



**REENCONTROS  
NOVOS ESPAÇOS  
OPORTUNIDADES**

**XXXIV SIC** Salão Iniciação Científica

**26 - 30**  
SETEMBRO  
CAMPUS CENTRO

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2022
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Seleção de caracteres forrageiros e de ecótipos de Paspalum leptum para forragem
<b>Autor</b>	WELITON MENEZES DOS SANTOS
<b>Orientador</b>	MIGUEL DALL AGNOL

O gênero *Paspalum* é originário das Américas e sua maior diversidade é encontrada no Bioma Pampa. A grama cinzenta (*Paspalum leptum*) é uma planta perene da família Poaceae cujo hábito de crescimento é rizomatoso e apresenta boa adaptação em solos arenosos e resistência moderada ao frio e à seca. O objetivo deste trabalho foi identificar caracteres forrageiros para estudo da diversidade genética e selecionar ecótipos promissores para produção de forragem. Oitenta e quatro ecótipos de *P. leptum*, coletados em diferentes regiões fisiográficas do Rio Grande do Sul foram plantados em plantas individuais, utilizando o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, durante o ano agrícola de 2020-2021. Para esse estudo foram quantificadas nos ecótipos estudados o número de perfilhos vegetativos (PerV), a produção de matéria verde total (PMVT) e seca total (PMST), a relação folha:colmo (RFC) e a reação à geada (RG). Os dados coletados foram submetidos à análise de variância, posteriormente foi obtido a medida de distância de Mahalanobis ( $D^2$ ). O método de Singh apresentou a PMVT (27.37%) como variável de maior contribuição para diversidade genética entre os ecótipos, seguido do caractere PerV, PMST, RG e RFC, com 22.44%, 15.15%, 1.75% e 0.83%, respectivamente. O método de agrupamento de Tocher formou treze grupos entre os ecótipos estudados. A maior concentração de ecótipos foi obtida no Grupo I (66.66%), seguido pelos Grupo II (8.33%), Grupo IV e V (4.76%). O maior PMVT e PMST foi obtido no Grupo XIII (ecótipo L1.14), seguida pelo Grupo XI (L1.5). Com base nos resultados obtidos, pode-se evidenciar alta diversidade genética para os caracteres forrageiros estudados e concluir que os caracteres PMVT, PerV e PMST concentraram 64.96% da variabilidade entre os ecótipos. Ainda, foi possível identificar ecótipos promissores para novos cruzamentos, como o L1.14 e L1.5 pelo método de Tocher.