ESTUDO DO GENE 18S rRNA DO GRUPO DE PARASITOS DO GÊNERO *Henneguya spp.* EM HOSPEDEIROS AQUÁTICOS DA REGIÃO AMAZÔNICA

Fernando Nunes da Silva Junior[1]; Nanciely Patricia Da Silva Pereira [2], Diehgo Tuloza da Silva[3] Aline Medeiros Lima[4]

1. Fernando Nunes da Silva Junior, Bolsista PIBIC (FAPESPA), Graduando em Ciências Biológicas, pela Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: fernandonunnes98@gmail.com; 2- Nanciely Patricia Da Silva Pereira, Bolsista PIBIC (CNPq), Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, *Campus* Tomé-Açu e-mail: nancielypatricia6@gmail.com; 3. Diehgo Tuloza da Silva Pesquisador Universidade Federal Rural da Amazônia, *Campus* Capanema, diehgo.silva@ufra.edu.br; 4. Aline Medeiros Lima Orientadora, Universidade Federal Rural da Amazônia, *Campus* Tomé-Açu, aline.lima@ufra.edu.br.

RESUMO: Os mixozoários são parasitas intracelulares com ciclo de vida heteroxênico, adaptados ao parasitismo e amplamente distribuídos em todo o planeta, desde regiões polares até áreas tropicais. Embora possam infectar vários grupos de vertebrados, os peixes são os principais hospedeiros, onde a grande maioria das espécies de mixozoários foi identificada. Os mixozoários são encontrados em todas as regiões do Brasil, com destaque para a região Norte, que possui o maior número de espécies descritas, principalmente dos gêneros *Henneguya* e *Myxobolus.* Este trabalho visa estudar o gene 18S rRNA do grupo de parasitos do gênero *Henneguya* spp. em hospedeiros aquáticos da região amazônica. Para a realização deste estudo, foi efetuada uma pesquisa na plataforma do National Center for Biotechnology Information (NCBI) na aba de busca *Nucleotide* (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/) por sequências nucleotídicas do gene 18S rRNA, utilizando a palavra-chave " *Henneguya*" e aplicando os filtros de localização "amazônicos", "Brazil" e "Brasil". Foram obtidas 36 sequências nucleotidicas de *Henneguya* do banco de dados. Estas sequências foram analisadas, gerando uma árvore filogenética com o auxílio dos programas MEGAX e BioEdit, a partir do gene 18S rRNA identificados na busca. Como resultados, a árvore filogenética apresenta as relações evolutivas entre as espécies de *Henneguya* com base em suas sequências de 18S rRNA, destacando os grupos mais próximos e a confiabilidade dessas relações. Por exemplo, o agrupamento de *Henneguya zschokkei* e *Henneguya nuesslini* com suporte de 100% evidencia uma forte relação evolutiva entre essas espécies, reforçando sua proximidade genética. Os clados da árvore indicam a divergência evolutiva ao longo do tempo, sugerindo que as espécies mais próximas nos ramos compartilham uma maior similaridade genética no 18S rRNA. Assim, as espécies agrupadas, como *Henneguya doneci* e *Henneguya daoudi*, exibem maior proximidade evolutiva por apresentarem sequências do 18S rRNA altamente semelhantes. Desta forma, a análise comparativa destes mixozoários poderá contribuir para uma melhor compreensão a respeito do ciclo de vida dos mixozoários para entender a diversidade desses parasitas e seu comportamento nos hospedeiros.

PALAVRAS-CHAVE: Banco de sequências; Filogenia; Região Amazônica.