

**ANÁLISE FILOGENÉTICA DE *Helicotylenchus* sp.** Phylogenetic analysis of *Helicotylenchus* sp. Feldhaus, D.C.<sup>1</sup>; Tasiar, D.<sup>2</sup>; Micheli, A.<sup>2</sup>; Machado, A.C.Z.<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Mestranda em Agricultura Conservacionista/Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, PR. <sup>2</sup>Fundação ABC, Pesquisa e Desenvolvimento Agropecuário, Castro, PR. <sup>3</sup>IAPAR, Área de Proteção de Plantas, Londrina, PR. E-mail: cristinafeldhaus@yahoo.com.br. Apoio Fundação ABC.

Todas as espécies do gênero *Helicotylenchus* são morfologicamente muito similares, o que torna a identificação molecular uma boa aliada. A análise filogenética nos permite correlacionar evolutivamente as espécies, além de auxiliar na identificação e caracterização dos nematoides. O objetivo deste trabalho foi identificar indivíduos de *Helicotylenchus* sp., obtidos de amostra de soja de Londrina, através de análise filogenética. A extração de DNA foi baseada no protocolo de proteinase K. A região genômica SSU foi utilizada para a amplificação via reação de PCR, na qual foi utilizado o par de *primers* 988F/1912R. As regiões foram sequenciadas em ambas as direções com os mesmos *primers* utilizados na PCR. O processo de sequenciamento foi realizado pelo Centro de Pesquisas sobre o Genoma Humano e Células-Tronco, Instituto de Biociências (USP). As sequências foram analisadas inicialmente através do software Blast. Posteriormente, as sequências foram editadas com o programa BioEdit. O alinhamento das sequências e a análise filogenética foram realizados com auxílio do programa MEGA 6, através de *Máxima parcimônia* e *Máxima verossimilhança*, utilizando-se o modelo evolutivo Kimura 2 parâmetros. Foram inferidas árvores filogenéticas mostrando o relacionamento entre a amostra problema e espécies pertencentes ao mesmo gênero; tais sequências foram obtidas no banco de dados Q-bank Nematodes Database. O resultado obtido através da porcentagem de identidade com sequências depositadas não possibilitou concluir a identidade específica dos indivíduos das amostras. Somente através da análise filogenética isso foi possível, uma vez que as amostras formaram um grupo com a espécie de referência *H. dihystra*. Atualmente, a utilização de análises filogenéticas na identificação de espécies tornou-se indispensável, uma vez que a rotulagem errada de sequências depositadas em bancos de dados específicos para este fim pode levar a interpretações equivocadas, comprometendo possíveis métodos de manejo para a espécie alvo da investigação.

Palavras-chave: Nematóide espiralado; Gene SSU; Q-bank; Filogenia