

DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Helicotylenchus dihystera* EM SOJA. Genetic diversity of *Helicotylenchus dihystera* populations in soybean. AMORIM, F.T.¹; AMARO, P.M.¹; MACHADO, A.C.Z.¹. ¹Laboratório de Nematologia, Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), Londrina, PR. E-mail: felipeeamorim@hotmail.com

Diferenças morfológicas em populações de nematoides são comuns de serem observadas e, geralmente, estão relacionadas aos diferentes fatores ambientais. Tal diferença pode ser explicada e também encontrada no material genético do indivíduo, por meio da variabilidade natural ou por mutação. *Helicotylenchus dihystera* tem sido relatado constantemente em áreas de soja no Brasil e em altas densidades populacionais. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética, pelo sequenciamento do DNA, de 23 populações advindas dos estados do Paraná, Mato Grosso do Sul e Rio Grande do Sul. As amostras foram coletadas em 23 municípios, sendo os nematoides extraídos via Funil de Baermann, seguidos da extração de DNA, reação de PCR para a região D2/D3 rDNA e sequenciamento. As análises confirmaram que as 23 populações estudadas pertencem à espécie *H. dihystera*, apresentando alta similaridade quando comparadas às sequências de referência para a espécie. Por meio da árvore filogenética gerada, as amostras se apresentaram em dois grandes grupos, que possuem características em comum, principalmente relacionadas à temperatura e altitude das regiões em que foram coletadas. Com isso, pode-se afirmar que existe diversidade genética dentro das populações de *H. dihystera* trabalhadas, e que os fatores ambientais, como temperatura e altitude, podem apresentar relação com os resultados encontrados.

Palavras-chave: Sequenciamento; D2/D3; Nematóide espiralado.