

Derleme (Review)**Nematod taksonomisinde kullanılan moleküler markörler**

Molecular markers used in nematode taxonomy

Uğur GÖZEL^{1*} Çiğdem YURT¹ Çiğdem GÖZEL¹**Summary**

Morphological characters and morphometric measurements are used for diagnosis and identification of nematodes. In some cases, reliable results can not be achieved by classic methods. Therefore, molecular markers have been applied to nematode identification. Molecular markers are methods based on DNA. In this article, information regarding to the most common molecular marker techniques including Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Microsatellites (SSR, STR, ISSR), Random Amplified Polymorphic DNA (RADP), Single Nucleotide Polymorphism (SNP) and DNA Sequence Analysis (mtDNA and rDNA) was given and the studies done by using these methods were reviewed.

Key words: DNA, molecular markers, diagnosis, nematode

Özet

Nematodların teşhis ve tanımlamalarında morfolojik karakterler ve morfometrik ölçümler kullanılmaktadır. Bazı durumlarda klasik teşhis yöntemleri ile güvenilir sonuçlar elde etmek zor olabilmektedir. Bu nedenle nematodların doğru ve hızlı tanımlanmasında moleküler markörlerden yararlanılmaktadır. Moleküler markörler; DNA baz alınarak uygulanan yöntemlerdir. Bu makalede, nematod taksonomisinde yaygın olarak kullanılan moleküler markörlerden Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi (AFLP), Mikrosatellitler (SSR, STR, ISSR), Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RADP), Tek Nükleotid Polimorfizmi (SNP) ve DNA dizi analizi (mtDNA ve rDNA) hakkında bilgi verilerek bu metodların kullanıldığı örnek çalışmalar derlenmiştir.

Anahtar sözcükler: DNA, moleküler markörler, teşhis, nematod

¹Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü 17020 Çanakkale

* Sorumlu yazar (Corresponding author) email: ugozel@comu.edu.tr

Alınış (Received): 30.09.2015

Kabul edilmiş (Accepted): 20.11.2015

Giriş

Nematodlar, Dünya üzerinde en yaygın bulunan canlı gruplarından birisidir (Boucher & Lamshead, 1993). Hayvanlar aleminin en geniş şubelerinden biri olan Nematoda şubesi içerisinde 100 bin ile 1 milyon aralığında türün varlığı tahmin edilmektedir (May, 1988; Hammond, 1992; Lamshead, 1993; Coomans, 2000). Ancak bu türlerin çok büyük bir kısmı henüz tanımlanmamıştır (Hugot et al., 2001; Coomans, 2002). Teşhisi yapılmış nematodların yaklaşık yarısı tuzlu su (deniz/okyanus) ekosisteminde, diğer yarısı ise hayvanlarda parazit olarak, toprak ile tatlı sularda serbest yaşam formunda ve bitki paraziti olarak yaşamaktadır. Serbest yaşayan nematodların büyük bir kısmı topraktaki organik maddeler üzerinde gelişen alg, fungus ve bakteri gibi mikroorganizmalar ile beslenir, bazıları ise karnivor özellik gösterir. Parazit yaşayan nematodların çoğu bitki ve hayvan yetiştiriciliğinde büyük ekonomik kayıplara, insanlarda ise ciddi hastalıklara neden olmaktadır (Manzanilla-López et al., 2004). Diğer parazit nematodların konukçuları zararlı böceklerdir, entomopatojen nematodlar olarak adlandırılan bu türler biyolojik mücadele etmeni olarak zararlı böceklerin kontrolünde etkin olarak kullanılırlar.

Farklı habitatlarda ve konukçularda yaşayabilme yeteneklerinin anlaşılabilmesi için nematodların akrabalık ilişkilerinin ve geçirdikleri evrimlerin belirlenebilmesi gerekmektedir. Bununla ilgili çalışmalarda 1980'lere kadar morfolojik özellikler ve morfometrik ölçümler kullanılmıştır. Morfolojik olarak dış görünüşlerindeki farklılıklar, nematodların vücut kısımlarının ölçümlerine dayanan morfometrik veriler, nematod teşhisinde kullanılmaktadır. Fakat morfolojik teşhis aşamalarının zorluğu, zaman alması, uzmanlık gerektirmesi ve bu konuda yeterli teknik bilgiye sahip kişi sayısının azlığı, bu teşhis yönteminin giderek kullanımının azalmasına neden olmaktadır. Buna karşın, morfolojik teşhis ile ilgili bu dezavantajları ortadan kaldıran moleküler teşhis yöntemleri oldukça cazip hale gelmektedir.

Nematodların teşhis çalışmalarında morfolojik yöntemlerin yanında moleküler yöntemlerde kullanılmaktadır (Mayr & Ashlock, 1991). Moleküler markörlerin nematod taksonomisinde kullanıldığı birçok çalışma yapılmıştır (Hussey, 1979; Platzer, 1981; Fox & Atkinson, 1986; Curran, 1991; Hyman & Powers, 1991; Hyman & Whipple, 1996; Jones et al., 1997; Powers & Fleming, 1998). Moleküler markörlerde; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), Mikrosatellit, Minisatellit, RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism) yöntemleri ile DNA dizi analizi gibi yöntemler kullanılmaktadır.

Moleküler markörler

Morfolojik ve biyokimyasal markörler yapılarından kaynaklanan dezavantajlarından dolayı günümüzde yerini ya moleküler markörlere bırakmaktadır ya da moleküler markörler ile birlikte karşılaştırılmalı çalışmalarda kullanılmaktadır. DNA esas alınarak yapılan teşhislerde gözlemlenen polimorfizm morfolojik ve biyokimyasal markör tekniklerinde gözlemlenenlere oranla daha yüksektir. Ayrıca moleküler yöntemlerde küçük bir miktar DNA yöntemin uygulanabilmesi için yeterli olmaktadır. İzoenzim yöntemi ile karşılaştırıldığında, genomun belirli bir bölgesinde değil tüm genom ile çalışma olanağı sunmaktadırlar.

Bu çalışmada, nematodların tanımlamasında en sık kullanılan moleküler markörler olarak (Jones et al., 1997; Powers & Fleming, 1998), RFLP, AFLP, Mikrosatellitler (SSR, STR, ISSR), RAPD, SNP ve DNA dizi analizi (Mitokondryal DNA, Ribozomal DNA) yöntemleri hakkında bilgi verilmiştir.

RFLP (Restriction fragment length polymorphism)

RFLP yöntemi ilk ve en eski moleküler markör yöntemidir. Restriksiyon enzimlerinin DNA zincirindeki özel 4-8 baz çiftlik (bç) nükleotid dizilerini tanıyarak restriksiyon bölgeleri olarak bilinen yerlerden kesmesi temeline dayanır. Elde edilen DNA parçası elektroforez ile ayrıldıktan sonra etidyum bromür ile boyanır ve nitroselüloz bir filtreye aktarılır (Southern blotting) (Southern, 1975). Bu filtre etiketlenmiş DNA problemlerinin hibridizasyonunu sağlar. Hibridizasyon sonrasında radyoaktif etiketli çift zincirli DNA molekülleri elde edilir (Southern, 1975; Beckmann & Soller, 1983). Böylece farklı DNA bantları gözlemlenebilir.

Bu yöntemde DNA parçalarının kesim modellerindeki farklılıklardan yararlanılarak polimorfizm tespiti yapılır (Botstein et al., 1980). RFLP yöntemi "Southern blotting (emdirme)" olarak uygulanabildiği gibi PCR yöntemi ile birlikte de kullanılabilir. Çalışılmak istenen lokus PCR ile çoğaltıldıktan sonra kesim enzimleri ile kesilir ve elde edilen ürünler agaroz veya poliakrilamid jel elektroforezinde yürütülerek polimorfizm tespiti yapılır. Restriksiyon enzimlerinin tanıdığı bölgedeki nükleotid değişiklikleri farklı uzunlukta DNA parçalarının oluşmasına neden olur.

RFLP yöntemi tür içi popülasyonların ve/veya türlerin belirlenmesinde sık sık başvurulan bir yöntemdir (Curran et al., 1985, 1986; Powers et al., 1986; Kalinski & Huettel, 1988; Castagnone-Sereno et al., 1991, 1993; Garate et al., 1991; Cenis et al., 1992; Xue et al., 1992; Fargette et al., 1996). Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi ile *Meloidogyne arenaria* ve *M. javanica* türleri kolayca birbirinden ayırt edilebilmiştir (Curran et al., 1985). RFLP yöntemi ile kist nematodları; *Heterodera filipjevi*, *H. avenae*, *Globodera rostochiensis* ve *G. pallida* türleri birbirinden ayırt edilmiştir (Ferris et al., 1993, 1994; Fleming & Powers, 1998; Subbotin et al., 1999; Yan & Smiley, 2010; Ulutaş et al., 2012). Entomopatojen nematodların türlerinin belirlenmesinde de bu yöntemden yararlanılmaktadır (Curran & Webster, 1989; Smits et al., 1991; Reid & Hominick, 1993).

AFLP (Amplified fragment length polymorphism)

AFLP yöntemi, RFLP yönteminden farklı olarak restriksiyon enzimleri ile kesilen DNA parçalarının PCR ile çoğaltılması temeline dayanır (Zabeau & Vos, 1993; Avise, 2004). Bu yöntem iki aşamalı PCR uygulaması ile sonuçlandırılır. İki PCR işleminin uygulanma amacı ise DNA'yı etiketlemek ve polimorfizm seviyesini sınırlamaktır. Restriksiyon enzimleri ile kesim sonucu elde edilen DNA parçalarına ligasyon işlemi ile oligonükleotid adaptörler/primerler bağlanır ve daha sonra ilk PCR işlemi uygulanır ki bu adıma pre-amplifikasyon adı verilir. DNA parçalarının ilk seçiminin yapıldığı bu aşama agaroz jel elektroforezinde görüntülenir. İkinci PCR işleminde eklenen primerler daha seçici ve daha fazla sayıda parça elde edebilmek ve DNA'yı etiketlemek için uygulanır. 60-500 baz çiftinden meydana gelen çoğaltılmış DNA parçaları floresan boya ile boyandıkları için akrilamid jel elektroforez tekniği ile ayrılır. Özellikle çalışılan türler arasındaki yakınlığın belirlenmesi ve tür tespiti çalışmalarında tercih edilen bir yöntemdir.

Birçok çalışmada *Meloidogyne* spp., *Globodera* spp. ve *Heterodera* spp. popülasyonları arasındaki genetik ilişkilerin belirlenmesinde AFLP yönteminden yararlanılmaktadır (Xue et al., 1993; Folkerstma et al., 1996a,b; Jones & Harrower, 1998; Semblat et al., 1998; Van der Beek et al., 1998; Subbotin et al., 1999; Marché et al., 2001; Wang et al., 2001; Dautova et al., 2002). Türkiye'den elde edilen 29 farklı kök-ur nematodu izolatu arasındaki farklılıklar ve benzerlikler AFLP yöntemi ile ortaya koyulmuştur (Devran et al., 2008). Önemli bitki paraziti nematod türlerini içeren *Pratylenchus* cinslerinin ayrımında da AFLP yöntemi sıklıkla ve yaygın olarak kullanılmıştır (Waeyenberge et al., 2000; Elbadri et al., 2002).

Mikrosatellitler (SSR, STR, ISSR)

Mikrosatellitler, 1-6 baz uzunluğundaki tekrar motifleri olup, DNA dizilerinin tekrarlanan en küçük birimleridir ve Tautz (1989) tarafından keşfedilmişlerdir. Basit Dizi Tekrarları (SSR, Simple Sequence Repeat) ya da Kısa Bitişik Tekrarlar (STR, Short Tandem Repeats) olarak da ifade edilebilmektedirler. SSR'ler yaygın olarak kodlayıcı olmayan bölgelerde bulunurlar. Replikasyon kayması ve cross-over gibi mutasyonların sonucunda ortaya çıkan yüksek seviyede tekrarlanan uzunluk polimorfizmleri tarafından karakterize edilirler (Schlötterer & Tautz, 1992). Mikrosatellitler genetik çeşitlilik belirleme ve gen haritalama çalışmalarında sıklıkla kullanılırlar ve bu yöntemde iki allel arasındaki tekrar sayısı farkı bireyler arasındaki farklılığı ortaya çıkarır. Diğer tekniklere göre daha fazla bilgi içermesi, eş-baskın olması, az miktarda DNA gerektirmesi, yüksek polimorfizm göstermesi ve tekrarlanabilir olmasından dolayı oldukça kullanışlı bir yöntemdir (Powell et al., 1996). Yöntemin eksikliği ise genom bilgisi ve sekans analizi gerektirmesidir (Morgante & Olivieri, 1993). Bunun yanında yeni SSR markörlerinin geliştirilmesi oldukça zor ve maliyetlidir. Ancak günümüzde mikrosatellit kütüphaneleri bu eksikliği tamamen ortadan kaldırmaya da eksikliğin giderilmesinde önemli rol oynamıştır.

SSR yöntemi modifiye edilerek Basit Dizi Tekrarları Arası (ISSR, Inter Simple Sequence Repeat) yöntemi geliştirilmiştir. ISSR bir genom bölgesindeki mikrosatellit lokusları arasında kalan bölgeyi ifade eder ve bu iki mikrosatellit arasında kalan DNA parçaları primerler kullanılarak PCR ile çoğaltılabilir (Zietkiewicz et al., 1994). Amplifike olmuş ürünler ortalama 200-2000 bp uzunluğundadır. Bu yöntemde dizi bilgisine gerek duyulmadan primer dizaynı yapılabilmesi bir avantaj sağlarken, dominant özellik göstermesi, tekrarlanabilirliğinin düşük olması ve benzer büyüklükteki parçacıkların homolog olmaması en önemli eksikliğidir.

TG ve TC mikrosatellit motifleri kullanılarak *G. pallida* türünün moleküler olarak teşhisi yapılmıştır (Thiéry & Mugniéry, 2000). Kök-ur nematodu *Meloidogyne artiellia* türünün GAAA mikrosatellit lokusunun karakterizasyonu için üretilen primerler DNA dizilemede kullanılmıştır (De Luca et al., 2002). *Brugia malayi*, *Caenorhabditis elegans*, *M. hapla*, *M. incognita*, *Pristionchus pacificus* nematod türlerinin tüm genomunda 1-6 bp mikrosatellitler belirlenmiştir (Castagnone-Sereno et al., 2010). *Heterodera schachtii*, şekerpancarı kist nematodundan beş mikrosatellit lokusu izole edilerek tanımlanmıştır (Plantard & Porte, 2003). Mikrosatellit lokusları kullanılarak Güney Kore'deki çam odun nematodu *Bursaphelenchus xylophilus* türünün genetik varyasyonları araştırılmıştır (Jung et al., 2010).

RAPD (Randomly amplified polymorphic DNA)

RAPD, 6-10 bazlık tek primerlerin kullanılması ile genom üzerindeki bölgelerin PCR kullanılarak rastgele çoğaltılmasına dayanan bir yöntemdir. Williams et al. (1990) tarafından geliştirilen teknik DNA dizisi bilinmeyen türler üzerinde çalışılabilme imkanı sunmuştur. Bu yüzden bu yöntemde çoğaltılmak istenen herhangi bir hedef DNA bölgesi yoktur. PCR işlemi süresince DNA'nın farklı bölgelerinde bulunan homolog dizi ile primer çift oluşturur ve çoğaltım işlemi sadece bu bölgelerde gerçekleşir. PCR ile çoğaltılan genom elektroforez ile yürütülür ve burada oluşan bantlanmalara göre polimorfizm tespiti yapılır. RAPD yöntemi aynı türlerin izolatları arasındaki varyasyonların belirlenmesinde kullanılır (Dong et al., 2001; Cofcewicz et al., 2005; Vieira et al., 2007; Devran et al., 2009).

RAPD yöntemi ile birçok *Globodera* spp., *Heterodera* spp. ve *Meloidogyne* spp. bitki paraziti nematod grupları karakterize edilmiştir (Caswell-Chen et al., 1992; Genis, 1993; Erickson et al., 1993; Roosien et al., 1993; Chacon et al., 1994; Romero et al., 1996; Blok et al., 1997a,b; Thiery et al., 1996; Williamson et al., 1997; Yu et al., 1998; Fullaondo et al., 1999; Lecouls et al., 1999; Orui, 1999; Kaplan et al., 1999; Boiteux et al., 2000; Silva et al., 2000; Zijlstra et al., 2000; Ambrogioni & Irdani, 2001; Randig et al., 2001; Xu et al., 2001; Waeyenberge & Moens, 2001; Meher et al., 2003; Adam et al., 2007; Karajah et al., 2010). Entomopatojen nematodların tür teşhislerinde de RAPD kullanılmış ve *Heterorhabditis bacteriophora*, *H. megidis*, *Steinernema glaseri*, *S. carpocapsae* ve *S. feltiae* izolatları arasındaki genetik varyasyonlar belirlenmiştir (Welsh & McClelland, 1990; Williams et al., 1990).

SNP (Single nucleotide polymorphism)

Tek nükleotid polimorfizmi (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), geniş bir popülasyonun çok küçük bir kısmında ortaya çıkan DNA dizisindeki tek bir nükleotid çiftinin değişikliğini ifade eder. SNP'ler DNA'nın çoğunlukla kodlanmayan bölgelerinde bulunurlar ve genomda sık ortaya çıkarlar. Tek nükleotid polimorfizmi ne kadar yüksek ise bireyler arasındaki varyasyonları belirlemek bir o kadar kolay olur. DNA'da tek nükleotid polimorfizmi bir ya da birkaç bazın eklenmesi ya da silinmesinden kaynaklanabilir. SNP'ler genlerde, genler arası kodlanmayan ve genin kodlanmayan bölgelerinde (intron) meydana gelebilirler. Kodlanmayan bölgedeki SNP'ler gen değişikliklerine ya da kalıtımı etkilemezken, kodlanan bölgedeki SNP'ler aminoasit dizilerinin değişmesine neden olurlar. SNP tekniği nicel özellik lokusu (QTL) ile birlikte haritalama ve dayanıklılık çalışmalarında çokça kullanılır. Soya fasulyesinin *M. incognita* türüne dayanıklılığının geliştirilmesinde tek nükleotid polimorfizminden yararlanılmıştır (Ha et al., 2007).

Dizi analizleri; DNA'nın protein kodlamayan "intron" bölgelerinden, maternal özelliği nedeni ile soyağacı çalışmalarında tercih edilen "mitokondriyal DNA (mtDNA)"dan, mesajcı RNA'ları proteinlere dönüştüren "ribozomal RNA (rRNA)"dan ve tekrarlı dizilerin yer aldığı "satellit DNA" bölgelerinden yapılır.

Mitokondriyal DNA

Mitokondri ve kloroplastlar kendi DNA'larına sahip organellerdir. Sitoplazmik DNA olarak bilinen bu ekstrasükleer DNA'larda, çekirdek DNA'sından bağımsız olarak mutasyonlar meydana gelebilir. Sirküler yapıdaki çift zincirli mtDNA üzerindeki mutasyon, bireyler arasındaki farklılıkları belirleme olanağı sağlar ve bu şekilde soyağacı oluşturulabilir. Bu nedenle mitokondriyal DNA nematod sistematiği çalışmalarında oldukça ilgi gören bir yöntemdir (Blouin et al., 1992; Powers et al., 1993; Hugall et al., 1994; Joyce et al., 1994; Nadler, 1995; Hyman & Whipple, 1996; Anderson & Jaenike, 1997).

Mitokondriyal DNA dizi analizleri, ribozomal RNA dizi analizlerinden daha fazla varyasyonun daha kısa sürede elde edilmesine olanak sağlar. Mitokondriyal DNA hızlı evrim geçirmesi, maternal olması ve hücrede çok fazla kopyasının bulunması gibi özellikleri sayesinde taksonomik ve filogenetik çalışmalarda tercih edilmektedir (Lazarova et al., 2006). Bu nedenle özellikle birbirine yakın nematod türleri ve tür içi varyasyonların düzeylerinin ortaya çıkarılabilmesi için tercih edilmektedir. *Xiphinema americanum* popülasyonları arasındaki farklılıklar mtDNA ile belirlenebilmiştir (Lazarova et al., 2006, Gözel et al., 2006a). *M. arenaria*, *M. incognita*, *M. javanica* (Devran et al., 2002), *M. hispanica*, *M. hapla*, *M. chitwoodi* ve *M. mayaguensis* (Blok et al., 2002) popülasyonlarının mtDNA haplotipleri sekans analizi ile tespit edilmiştir (Stanton et al., 1997). Sitokrom oksidaz altbirim II (COII) ve 16S mtDNA bölgeleri nematodların tanımlanmasında yaygın olarak kullanılır (Vrain et al., 1992; Powers & Harris, 1993; Curran & Driver, 1994; Joyce et al., 1994, Reid, 1994).

Ribozomal DNA

Hücre içerisinde ribozomal RNA ve proteinlerden oluşan ribozomlar, büyük ve küçük alt birimlere ayrılır. Ökaryot hücrelerdeki büyük alt birim (LSU) 5S, 5.8S ve 28S'den, küçük alt birim (SSU) 18S'den meydana gelir. Ribozomal DNA içerisindeki ITS (Internal Transcribed Spacers) bölgeleri tekrarlanan bölgedir ve burada 5' ETS (External Transcribed Sequence), 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA ve 3' ETS bölgeleri bulunur. Ribozomal RNA tekrar biriminin ITS bölgesi ile sitokrom oksidaz II ve 16S genlerini ayıran mitokondriyal bölge taksonomik öneme sahip bölgelerdir ve her iki bölgede nematodların tanımlanmasında kullanılır (Vrain et al., 1992; Powers & Harris, 1993; Curran & Driver, 1994; Reid, 1994; Hominick et al., 1996). 18S ve 5.8S arasında yer alan ITS1 ve 5.8S ile 28S arasında yer alan ITS2 ribozomal RNA (rRNA) genleri dizi analizlerinde sıklıkla kullanılan hedef DNA bölgeleridir. ITS bölgeleri başlangıçta cinsler arası ayrımlarda kullanılırken şimdilerde tür içi ayrımlarda dahi kullanılabilir, 28S ve 18S rRNA arasında yer alan IGS (Inter-Genetic Spacer) bölgeleri ise daha çok kök-ur nematodlarının tür teşhisinde kullanılmaktadır (Petersen & Vrain, 1996). ITS ve IGS bölgeleri diğer rRNA bölgelerinden daha değişken oldukları için özellikle tür ve alttür çalışmalarında tercih edilir.

Caenorhabditis elegans türüne ait 18S ve 26S ribozomal gen dizileri 1992 yılında bitki paraziti nematod çalışmalarında ilk kez kullanılmıştır (Vrain et al., 1992). ITS bölgelerinin dizileri kullanılarak birçok bitki paraziti nematod türünün tanımlanması yapılmıştır (Subbotin et al., 2001; Floyd et al., 2002; Reid et al., 2003; Gözel et al., 2006a; Inserra et al., 2007). 18S rRNA geninin dizi analizleri (Floyd et al., 2002) ve 28S rDNA'nın D2-D3 bölgeleri Tylenchidae (Subbotin et al., 2006) ve Longidoridae (Rubtsova et al., 2005; He et al., 2005) familyalarına ait türlerin tespitinde kullanılmıştır. ITS-rRNA, 18S rRNA ve 28S rRNA'nın D2-D3 bölgeleri nematodların filogenetik ağaçlarının oluşturulmasında sık sık başvurulan dizilerdir (Al-Banna et al., 1997; Courtright et al., 2000; De Ley & Bert, 2002; Floyd et al., 2002; Gözel et al., 2006a,b).

Sonuç

Morfolojik karakterlerin kullanımı ile yapılan çalışmaların nematod taksonomisinde çoğu zaman yeterli olmaması günümüzde moleküler markörlerin nematod taksonomisinde hızlı ve kesin sonuçların alınabilmesi için sıklıkla başvurulan yöntemler olmuştur. Özellikle hızlı ve kesin teşhis sonuçlarının alınması gereken durumlarda bu yöntemler daha hızlı sonuç vermesi nedeni ile tercih edilmektedir. Bununla birlikte moleküler markör kullanımının maliyetinin düşmesi, daha hızlı ve pratik yöntemlerin devreye girmesi bu tekniklerin daha yaygın kullanılmasına olanak sağlayacaktır.

Yararlanılan Kaynaklar

- Adam, M.A.M., M.S. Philips & V.C. Blok, 2007. Molecular diagnostic key for identification of single juveniles of seven common and economically important species of root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.). *Plant Pathology*, 56: 190-197.
- Al-Banna, L., V. Williamson, & S.L. Gardner, 1997. Phylogenetic analysis of nematodes of the genus *Pratylenchus* using nuclear 26 S rDNA. *Molecular Phylogenetic Evolution*, 7: 94-102.
- Ambrogioni L. & T. Irdani, 2001. Identification of *Heterodera schachtii* group species in Italy by morphometrics and RAPD-PCR. *Nematologia Mediterranea*, 29: 159-168.
- Anderson, T.J.C. & J. Jaenike, 1997. Host specificity, evolutionary relationships and macrogeographic differentiation among *Ascaris* populations from humans and pigs. *Parasitology*, 115: 325-342.
- Avise, J.C., 2004. Molecular markers, natural history, and evolution, 2nd ed. Sunderland (Massachusetts): Sinauer Associates, 684 p.
- Beckmann, J.S. & Soller, M., 1983. Restriction fragment length polymorphisms in genetic improvement: Methodologies, mapping and costs. *Theoretical and Applied Genetics*, 67: 35-43.
- Blok, V.C., M.S. Phillips & B.E. Harrower, 1997a. Comparison of British populations of potato cyst nematodes with populations from continental Europe and South America using RAPDs. *Genome*, 40: 286-293.
- Blok, V.C., M.S. Phillips, J.W. McNicol & M. Fargette, 1997b. Genetic variation in tropical *Meloidogyne* spp. as shown by RAPDs. *Fundamental and Applied Nematology*, 20: 127-133.
- Blok, V.C., J. Wishart, M. Fargette, K. Berthier & M.S. Phillips, 2002. Mitochondrial DNA differences distinguishing *Meloidogyne mayaguensis* from the major species of tropical root-knot nematodes. *Nematology*, 4(7): 773-781.
- Blouin, M.S., J.B. Dame, C.A. Tarrant & C.H. Courtney, 1992. Unusual population genetics of a parasitic nematode: mtDNA variation within and among populations. *Evolution*, 46: 470-476.
- Boiteux, L.S., J.G. Belter, P.A. Roberts & P.W. Simon, 2000. RAPD linkage map of the genomic region encompassing the root-knot nematode (*Meloidogyne javanica*) resistance locus in carrot. *Theoretical and Applied Genetics*, 100: 439-446.
- Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick & R.W. Davis, 1980. Construction of a genetic map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics*, 32: 314-331.
- Boucher, G. & P.J.D. Lamshead, 1994. Ecological biodiversity of marine nematodes in samples from temperate, tropical, and deep-sea regions. *Conservation Biology*, 9: 1594-1604.
- Castagnone-Sereno, P., C. Piotte, P. Abad, M. Bongiovanni & A. Dalmasso, 1991. Isolation of a repeated DNA probe showing polymorphism among *Meloidogyne incognita* populations. *Journal of Nematology*, 23: 316-320.
- Castagnone-Sereno, P., C. Piotte, J. Uijthof, P. Abad, E. Wajnberg, F. Vanlerberghe-Masutti, M. Bongiovanni & A. Dalmasso, 1993. Phylogenetic relationships between amphimictic and parthenogenetic nematodes of the genus *Meloidogyne* as inferred from repetitive DNA analysis. *Heredity*, 70: 195-204.
- Castagnone-Sereno, P., E.G.J. Danchin, E. Deleury, T. Guillemaud, T. Malausa & P. Abad, 2010. Genome-wide survey and analysis of microsatellites in nematodes, with a focus on the plant-parasitic species *Meloidogyne incognita*. *BMC Genomics*, 11(1): 598.
- Caswell-Chen, E.P., V.M. Williamson & F.F. Wu, 1992. Random amplified polymorphic DNA analysis of *Heterodera crucifera* and *H. schachtii* populations. *Journal of Nematology*, 24: 343-351.
- Cenis, J.L., C.H. Opperman & A.C. Triantaphyllou, 1992. Cytogenetic, enzymatic and restriction fragment length polymorphism variation of *Meloidogyne* spp. from Spain. *Phytopathology*, 82: 527-531.
- Cenis, J.L., 1993. Identification of four major *Meloidogyne* ssp. by random amplified polymorphic DNA (RAPD-PCR). *Phytopathology-New York and Baltimore Then St Paul*, 83: 76-76.
- Chacon, M.R., E. Rodriguez, R.M.E. Parkhouse, P.R. Burrows & T. Garate, 1994. The differentiation of parasitic nematodes using random amplified polymorphic DNA. *Journal of Helminthology*, 68: 109-113.
- Cofcewicz, E.T., R.M. Carneiro, D.G. Randig, O. Chabrier & C. Quénéhervé, 2005. Diversity of *Meloidogyne* spp. on *Musa* in Martinique, Guadeloupe, and French Guiana. *Journal of Nematology*, 37: 313-322.

- Coomans, A., 2000. Nematode systematics: Past, present and future. *Nematology*, 2(1): 3-7.
- Coomans, A., 2002. Present status and future of nematode systematics. *Nematology*, 4: 573-582.
- Courtright, E.M., D.H. Wall, R.A. Virginia, L.M. Frisse, J.T. Vida & W.K. Thomas, 2000. Nuclear and mitochondrial DNA sequence diversity in the Antarctic nematode *Scottinema lindsayae*. *Journal of Nematology*, 32: 143-153.
- Curran, J., D.L. Baillie & J.M. Webster, 1985. Use of genomic DNA restriction fragment length differences to identify nematode species. *Parasitology*, 90: 137-144.
- Curran, J., M. McClure & J. Webster, 1986. Genotypic differentiation of *Meloidogyne* populations by detection of restriction fragment length difference in total DNA. *Journal of Nematology*, 18: 83-86.
- Curran, J. & J.M. Webster, 1989. Genotypic analysis of *Heterorhabditis* isolates from North Carolina, USA. *Journal of Nematology*, 21: 140-147.
- Curran, J., 1991. "Application of DNA analysis to nematode taxonomy, 125-143" In: *Manual of Agricultural Nematology* (Ed: W.R. Nickle), Marcel Dekker, Inc., New York. 1064 p.
- Curran, J. & F. Driver, 1994. Molecular taxonomy of *Heterorhabditis*. *Genetics of Entomopathogenic Nematode-Bacterium Complexes*. Luxembourg, European Commission Publication EUR, 15681: 178-187.
- Dautova, M., H. Overmars, J. Bakker, G. Smant & F.J. Gommers, 2002. Nuclear and mitochondrial DNA polymorphisms in three mitotic parthenogenetic *Meloidogyne* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 108: 209-220.
- De Ley, P. & W. Bert, 2002. Video capture and editing as a tool for the storage, distribution, and illustration of morphological characters of nematodes. *Journal of Nematology*, 34: 296-302.
- De Luca, F., A. Reyes, P. Veronico, M. Di Vito, F. Lamberti & C. De Giorgi, 2002. Characterization of the (GAAA) microsatellite region in the plant parasitic nematode *Meloidogyne artiellia*. *Elsevier Science*, 293: 191-198.
- Devran, Z., U. Gözel, M.A. Söğüt, Ş. Yıldız & İ.H. Elekçioğlu, 2002. Identification of root-knot nematodes in the Mediterranean region of Turkey by using rDNA and mtDNA markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 26: 337-341.
- Devran, Z., M.A. Söğüt, U. Gözel, M. Tör & İ.H. Elekçioğlu, 2008. Analysis of genetic variation between populations of *Meloidogyne* spp. from Turkey. *Russian Journal of Nematology*, 16(2): 143-149.
- Devran, Z., N. Mutlu, N. Özarslandan & İ. H. Elekçioğlu, 2009. Identification and genetic diversity of *Meloidogyne chitwoodi* in potato production areas of Turkey. *Nematropica*, 39: 75-83.
- Dong, K., R.A. Dean, B.A. Fortnum & S.A. Lewis, 2001. Development of PCR primers to identify species of root-knot nematodes: *Meloidogyne arenaria*, *M. hapla*, *M. incognita* and *M. javanica*. *Nematropica*, 31: 271-280.
- Elbadri, G., P. De Ley, L. Waeyenberge, A. Verstraete, M. Moens & J. Vanfleteren, 2002. Intraspecific variation in *Radopholus similis* isolates assessed with restriction fragment length polymorphism and DNA sequencing of the internal transcribed spacer region of the ribosomal RNA cistron. *Parasitology International*, 32: 199-205.
- Erickson, S., R. Denny & N. Young, 1993. Differentiating populations of *Heterodera glycines* with "RAPD" primers. *SON-Molecular Biology Committee Newsletter*, 5.
- Fargette, M., M. Phillips, V. Blok, R. Waugh & D. Trudgill, 1996. An RFLP study of relationships between species, populations, and resistancebreaking lines of tropical species of *Meloidogyne*. *Fundamental and Applied Nematology*, 19: 193-200.
- Ferris, V.R., J.M. Ferris & J. Faghihi, 1993. Variation in spacer ribosomal DNA in some cyst-forming species of plant parasitic nematodes. *Fundamental and Applied Nematology*, 16: 177-184.
- Ferris, V.R., J. M. Ferris, J. Faghihi & A. Ireholm, 1994. Comparisons of isolates of *Heterodera avenae* using 2-D PAGE protein patterns and ribosomal DNA. *Journal of Nematology*, 26: 144-151.
- Fleming, C.C. & T.O. Powers, 1998. "Potato Cyst Nematode Diagnostics; Morphology, Different Hosts and Biochemical Technique, 91-114". In: *Potato Cyst Nematode. Biology, Distribution and Control* (Eds: Marks, R. J. & B. B. Brodie), CAB International, Wallingford, UK. 320p.
- Floyd, R., E. Abebe, A. Papert & M. Blaxter, 2002. Molecular barcodes for soil nematode identification. *Molecular Ecology*, 11: 839-850.

- Folkerstma, R.T., K.E. de Groot, P.H.G. van Koert, M.P.E. van Gentpelzer, J.N.A.M.R. van der Voort, A. Schots, J. Bakker, F.J. Gommers & J. Helder, 1996a. Cluster-analysis of 36 *Globodera pallida* field populations using 2 sets of molecular markers. *European Journal of Plant Pathology*, 102: 577-584.
- Folkerstma, R.T., J.N.A.M.R. van der Voort, K.E. de Groot, P.M. van Zandvoort, A. Schots, F.J. Gommers, J. Helder & J. Bakker, 1996b. Gene pool similarities of potato cyst nematode populations assessed by AFLP analysis. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 9: 47-54.
- Fox, P.C. & H.J. Atkinson, 1986. Recent developments in the biochemical taxonomy of plant-parasitic nematodes. *Agricultural Zoology Reviews*, 1: 301-330.
- Fullaondo, A., E. Barrena, M. Viribay, I. Barrena, A. Salazar & E. Ritter, 1999. Identification of potato cyst nematode species *Globodera rostochiensis* and *G. pallida* by PCR using species specific primer combinations. *Nematology*, 1: 157-163.
- Garate, T., M. Robinson, M. Chacon & R. Park-House, 1991. Characterization of species and races of the genus *Meloidogyne* by restriction enzyme analysis. *Journal of Nematology*, 23: 414-420.
- Gözel, U., F. Lamberti, L.W. Duncan, A. Agostinelli, L. Rosso, K.B. Nguyen & B.J. Adams, 2006a. Molecular and morphological consilience in the characterisation and delimitation of five nematode species from Florida belonging to the *Xiphinema americanum*-group. *Nematology*, 8: 521-532.
- Gözel, U., B.J. Adams, K.B. Nguyen, R.N. Inserra, R.M. Giblin-Davis & L.W. Duncan, 2006b. A phylogeny of *Belonolaimus* populations in Florida inferred from DNA sequences. *Nematopica*, 36: 155-171.
- Ha, B., R.S. Hussey & H.R. Boerma, 2007. Development of SNP assays for marker-assisted selection of two southern root-knot nematode resistance QTL in soybean. *Crop Science*, 47(2): 73-82.
- Hammond, P.M., 1992. "Species Inventory, 17-39". In: *Global Diversity, Status of the Earth's Living Resources*, (Ed: Groombridge, B.), Chapman & Hall, London, 585 p.
- He, Y., S.A. Subbotin, T.V. Rubtsova, F. Lamberti, D.J.F. Brown & M. Moens, 2005. A molecular phylogenetic approach to Longidoridae (Nematoda: Dorylaimida). *Nematology*, 7: 111-124.
- Hominick, W.M., A.P. Reid, D.A. Bohan & B.R. Briscoe, 1996. Entomopathogenic nematodes: Biodiversity, geographical distribution and the convention on biological diversity. *Biocontrol Science and Technology*, 6: 317-331.
- Hugall, A., C. Moritz, J. Stanton, & D.R. Wolstenholme, 1994. Low but strongly structured mitochondrial DNA diversity in root knot nematodes (*Meloidogyne*). *Genetics*, 136: 903-912.
- Hugot, J.P., P. Baujard & S. Morand, 2001. Biodiversity in helminths and nematodes as a field of study: An overview. *Nematology*, 3: 199-208.
- Hussey, R.S., 1979. Biochemical systematics of nematodes. A review. *Helminthological Abstracts Series B, Plant Nematology*, 48: 141-148.
- Hyman, B.C. & T.O. Powers, 1991. Integration of molecular data with systematics of plant parasitic nematodes. *Annual Review of Phytopathology*, 29: 89-107.
- Hyman, B.C. & L.E. Whipple, 1996. Application of mitochondrial DNA polymorphism to *Meloidogyne* molecular population biology. *Journal of Nematology*, 28: 268-276.
- Inserra, R.N., A. Troccoli, U. Gözel, E.C. Bernard, D. Dunn, & L.W. Duncan, 2007. *Pratylenchus hippeastri* n. sp. (Nematoda: Pratylenchidae) from amaryllis in Florida with notes on *P. scribneri* and *P. hexincisus*. *Nematology*, 9: 25-42.
- Jones, J.T., M.S. Phillips & M.R. Armstrong, 1997. Molecular approaches in plant nematology. *Fundamental and Applied Nematology*, 20: 1-14.
- Jones, J.T. & B.E. Harrower, 1998. A comparison of the efficiency of differential display and cDNA-AFLPs as tools for the isolation of differentially expressed parasite genes. *Fundamental and Applied Nematology*, 21: 81-88.
- Joyce, S.A., A.M. Burnell, & T.O. Powers. 1994. Characterization of *Heterorhabditis* isolates by PCR amplification of segments of mtDNA and rDNA genes. *Journal of Nematology*, 26: 260-270.
- Jung, J., H. Han, S.H. Ryu & W. Kim, 2010. Microsatellite variation in the pinewood nematode, *Bursaphelenchus xylophilus* (Steiner and Buhner) nickle in South Korea. *Genes&Genomics*, 32: 151-158.

- Kalinski, A. & R.N. Huettel, 1988. DNA restriction fragment length polymorphism in races of the soybean cyst nematode, *Heterodera glycines*. *Journal of Nematology*, 20(4): 532-538.
- Kaplan, M., E.P. Caswell-Chen & V.M. Williamson, 1999. Assessment of host-induced selection on three geographic isolates of *Heterodera schachtii* using RAPD and AFLP markers. *Phytopathology*, 89: 68-73.
- Karajah, M., W.I. Abu-Gharbieh & S.A. Masoud, 2010. DNA extraction and PCR-based diagnosis of the root-knot nematodes (*Meloidogyne* species and races) of Jordan. *Jordan Journal of Agricultural Sciences*, 6(3): 342-352.
- Lambshhead, P.L.D., 1993. Recent developments in marine benthic biodiversity research. *Océanis*, 19(6): 5-24.
- Lazarova, S.S., G. Malloch, C.M.G. Oliveira, J. Hübschen & R. Neilson, 2006. Ribosomal and mitochondrial DNA analyses of *Xiphinema americanum* group populations. *Journal of Nematology*, 38: 404-410.
- Lecouls, A.C., M.J. Rubio-Cabetas, J.C. Minot, R. Voisin, A. Bonnet, G. Salesses, E. Dirlwanger & D. Esmenjaud, 1999. RAPD and SCAR markers linked to the *Ma1* root-knot nematode resistance gene in Myrobalan plum (*Prunus cerasifera* Ehr.). *Theoretical and Applied Genetics*, 99: 328-335.
- Manzanilla-López, R.H., K. Evans & J. Bridge, 2004. "Plant Diseases Caused by Nematodes, 637-716". In: *Nematology: Advances and Perspectives Vol 2: Nematode Management and Utilization* (Eds: Chen, Z.X., Chen, W.Y., Chen, S.Y., Dickson, D.W.), CABI Publishing, London. 608 p.
- Marché, L., S. Valette, E. Grenier & D. Mugniéry, 2001. Intra-species DNA polymorphism in the tobacco cyst nematode complex (*Globodera tabacum*) using AFLP. *Genome*, 44(6): 941-946.
- Mayr, E. & P. Ashlock, 1991. *Principles of Systematic Zoology*. 2nd ed. McGraw-Hill, New York, USA, p. 428.
- May, R.M., 1988. How many species are there on Earth? *Science*, 241: 1441-1449.
- Meher, H.C., S.B. Sharma & G. Singh, 2003. Genetic polymorphism in four geographically diverse *Meloidogyne incognita* populations in India. *Annals of Plant Protection Sciences*, 11: 96-100.
- Morgante, M. & A. Olivieri, 1993. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal*, 3: 175-182.
- Nadler, S.A., 1995. Advantages and disadvantages of molecular phylogenetics: A case study of Ascaridoid nematodes. *Journal of Nematology*, 27: 423-432.
- Orui, Y., 1999. Species identification of *Meloidogyne* spp. (Nematoda: Meloidogynidae) in Japan by random amplified polymorphic DNA (RAPD-PCR). *Japanese Journal of Nematology*, 29: 7-15.
- Petersen, D.J. & T.C. Vrain, 1996. Rapid identification of *Meloidogyne chitwoodi*, *M. hapla* and *M. fallax* using PCR primers to amplify their ribosomal intergenic spacer. *Fundamental and Applied Nematology*, 19: 601-605.
- Plantard, O. & C. Porte, 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in the sugar beet cyst nematode *Heterodera schachtii*. *Molecular Ecology*, 3: 139-141.
- Platzer, E.G., 1981. "Potential Use of Protein Patterns and DNA Nucleotide Sequences in Nematode Taxonomy, 3-21". In: *Plant Parasitic Nematodes, Vol 3* (Eds: B.M. Zuckerman & R.A. Rohde), Academic Press, Inc., New York, NY, USA, 3: 508 p.
- Powell, W., G.C. Machray & J. Provan, 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends Plant Science*, 1: 215-222.
- Powers, T.O., E. Platzer & B. Hyman, 1986. Species-specific restriction site polymorphism in root-knot nematode mitochondrial DNA. *Journal of Nematology*, 18: 288-293.
- Powers, T.O. & T.S. Harris, 1993. A polymerase chain reaction method for the identification of five major *Meloidogyne* species. *Journal of Nematology*, 25: 1-6.
- Powers, T.O., T.S. Harris & B.C. Hyman, 1993. Mitochondrial DNA sequence divergence among *Meloidogyne incognita*, *Romanomermis culicivorax*, *Ascaris suum* and *Caenorhabditis elegans*. *Journal of Nematology*, 25: 564-572.
- Powers, T.O. & C.C. Fleming, 1998. "Biochemical and Molecular Characterization, 335-379". In: *The Physiology and Biochemistry of Free-Living and Plant-Parasitic Nematodes* (Eds: R.N. Perry & D.J. Wright) CAB International, Wallingford, UK. 448 p.

- Randig, O., F. Leroy, M. Bongiovanni & P. Castagnone-Sereno, 2001. RAPD characterization of single females of the root-knot nematodes, *Meloidogyne* spp. *European Journal of Plant Pathology*, 107: 639-643.
- Reid, A.P. & W.M. Hominick, 1993. Cloning of the rDNA repeat unit from a British entomopathogenic nematode (Steinernematidae) and its potential for species identification. *Parasitology*, 107: 529-536.
- Reid, A. P., 1994. "Molecular taxonomy of *Steinernema*, in COST 812 Biotechnology: Genetics of Entomopathogenic Nematode-Bacterium Complexes, 49-58", *Proceedings of Symposium and Workshop, St Patrick's College, Mamoath, Co. Kildare, Ireland* (Eds: Burnell, A.M., R.U. Ehlers & J.P. Masson) European Commission, DG XII, Luxembourg.
- Reid, A., R.A. Manzanilla-López & D.J. Hunt, 2003. *Nacobus aberrans* (Thorne, 1935) Thorne and Allen, 1944 (Nematoda: Pratylenchidae); a nascent species complex revealed by RFLP analysis and sequencing of the ITS-rDNA. *Nematology*, 5: 441-452.
- Romero, M.D., M.F. Andres, I. López-Braña & A. Delibes, 1996. A pathogenic and biochemical comparison of two spanish populations of the cereal cyst nematode. *Nematologia Mediterranea*, 24: 235-244.
- Roosien, J., P.M. Vanzanvoort, R.T. Folkertsma, J.N. Vanzanvoort, A. Goverse, F.J. Gommers & J. Bakker, 1993. Single juveniles of the potato cyst nematode *Globodera rostochiensis* and *G. pallida* differentiated by randomly amplified polymorphic DNA. *Parasitology*, 107: 567-572.
- Rubtsova, T.V., M. Moens & S.A. Subbotin, 2005. PCR amplification of a rRNA gene fragment from formalin-fixed and glycerine-embedded nematodes from permanent slides. *Russian Journal of Nematology*, 13: 137-140.
- Schlötterer, C. & D. Tautz, 1992. Slippage synthesis of simple sequence DNA. *Nucleic Acids Research*, 20: 211-215.
- Semblat, J.P., E. Wajnberg, A. Dalmasso, P. Abad & P. Castagnone-Sereno, 1998. High-resolution DNA fingerprinting of parthenogenetic root-knot nematodes using AFLP analysis. *Molecular Ecology*, 7: 119-125.
- Silva, A.T. da, J.C.V. Penna, L.R. Goulart, M.A. dos Santos & N.E. Arantes, 2000. Genetic variability among and within races of *Heterodera glycines* Ichinoche assessed by RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology*, 23: 323-329.
- Smits, P.H., J.T.M. Groenen & G. de Raay, 1991. Characterization of *Heterorhabditis* isolates using DNA restriction fragment length polymorphism. *Revue de Nématologie*. 14(3): 445-453.
- Southern, E.M., 1975. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *Journal of Molecular Biology*, 98: 503-517.
- Stanton, J., A. Hugall & C. Moritz, 1997. Nucleotide polymorphisms and an improved PCR-based mtDNA diagnostic for parthenogenetic root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.). *Fundamental and Applied Nematology*, 20(3): 261-268.
- Subbotin, S.A., L. Waeyenberge, I.A. Molokanova & M. Moens, 1999. Identification of *Heterodera avenae* group species by morphometrics and rDNA-RFLPs. *Nematology*, 1: 195-207.
- Subbotin, S.A., A. Vierstraete, P. De Ley, J. Rower, L. Waeyenberge, M. Moens & J.R. Vanfleteren, 2001. Phylogenetic relationships within the cyst-forming nematodes (Nematoda, Heteroderidae) based on analysis of sequences from the ITS regions of ribosomal DNA. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 21: 1-16.
- Subbotin, S.A., D. Sturhan, V.N. Chizhov, N. Vovlas & J.G. Baldwin, 2006. Phylogenetic analysis of Tylenchida Thorne, 1949 as inferred from D2 and D3 expansion fragments of the 28S rRNA gene sequences. *Nematology*, 8(3): 455-474.
- Tautz, D., 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, 17: 6463-6471.
- Thiéry, M. & D. Mugniéry, 1996. Interspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in *Globodera* species, parasites of Solanaceous plants. *Fundamental and Applied Nematology*, 19: 471-479.
- Thiéry, M. & D. Mugniéry, 2000. Microsatellite loci in the phytoparasitic nematode *Globodera*. *Genome*, 43: 160-165.
- Ulutaş, E., A. Özarslandan, G. Kaşkavalcı & İ.H. Elekçioğlu, 2012. Ege Bölgesi patates alanlarında *Globodera rostochiensis* Wollenweber (Tylenchida: Heteroderidae)'in moleküler yöntemlerle saptanması. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 36(1): 155-160.

- Van der Beek, J.G., R. Folkerstma, C. Zijlstra, P.H.G. van Koert, L.M. Poleij & J. Bakker, 1998. Genetic variation among parthenogenetic *Meloidogyne* species revealed by AFLPs and 2D-protein electrophoresis contrasted to morphology. *Fundamental and Applied Nematology*, 21: 401-411.
- Vieira, P., W. Burgermeister, M. Mota, K. Metge & G. Silva, 2007. Lack of genetic variation of *Bursaphelenchus xylophilus* in Portugal revealed by RAPD-PCR analyses. *Journal of Nematology*, 39: 118-126.
- Vrain, T.C., D.A. Wakarchuk, A.C. Levesque & R.I. Hamilton, 1992. Intraspecific rDNA restriction fragment length polymorphism in the *Xiphinema americanum* group. *Fundamental and Applied Nematology*, 15(6): 563-573.
- Waeyenberge, L., A. Ryss, M. Moens, J. Pinochet & T. Vrain, 2000. Molecular characterization of 18 *Pratylenchus* species using rDNA restriction fragment length polymorphism. *Nematology*, 2: 135-142.
- Waeyenberge, L. & M. Moens, 2001. *Meloidogyne chitwoodi* and *M. fallax* in Belgium. *Nematologia Mediterranea*, 29: 91-97.
- Wang, S., R.D. Riggs & Y. Yang, 2001. Grouping of populations of *Heterodera trifolii* by host preference and AFLP pattern. *Nematology*, 3: 667-674.
- Welsh, J. & M. McClelland, 1990. Fingerprinting genomes with PCR using arbitrary primers. *Nucleic Acids Research* 18: 7213-7218.
- Williams J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski & S.V. Tingey, 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18: 6531-6535.
- Williamson, V.M., E. Caswellchen, B.B. Westerdahl, F.F. Wu & G. Caryl, 1997. A PCR assay to identify and distinguish single juveniles of *Meloidogyne hapla* and *M. chitwoodi*. *Journal of Nematology*, 29: 9-15.
- Xu, J., T. Narabu, T. Mizukubo & T. Hibi, 2001. A molecular marker correlated with selected virulence against the tomato resistance gene *Mi* in *Meloidogyne incognita*, *M. javanica*, and *M. arenaria*. *Phytopathology*, 91: 377-382.
- Xue, B., D. Baillie, K. Beckenbach & J. Webster, 1992. DNA hybridization probes for studying the affinities of three *Meloidogyne* populations. *Fundamental and Applied Nematology*, 15: 35-41.
- Xue, B.G., D.L. Baillie & J.M. Webster, 1993. Amplified fragment length polymorphisms of *Meloidogyne* spp. using oligonucleotide primers. *Fundamental and Applied Nematology*, 16: 481-487.
- Yan, G. & R.W. Smiley, 2010. Distinguishing *Heterodera filipjevi* and *H. avenae* using polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism and cyst morphology. *Phytopathology*, 100(3): 216-224.
- Yu, S., Y. Wang, X. Hu & W. Bai, 1998. RAPD analysis of four most common *Meloidogyne* spp. *Acta Phytopathologica Sinica*, 28: 359-365.
- Zabeau, M. & P. Vos, 1993. Selective restriction fragment amplification: A general method for DNA fingerprinting. European Patent Application, 92402629 (7), Office européen des brevets, Paris.
- Zietkiewicz, E., A. Rafalski & D. Labuda, 1994. Genome fingerprinting by simple-sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20: 176-183.
- Zijlstra, C., D. Donkers-Venne & M. Fargette, 2000. Identification of *Meloidogyne incognita*, *M. javanica* and *M. arenaria* using sequence characterized amplified region (SCAR) based PCR assays. *Nematology*, 2: 847-853.