



**DIVERSIDADE GENÉTICA DA GRAMA-DO-CERRADO (*Mesosetum chaseae* Luces; Poaceae) UTILIZANDO ISOENZIMAS  $\alpha$ - e  $\beta$ -ESTERASES.**

ANA CLARA DE SOUSA MEIRELLES<sup>1</sup>; DEBORA DA SILVA<sup>2</sup>; SANDRA APARECIDA COLLET<sup>3</sup>; CLAUDETE APARECIDA MANGOLIN<sup>4</sup>; MARIA DE FATIMA PIRES DA SILVA MACHADO<sup>5</sup>; SANDRA APARECIDA SANTOS<sup>6</sup>.

<sup>1</sup>Bióloga, Dsc. Bolsista DCR-FUNDECT/CNPq, e-mail: anameirelles83@gmail.com.

<sup>2</sup>Bióloga, Msc. Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá, Maringá-PR, e-mail: dhebybio@gmail.com.

<sup>3</sup>Professora da Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Molecular, e-mail: ccollet@uem.br

<sup>4</sup>Professora da Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Molecular, e-mail: cmangolin@uem.br

<sup>5</sup>Professora da Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Molecular, e-mail: mfpsm@uem.br

<sup>6</sup>Pesquisadora- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Pantanal, e-mail: sandra.santos@embrapa.br

**Resumo:** Objetivou-se estimar a diversidade genética da gramínea nativa *Mesosetum chaseae*. Isoenzimas  $\alpha$  e  $\beta$ -esterases foram analisadas em 10 acessos (1, 4, 5, 8, 9, 11, 17, 24, 31 e 32), coletados em diferentes locais na sub-região da Nhecolândia (Pantanal), e mantidos na coleção de germoplasma da Embrapa Pantanal. O acesso A11 mostrou o maior número de alelos efetivos ( $N_e = 2,7383$ ) e o acesso A32 apresentou o maior valor para a heterozigosidade média esperada e observada ( $H_e = 0,6013$ ;  $H_o = 0,7500$ ) sendo estes os mais indicados para conservação, bem como para cultivo e recuperação de áreas pobres e degradadas na região do Pantanal. Foi detectado um elevado nível de diferenciação entre os acessos ( $F_{ST} = 0,1693$ ), indicando que os 10 acessos são populações geneticamente estruturadas e devem ser mantidas no Banco de forrageiras nativas. O cruzamento entre plantas dos acessos com as maiores distâncias genéticas (A9 e A11: 0,7260; A8 e A9: 0,6324; e A8 e A32: 0,5760) são indicados para definir planos de melhoria da espécie, com a perspectiva de ampliar a base genética e criar possibilidades para o surgimento de novas características de interesse.

**Palavras-chave:** pastagens nativas, isoesterases e conservação de recursos forrageiros.