

RİBOSOMAL DNA SEKANSLARI KULLANILARAK PATATES NEMATODLARINDA MOLEKÜLER FİLOGENETİK AKRABALIK İLİŞKİSİ

Refik Bozbuğa^{1*}, Adem Özarslandan¹, Mustafa İmren², Halil Toktay³

^{1*}Biyolojik Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, 01321, Adana, Türkiye, *rbozbuga@yahoo.com,

² Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 14280 Gölköy, Bolu, Türkiye

³Ömer Halisdemir Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Bitkisel üretim ve Teknolojileri Bölümü, Niğde, Türkiye

Ribosomal DNA moleküler markırlar olarak bazı nematodların sistematiğinde yaygın olarak kullanılır. Farklı genler arasındaki mutasyon varyasyonlarının oranı ve ribosomal DNA lardaki boşluk taksonomik düzeylerin hiyerarşisinde önemlidir. 18s ve 28s (büyük ve küçükribozomal alt ünite) ribozomal DNA alt birimleri nematolojide moleküler sistematiğe genetik markır olarak kullanılır. Farklı araştırmacılar tarafından Türkiye’de patates bitkisinde 12 den fazla parazitiknematod türü belirlenmiştir. Bunlardan *Globoderarostochiensis* ve *Meloidogynechitwoodi* en zararlı türler arasında bulunmaktadır. Bununla birlikte moleküler sistematiğe kullanılarak yapılan moleküler benzerlikler tam olarak anlaşılammıştır. Bu amaçla patates nematodları 18s ve 28s genleri maximumlikelihood analizi kullanılarak moleküler filogenetik analizi yapılmıştır. Sonuçlar göstermiştir ki;28s sekanslarına dayanarak *Globoderarostochiensis* ve *Globoderapallida* gelişmiş türler olup bununla birlikte *Helicotylenchusvulgaris* ve *Rotylenchusgoodeyi*18s genlerine göre en üst düzeyde gelişmişlik göstermiştir. Nematod türleri içerisinde, *Meloidogynechitwoodi*her iki gende moleküler filogeniye dayanarak diğer nematodlara göre en uzakakrabalık ilişkisine sahiptir.

Anahtarkelimeler: moleküler phylojenetik, nematode, ribozomal DNA

USING RIBOSOMAL DNA SEQUENCES FOR MOLECULAR PHYLOGENETICS OF POTATO NEMATODES IN TURKEY

Refik Bozbuğa^{1*}, Adem Özarıslan¹, Mustafa İmren², Halil Toktay³

^{1*}Biological Control Research Institute, 01321, Adana, Turkey, *rbozbuga@yahoo.com,

²Abant İzzet Baysal University, Faculty of Agriculture and Natural Sciences, Plant Protection Department, 14280
Gölköy, Bolu, Turkey

³Ömer Halisdemir University, Faculty of Agriculture and Technologies, Department of plant Production and
Technologies, Niğde, Turkey

Ribosomal DNA is commonly used as a molecular marker in some nematode molecular systematics. The rate of variation of mutation among different genes and spacers within ribosomal DNA may lead us taxonomic hierarchical levels. The 18s (small ribosomal subunit) and 28s (large ribosomal subunit) are used as genetic markers of ribosomal DNA regions in molecular systematics in nematology. Although more than 12 nematode species have been detected by different researchers on potato plants in Turkey, *Globoderarostochiensis*, and *Meloidogynechitwoodi* are most damages species. However, molecular similarities by using molecular systematics of those nematodes has not been fully understood. For this aim, the analysis of molecular phylogenetics using maximum likelihood of 18s and 28s genes of nematode species on potato was performed in this study. Therefore, ribosomal DNA sequences were taken from existing database and molecular phylogenetic analysis were succeeded. Results revealed that *Globoderapallida* and *Globoderarostochiensis* were located in advance positions based on 28s gene sequences, however; *Helicotylenchus vulgaris* and *Rotylenchusgoodeyi* were most advance in the phylogenetic tree of 18s gene. A *Meloidogyne* species, *Meloidogynechitwoodi* was found as the most distant relatives compare to other nematode species based on molecular phylogenetics in both genes.

Key words: molecular phylogenetics, nematode, ribosomal DNA