

## ORTHOLOGOUS GENLER KULLANILARAK MELOIDOGYNE TÜRLERİNDE MOLEKÜLER FİLOGENETİKLER

**Refik Bozbuğa<sup>1\*</sup>, Adem Özarıslan<sup>1</sup>, Halil Toktay<sup>2</sup>, Mustafa İmren<sup>3</sup>**

<sup>1\*</sup>Biyolojik Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, 01321, Adana, Türkiye, \*rbozbuga@yahoo.com,  
<sup>2</sup>Ömer Halisdemir Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Bitkisel üretim ve Teknolojileri  
Bölümü, Niğde, Türkiye

<sup>3</sup>Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 14280 Gölköy, Bolu,  
Türkiye

Parazitik nematod olan *Meloidogyne* türleri ülkemizde ve dünyada ürünlere zarar vermektedir. Dünyada yüzden fazla *Meloidogyne* nematod türü bulunurken ülkemizde yedi nematod türü farklı araştırmacılar tarafından belirlenmiştir. Bu nematod türleri konukçu ve farklı şartlara göre karışık ve tek bir popülasyon şeklinde bulunabilmektedir. Bununla birlikte Türkiye'deki *Meloidogyne* türleri arasında moleküler sistematik kullanılarak yapılan moleküler benzerlikler ve akrabalık tam olarak anlaşılammıştır. Bu amaçla yedi *Meloidogyne* türünde orthologous gen (Dystrophin, Major sperm protein, Elongation factor 1-alpha ve RNA polimerase 2) sekansları var olan gen database'lerden alınarak maximum likelihood analizi kullanılarak moleküler filogenetik analizi yapılmıştır. Moleküler filogenetik analiz göstermiştir ki; *Meloidogyne arenaria* dystrophin, elongation factor 1-alpha ve RNA polimerase2 genleriyle oluşturulan filogenetiklerde en gelişmiş pozisyonda yer almıştır. *M. chitwoodi* ise tüm orthologous genlerde filogenetikte köke en yakın tür olup diğer türlere uzak akraba olduğu belirlenmiştir. Genel olarak, moleküler filongenetikte *M. incognita*, *M. arenaria* ve *M. javanica* türlerinin birbirilerine yakın akrabalık ilişkisi olduğu görülmüştür.

**Anahtarkelimeler:** gen, *Meloidogyne*, molekülerfilogenetik, nematod

## MOLECULAR PHYLOGENETICS OF MELOIDOGYNE SPECIES USING ORTHOLOGOUS GENES

**Refik Bozbuğa<sup>1\*</sup>, Adem Özarıslan<sup>1</sup>, Halil Toktay<sup>2</sup>, Mustafa İmren<sup>3</sup>**

<sup>1\*</sup>Biological Control Research Institute, 01321, Adana, Turkey, \*rbozbuga@yahoo.com,

<sup>2</sup>ÖmerHalisdemir University, Faculty of Agriculture and Technologies, Department of plant Production and Technologies, Niğde, Turkey

<sup>3</sup>AbantIzzetBaysal University, Faculty of Agriculture and Natural Sciences, Plant Protection Department, 14280 Gölköy, Bolu, Turkey

As parasitic nematodes, *Meloidogyne* species, causes significant damages to crops not only in Turkey but also in the world. Whilst more than a hundred *Meloidogyne* species have been identified in the world, solely seven nematode species have been determined in Turkey by different researchers until now. Those nematode species can be found as a mixed and/or single population depending on hosts and varied conditions. However, taxonomic relationship and molecular phylogenetics of *Meloidogyne* species have not been fully understood. For this aim, orthologous nuclear genes (Dystrophin, Major sperm protein, Elongation factor 1-alpha and RNA polymerase 2) were used to determine the relationship of seven *Meloidogyne* species found in Turkey. Orthologous nuclear genes sequences were taken from the existing database and the analysis of molecular phylogenetics using maximum likelihood were performed. Molecular phylogenetic analysis revealed the taxonomic hierarchical levels within the *Meloidogyne* species. *Meloidogyne arenaria* was located most advance positons based on genes of dystrophin, elongation factor 1-alpha and RNA polymerase 2 phylogenetic trees. *Meloidogyne chitwoodi* was located to the close to the root of phylogenetic trees based on gene sequences of all orthologous genes. In general, *M. incognita*, *M. arenaria* and *M. javanica* species were located as close relatives in phylogenetic tree in all genes.

**Key words:** gene, *Meloidogyne*, molecular phylogenetic, nematode