na primeira análise, contribuindo com 41,7 e 29,3%, respectivamente, enquanto, na segunda análise, a fração solúvel (fração a) e a taxa de degradação da fração b participaram em 38,7 e 28,0%, respectivamente. Os constituintes químicos PB e FDA e os parâmetros de cinética de degradação ruminal fração solúvel (fração a), taxa de degradação (c) e fração potencialmente degradável (fração b) da MS, mostram-se eficientes para conhecimento da divergência

nutricional de cascas de vagens de genótipos de feijão-fava, com base em análise multivariada. Considerando-se os parâmetros adotados para a formação de agrupamentos pelo método de Tocher, o genótipo de feijão-fava 123 apresenta boa degradação efetiva e taxa de degradação compatível com a de forragens tropicais além de melhor valor nutritivo e potencial forrageiro que a casca dos demais genótipos de feijão-fava.

**Palavras-chave:** análise de agrupamento, *Phaseolus lunatus*, subproduto

### **SUMMARY**

This research aimed to evaluate the nutritional divergence of twenty-five genotypes of peel pods of lima bean for ruminant feeding, based on chemical composition as well as fermentation and *in situ* degradation kinetic characteristics. The chemical constituents were considered discriminatory variables in the first analysis, while the parameters of rumen degradation kinetics and effective degradability (ED 2%h<sup>-1</sup>) of dry matter were considered in the second analysis. Was adopted the cluster analysis according to the Tocher optimization approach, considering the average Euclidian distance matrix of characters to evaluate the dissimilarity among the genotypes. It was

verified the formation of seven heterogeneous groups, highlighting the acid detergent fiber (ADF) and crude protein (CP) as most impactful variables for grouping in the first analysis, contributing with 41.7 and 29.3%, respectively, while in the second analysis, the soluble fraction degradation rate accounted for 38.7 and 28.0%, respectively. The chemical constituents CP and ADF and the kinetic parameters of ruminal degradation soluble fraction (fraction *a*), degradation rate (*c*) and potentially degradable fraction (fraction *b*) of the DM, are efficient to identify the nutritional divergence of pod shells lima bean genotypes based on multivariate analysis. Considering the parameters adopted to form a pool by Tocher's method, the lima bean genotype 123, present efficient effective degradation and degradation rate compatible with the tropical forage, and better nutritive value and forage potential than pod shells of the other lima bean genotypes.

**Keywords:** byproduct, cluster analysis, *Phaseolus lunatus*

## INTRODUÇÃO

Os restolhos de culturas apresentam grande importância quando da busca de alternativas para diminuir o déficit nutricional de ruminantes no período seco do ano. Assim, volumosos como palhadas de culturas anuais de inverno e verão, fenos de baixa qualidade, silagens de capins passados, resíduos da colheita de sementes de plantas forrageiras e do beneficiamento de grãos têm sido utilizados como alternativas importantes nesse período (AZEVEDO et al., 2011). O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) consiste em uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente (OLIVEIRA et al., 2011), considerada a segunda espécie mais importante economicamente, superada apenas pelo feijão-comum. Na região nordeste do Brasil, o grão desta leguminosa representa importante produto da agricultura familiar, remanescendo, como subproduto, a

casca das vagens, que são armazenadas para utilização na alimentação de ruminantes no período seco do ano, se verificando bom consumo pelos animais além da facilidade de conservação.

Quando um conjunto de variáveis apresenta, qualitativamente, aspectos diferentes, não existindo correlação entre eles, a análise de variância univariada é o procedimento mais adotado. Porém, na caracterização de genótipos de forrageiras, as variáveis geralmente avaliadas são correlacionadas entre si, uma vez serem medidas em grupos com identidade comum, além de expressas em diferentes escalas ou unidades de medida, por isso, deve-se pressupor multinormalidade para análise multivariada da variância (RODRIGUES et al., 2012).

Na avaliação da diversidade nutricional de volumosos, vários métodos podem ser adotados, sendo a análise de agrupamento, um método de análise multivariada que envolve, simultaneamente, diversas características discriminatórias, o mais adotado na avaliação de forrageiras. Porém, é indispensável recorrer a critérios para determinar, de forma eficiente, as variáveis com características mais importantes para a discriminação da qualidade da forragem. O método de otimização de Tocher (RAO, 1952) vem sendo amplamente adotado no estudo da divergência genética em várias culturas, principalmente, na perspectiva do melhoramento (MENEZES et al., 2012; RIBEIRO et al., 2012, SOUZA et al., 2013).

Objetivou-se, com esta pesquisa, avaliar a composição química e características fermentativas ruminais das cascas de vagens de 25 genótipos de feijão-fava, como parâmetros de divergência nutricional para alimentação de ruminantes.

## MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada no Departamento de Zootecnia do Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina, PI. Foram avaliadas cascas de vagens de 25 genótipos de feijão-fava do Banco de Germoplasma do Departamento de Fitotecnia do CCA/UFPI.

As amostras das cascas foram moídas em moinho tipo *Willey*, com peneira de malha com crivos de diâmetro 2 mm, e determinou-se os teores de matéria seca (MS) e, com base na MS, a proteína bruta (PB), matéria orgânica (MO), segundo AOAC (2012). A fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) foram analisadas pelo método de Van Soest et al. (1991) (Tabela 1).

Para determinação da degradabilidade *in situ* da MS, foram utilizados três bovinos adultos, castrados, mestiços Girolando, com peso vivo 500kg, providos de cânula ruminal. As incubações *in situ* no rúmen foram realizadas utilizando-se sacos de náilon com dimensões 12x8cm e porosidade 50 $\mu$ m, contendo, aproximadamente, 4g<sub>2</sub>, de acordo com relação de 42mg/cm<sup>2</sup> adotada por Campos et al. (2011). Os parâmetros de degradação foram determinados a partir de dados obtidos após incubação das amostras no rúmen por 6, 24 e 72h.

Após desincubação, os sacos foram, imediatamente, imersos em água com gelo para cessar o processo de fermentação e, em seguida, foram lavados em máquina de lavar, até a água se mostrar límpida. Para determinação da fração solúvel (tempo 0h), os sacos contendo as amostras não foram incubados no rúmen, porém imersos em água em banho-maria a 39°C por 1h.

Posteriormente, todos os sacos foram pré-secos em estufa com circulação forçada de ar a 65°C por 72 h (AOAC, 2012), para determinação da MS não degradada.

Os parâmetros de degradação da MS, fração solúvel (a), fração potencialmente degradável (b), taxa de degradação (c), degradação potencial (DP) e degradação efetiva (DE) para a taxa de passagem  $k = 2\%/h^{-1}$  (AFRC, 1993), foram obtidos a partir do modelo assintótico de primeira ordem reparametrizado por Ørskov & McDonald (1979):  $Y_t = a + b(1 - e^{-ct})$ , em que:  $Y_t$  = fração degradada no tempo t; a = fração solúvel; b = fração insolúvel potencialmente degradável; c = taxa de degradação da fração b; t = variável independente tempo. A fração efetivamente degradada da MS foi determinada pelo modelo proposto por Ørskov & McDonald (1979):  $DE = a + b \times c/(c+k)$ , em que  $k=2\%/h^{-1}$  é a taxa de passagem aproximada para alimentos fibrosos pelo rúmen (AFRC, 1993).

As médias dos constituintes químicos (Tabela 1) foram utilizadas como características discriminatórias da diversidade nutricional das cascas das vagens dos genótipos de feijão-fava. Este procedimento também foi adotado em uma segunda análise, utilizando-se os parâmetros de cinética de degradação ruminal e de degradação efetiva da MS (DE,  $2\%/h^{-1}$ ), considerando esse parâmetro como discriminativo para genótipos com maiores distâncias em relação à média.

Para avaliar a dissimilaridade entre os genótipos e definir os mais representativos da divergência, foi adotado o método de otimização de Tocher como critério de agrupamento, considerando a matriz de “distâncias euclidianas” média dos quatro caracteres que foram mantidos após a análise de componentes principais, nos dois conjuntos de dados, separadamente. As

análises multivariadas foram realizadas utilizando-se o software sistema de análises estatísticas e genéticas - SAEG (UFV, 2000).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos constituintes químicos MS, MO, PB, FDN e FDA, utilizadas como características discriminatórias da diversidade nutricional das cascas das vagens dos genótipos de feijão-fava estão apresentadas na Tabela 1.

A análise da composição química indicou o teor de MS como a variável com menor contribuição (6,6%) para a formação dos agrupamentos genéticos (Tabela 2). Esse comportamento parece ser reflexo da maior estabilidade desta variável com relação à variação entre genótipos, dificultando sua contribuição na avaliação de divergências nutricionais entre os mesmo. Os teores de matéria seca dependem da variação quantitativa dos demais nutrientes químicos, o que torna essa fração diretamente relacionada com o aumento nos teores de parede celular e proteína presente na planta.

Tabela 1. Teores de matéria seca (MS), matéria orgânica (MO), proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) da casca de genótipos de feijão-fava

Genótipos	MS (%)	MO (%)	PB (%)	FDN (%)	FDA (%)
Boca-de-moça <sup>1</sup>	86,5	96,8	5,0	75,0	44,7
35	86,5	95,1	5,4	74,5	52,6
121	86,7	96,0	5,2	77,6	48,6
123	86,7	96,3	8,5	73,3	48,9
177	86,5	96,1	5,5	72,1	47,9
220	86,6	96,4	4,8	76,5	52,5
222	86,5	95,0	4,7	77,2	52,8
228	87,0	95,1	5,9	75,1	51,5
230	86,6	96,1	7,1	76,1	53,4
243	86,5	96,1	7,2	70,5	51,2
251	86,8	96,3	5,6	76,5	54,4
274	86,6	95,6	5,7	79,5	57,2
275	86,8	96,3	5,6	79,2	50,4
276	86,4	97,0	6,8	78,2	52,1
278	85,4	96,9	4,7	74,4	51,3
463	87,1	96,4	5,7	76,1	51,6
465	86,7	96,3	5,9	78,7	52,6
468	86,5	96,3	5,7	76,5	53,4
470	86,4	97,2	6,1	76,4	44,1
483	86,3	96,8	5,7	81,0	56,0
494	85,9	96,1	5,2	70,5	44,7
500	86,7	96,0	5,5	77,5	51,6
515	86,6	96,5	5,1	76,7	51,5
579	86,3	96,1	5,3	74,9	50,9
582	87,2	95,5	5,5	79,3	55,1
Média	86,5	96,2	5,7	76,1	51,4
EPM <sup>2</sup>	0,4	0,6	0,9	2,7	3,5

<sup>1</sup>49 variedades crioulas; <sup>2</sup>erro padrão da média.

Tabela 2. Contribuição dos constituintes químicos de valor nutritivo de cascas de genótipos de feijão-fava para a formação dos agrupamentos genéticos

Variáveis	Contribuição das variáveis (%)	
	Agrupamento 1	Agrupamento 2
MS (%)	6,6	-
MO (%MS)	11,7	13,0
FDN (%MS)	14,7	16,0
PB (%MS)	27,7	29,3
FDA (%MS)	39,3	41,7

Quando do estabelecimento do limite mínimo de 10% para contribuição de cada variável, de acordo com o método de Tocher, a MS foi descartada da análise, visando obtenção do agrupamento 2. A FDA, seguida pela PB, foram as variáveis que mais contribuíram para a divergência entre os grupos genéticos, tendo a MO e a FDN apresentado pouca relevância para a formação dos mesmos. Quanto aos constituintes fibrosos, Azevêdo et al. (2003) afirmam que, embora a técnica de componentes principais indique a variável FDN como de pouca importância na avaliação da divergência nutricional, esta variável não deve ser descartada, pois a mesma contém a hemicelulose, importante fração degradável da parede celular.

O teor de FDN apresenta estreita relação com o consumo das forragens e, consequentemente, com o desempenho dos animais. O valor médio obtido para casca de genótipos de vagem de feijão-fava (76,1%) é compatível com forrageiras tropicais (CARVALHO et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2014), denotando possibilidade de uso em dietas de ruminantes, com cuidados quanto à disponibilidade de nitrogênio, devido ao baixo teor de PB (5,7%).

A adoção do método de agrupamento multivariado de Tocher aos dados de composição química possibilitou o agrupamento das cascas de vagens dos 25 genótipos de feijão-fava em sete

grupos (Tabela 3), indicando divergência genética nutricional do subproduto casca de vagens dos genótipos do feijão-fava.

O grupo I ficou composto por 16 genótipos, representando 64,0% do total, seguido pelos grupos II, III e IV, com dois genótipos por grupo e V, VI e VII, com apenas um genótipo. A limitada composição quantitativa de genótipos nos grupos II a VII decorre da influência dos genótipos distribuídos nos demais grupos, aumentando a exigência média da distância. Esta situação é característica do modelo adotado para a formação dos grupos e indica que genótipos isolados refletem grande dissimilaridade, principalmente quando se adota o método de otimização de Tocher. Quanto maior a formação de grupos, maior a identificação de divergência genética quanto às variáveis envolvidas no agrupamento (VASCONCELOS et al., 2007).

A maior representatividade das frações fibrosas das cascas de vagens dos genótipos de feijão-fava foi verificada no grupo I, com teores de FDN e FDA,  $76,65 \pm 2,20\%$  e  $51,64 \pm 2,95\%$ . Os teores desses constituintes da casca de feijão podem ser considerados elevados, no entanto são consideradas entidades nutricionais e representam um conjunto de constituintes fibrosos, os quais podem interferir no consumo e degradação total da matéria seca, com impacto na disponibilidade de energia aos ruminantes.

Tabela 3. Agrupamento das cascas de 25 acessos de feijão-fava disponíveis no banco de germoplasma da UFPI, pelo método de Tocher por distância euclidiana média intragrupo e média dos constituintes químicos de cada grupo

Variáveis	Grupos						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
Genótipos	121, 177, 220, 228, 251, 275, 278, 463, 465, 468, 483, 500, 515, 579, 582, Boca de moça	276, 470	35, 222	123, 243	274	230	494
Distância euclidiana intragrupo	1,13	0,46	0,87	1,07	-	-	-
Médias							
MO (%MS)	82,84	83,44	81,55	82,78	82,17	82,73	81,99
PB (%MS)	5,41	6,45	5,05	7,89	5,65	7,11	5,16
FDN (%MS)	76,65	76,57	75,84	71,88	79,51	76,07	70,47
FDA (%MS)	51,64	44,61	50,84	50,05	57,38	53,34	42,89

As características da parede celular de forragens em estágio vegetativo difere das características de subprodutos fibrosos, o que justifica o maior impacto da FDA na formação de agrupamentos nesta pesquisa, como destacado por Ferreira et al. (2012), atribuindo maior poder de discriminação em métodos de grupamento e distinção de genótipo às variáveis de composição química PB e FDA.

O teor de PB dos genótipos do grupo I foi  $5,41 \pm 0,6\%$ . Considerando-se os teores de FDN e PB, as cascas das vagens da maioria dos genótipos de feijão-fava (grupo I) apresentam composição química comparável a volumosos disponíveis nos trópicos, inclusive fenos de gramíneas. A disponibilidade de nitrogênio é um dos principais limitantes à degradação ruminal, sendo esse composto utilizado para síntese de proteína microbiana e consequente crescimento da microbiota,

com melhor aproveitamento das frações do alimento.

A contribuição dos parâmetros de degradação *in situ*, degradação potencial (DP) e degradação efetiva (DE) da MS a  $2\%h^{-1}$  para a formação dos agrupamentos genéticos das cascas das vagens de feijão fava, está apresentada na Tabela 4.

A análise de divergência indicou a DP como a variável com menor contribuição (7,67%) para a formação dos agrupamentos, sendo descartada quando do estabelecimento do limite mínimo de 10% para contribuição de cada variável, de acordo com o método de Tocher, visando obtenção do agrupamento 2. A fração solúvel (a) da MS, seguida da taxa de degradação (c) e da fração potencialmente degradável (b) foram as variáveis de cinética de degradação ruminal que mais contribuíram para a formação dos sete grupos genéticos (Tabela 4).

Tabela 4. Contribuição dos parâmetros de degradação *in situ* da MS e degradação potencial (DP) e efetiva da matéria seca (DE 2%h<sup>-1</sup>) de cascas de vagens de genótipos de feijão-fava para formação dos agrupamentos genéticos

Variáveis	Contribuição das variáveis (%)	
	Agrupamento 1	Agrupamento 2
Fração a (%)	38,0	38,7
Fração b (%)	16,3	19,3
Taxa de degradação (%h <sup>-1</sup> )	28,0	28,0
DP (%)	7,67	-
DE 2%h <sup>-1</sup>	10,0	14,0

A importância da taxa de degradação da MS de alimentos volumosos, representada preponderantemente pela taxa de degradação de carboidratos totais, para a discriminação de grupos, também foi evidenciada por Freitas et al. (2006) para clones de cana-de-açúcar pela técnica *in vitro* de produção de gases, indicando consistência da adoção das técnicas *in situ* e de produção de gases na geração de dados para caracterização da divergência de genótipos quanto ao valor nutritivo para ruminantes. Além disso, o elevado poder discriminatório da taxa de degradação (c) da MS para formação dos grupos indica que os genótipos podem apresentar valores de DE da MS semelhantes, porém distribuídos em mais de um grupo, diferenciados, principalmente, pela velocidade de degradação da fração potencialmente degradável (b) da MS e pela própria fração potencialmente degradável (b) (MARTINS et al., 1999).

Também adotando a técnica de produção de gases, Ferreira et al. (2012) identificou comportamento diferenciado das taxas de degradação de carboidratos fibrosos e não fibrosos na formação de agrupamentos, identificando-se ser a taxa de degradação de carboidratos de rápida degradação a de maior contribuição para formação de agrupamentos de genótipos de amendoim forrageiro. Este resultado indica consistência para a adoção da

fração solúvel (a) da MS, a partir do modelo de Ørskov & McDonald (1979), como uma variável para agrupamento de genótipos de feijão-fava, por esta contemplar parte dos carboidratos não fibrosos e representar cerca de 20% da MS deste subproduto.

Quando da formação dos grupos, destacam-se os grupos I e II, compostos, respectivamente, por 36,0 e 24,0% dos genótipos, seguidos pelo grupo III, com quatro genótipos (Tabela 5). Considerando que o agrupamento permite definir variáveis mais importantes para identificação de genótipos com maior potencial forrageiro, as cascas das vagens do genótipo de feijão-fava 123 se destacam por apresentar elevada fração b (66,34%) e 60,3% desta ser degradada efetivamente (DE) a 2%h<sup>-1</sup>, além de apresentar taxa de degradação 2,61%h<sup>-1</sup>, compatível com a de volumosos tropicais, como capim-andropógon (2,81%) (SILVA et al., 2014), milheto (2,24%) (CAVALCANTI et al., 2012) e capim Tanzânia (2,67%) (SIMILI et al, 2014), indicando melhor potencial forrageiro que o subproduto dos demais genótipos de feijão-fava.

Os grupos I e II apresentam genótipos muito similares e representam 60,0% dos genótipos de feijão-fava avaliados. Considerando-se a elevada representatividade dos genótipos desta leguminosa nestes dois grupos, bem como a similaridade dos parâmetros de

degradação, tanto intra quanto intergrupos, é possível considerar a média das variáveis de degradação ruminal da MS das cascas dos mesmos como representativa para o feijão-fava. Assim, têm-se as médias para fração a  $20,71 \pm 0,97$ , fração b  $53,25 \pm 3,57$ , taxa de degradação  $3,84 \pm 0,74\%h^{-1}$ , DP

$69,45 \pm 2,69\%$  e DE  $2\%h^{-1}$   $55,25 \pm 2,14\%$ . A taxa de degradação da MS para estes 15 genótipos indica eficiente fermentação destes substratos no ambiente ruminal em função do tempo, com impacto positivo na disponibilidade de energia a partir dos produtos da degradação no rúmen.

Tabela 5. Agrupamento de cascas de genótipos de feijão-fava pelo método de Tocher, obtido com distância euclidiana média entre 25 acessos disponíveis no banco de germoplasma da UFPI e média dos parâmetros de degradação in situ e de degradação efetiva (DE  $2\%h^{-1}$ ) da matéria seca

Variáveis	Grupos						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
Genótipos	35						
	177						
	222	121					
	251	230	220				
	274	275	470	228	276,		
	465	278	494	483	515	123	243
	468	463 Boca de	500				
	482	moça					
	579						
	Distância euclidiana intragrupo	0,95	0,90	0,89	0,73	0,82	-
Médias							
Fração a (%)	21,18	19,79	20,22	22,43	19,93	22,51	23,40
Fração b (%)	53,74	53,01	69,92	43,25	50,21	66,34	64,46
Taxa de degradação ( $\%h^{-1}$ )	3,47	4,42	1,96	4,05	3,26	2,61	1,91
DE $2\%h^{-1}$	54,81	56,09	54,58	51,29	50,54	60,07	54,89

Ao comparar a gramíneas tropicais, a média para DE a  $2\%h^{-1}$  da MS das cascas de vagens de genótipos de feijão-fava apresenta-se equivalente às obtidas para essas forragens (VELÁSQUEZ et al., 2009) e reforça o potencial da utilização desse subproduto para inclusão em dietas para ruminantes. O agrupamento em genótipos com valor nutritivo equivalente melhora a acurácia na escolha de forragens mais nutritivas e de melhor aproveitamento pelos ruminantes, com impacto no consumo e

desempenho, além de contribuir para a redução dos custos com ingredientes suplementares.

Os constituintes químicos PB e FDA e os parâmetros de cinética de degradação ruminal fração solúvel (fração a), taxa de degradação (c) e fração potencialmente degradável (fração b) da MS mostram-se eficientes para conhecimento da divergência nutricional de cascas de vagens de genótipos de feijão-fava, com base em análise multivariada. Considerando-se



os parâmetros adotados para a formação de agrupamentos pelo método de Tocher, o genótipo de feijão-fava 123 apresenta boa degradação efetiva e taxa de degradação compatível com a de forragens tropicais, além de melhor valor nutritivo e potencial forrageiro que a casca dos demais genótipos de feijão-fava.

## AGRADECIMENTOS

À Fundação cultural e de fomento à pesquisa, ensino e extensão (FADEX), pelo apoio logístico, e ao Banco do Nordeste (BNB/ETENE), pelo suporte financeiro à pesquisa.

## REFERÊNCIAS

AGRICULTURAL AND FOOD RESEARCH COUNCIL - AFRC.

**Energy and protein requirements of ruminants: an advisory manual.** Wallingford, UK: Commonwealth Agricultural Bureaux International, 1993. 159p.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS - AOAC.

**Official methods of analysis.** 19<sup>th</sup> ed. Gaithersburg, USA: AOAC International, 2012. 3000p.

AZEVEDO, J.A.G.; PEREIRA, J.C.; CARNEIRO, P.C.S.; QUEIROZ, A.C.; BARBOSA, M.H.P.; FERNANDES, A.M.; RENNÓ, F.P. Avaliação da divergência nutricional de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1431-1442, 2003.

AZEVEDO, J.A.G.; VALADARES FILHO, S.C.; PINA, D.S.; VALADARES, R.F.D.; DETMANN, E.; PAULINO, M.F.; DINIZ, L.L.; FERNANDES, H.J. Consumo, digestibilidade total, produção de proteína microbiana e balanço de nitrogênio em dietas para ruminantes de subprodutos. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p.114-123, 2011.

CAMPOS, M.M.; BORGES, A.L.C.C.; LOPES, F.C.F.; PANCOTI, C.G.; REIS e SILVA, R. Degradabilidade *in situ* da cana-de-açúcar tratada ou não com óxido de cálcio, em novilhas leiteiras Holandês x Gir. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.6, p.1487-1492, 2011.

CARVALHO, G.G.P.; PIRES, A.J.V.; VELOSO, C.M.; SILVA, F.F.; SILVA, R.R. Degradabilidade ruminal do feno de forragens tropicais. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.12, n.1, p.81-85, 2006.

CAVALCANTI, D.R.; PERIN, F.B.; BENEDETTI, E. Degradabilidade *in situ* da matéria seca de três forrageiras tropicais nas formas *in natura* e ensilada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.1, p.163-168, 2012.

FERREIRA, A.L.; MAURÍCIO, R.M.; PEREIRA, L.G.R.; AZEVEDO, J.A.G.; OLIVEIRA, L.S.; PEREIRA, J.M. Nutritional divergence in genotypes of forage peanut. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.4, p.856-863, 2012.

FREITAS, A.W.P.; PEREIRA, J.C.; ROCHA, F.C.; DETMANN, E.; BARBOSA, M.H.P.; RIBEIRO, M.D.; COSTA, M.G. Avaliação da divergência nutricional de genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.229-236, 2006.

MARTINS, A.S.; ZEOULA, L.M.; PRADO, I.N.; MARTINS, E.N.; LOYOLA, V.R. Degradabilidade ruminal *in situ* da matéria seca e proteína bruta das silagens de milho e sorgo e de alguns alimentos concentrados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.5, p.1109-1117, 1999.

MENEZES, A.P.M.; ASSIS, G.M.L.; MATAVELI, M.; SILVA, H.S.F.; AZEVEDO, J.M.A.; MENDONÇA, M.S. Genetic divergence between genotypes of forage peanut in relation to agronomic and chemical traits. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.7, p.1608-1617, 2012.

OLIVEIRA, F.N.; TORRES, S.B.; BENEDITO, C.P. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava em Mossoró, RN. **Revista Caatinga**, v.24, n.1, p.143-148, 2011.

OLIVEIRA, E.R.; MONÇÃO, F.P.; GABRIEL, A.M.A.; MOURA, L.V.; LEMPP, B.; SANTOS, M.V.; SOUZA, R. Degradação ruminal da biomassa de fenos de gramíneas do género *Cynodon* spp. **Revista de Ciências Agrárias**, v.37, n.2, p.214-220, 2014.

ØRSKOV, E.R.; McDONALD, I. The estimation of protein degradability in the rumen from incubation measurements weighted according to rate of passage. **Journal of Agricultural Science**, v.92, n.2, p.499-503, 1979.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.

RIBEIRO, F.S.C.; SOUZA, V.A.B.; LOPES, A.C.A. Diversidade genética em castanheira-do-gurgueia (*Dipteryx lacunifera* Ducke) com base em características físicas e químico-nutricionais do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.34, n.1, p.190-199, 2012.

RODRIGUES, C.S.; NASCIMENTO JÚNIOR, D.; DETMANN, E.; SILVA, S.C.; SOUSA, B.M.L.; SILVEIRA, M.C.T. Grupos funcionais de gramíneas forrageiras tropicais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.6, p.1385-1393, 2012.

SILVA, D.C.; ALVES, A.A.; LACERDA, M.S.B.; MOREIRA FILHO, M.A.; OLIVEIRA, M.E.; LAFAYETTI, E.A. Valor nutritivo do capim-andropogon em quatro idades de rebrota em período chuvoso. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** [online], v.15, n.3, p.626-636, 2014.

SIMILI, F.F.; LIMA, M.L.P.; MEDEIROS, M.I.M.; PAZ, C.C.P.; REIS, R.A. Degradabilidade *in situ* do híbrido de sorgo e do capim-Tanzânia em vacas suplementadas no outono. **Boletim de Indústria Animal**, v.71, n.2, p.127-134, 2014.

SOUZA, J.R.; BOIÇA JÚNIOR, A.L.; PERECIM, D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; COSTA, J.T. Divergência genética de cultivares de cana-de-açúcar quanto à resistência a *Diatraea saccharalis*. **Semina: Ciências Agrárias**, v.34, n.6, p.3367-3376, 2013.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA - UFV. **SAEG – Sistema de análise estatística e genética**. Versão 8.0. Viçosa, MG, 2000. 150p.

VAN SOEST, P.J.; ROBERTSON, J.B.; LEWIS, B.A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal of Dairy Science**, v.74, n.10, p.3583-3597, 1991.

VASCONCELOS, E.S.; CRUZ, C.D.; BHERING, L.L.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VELÁSQUEZ, P.A.T.; BERCHIELLI, T.T.; REIS, R.A.; RIVERA, A.R.; DIAN, P.H.M.; TEIXEIRA, I.A.M.A. Cinética da fermentação e taxas de degradação de forrageiras tropicais em diferentes idades de corte estimadas pela técnica de produção de gases *in vitro*. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.9, p.1695-1705, 2009.

Data de recebimento: 23/07/2014

Data de aprovação: 21/07/2015