T.C.
ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ KABAKGİL ÜRETİM ALANLARINDA VİRÜS HASTALIKLARININ BELİRLENMESİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MÜNEVVER ŞİMŞEK

Tez Danışmanı
PROF. DR. SAVAŞ KORKMAZ

ÇANAKKALE – 2025

T.C.
ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ KABAKGİL ÜRETİM ALANLARINDA VİRÜS HASTALIKLARININ BELİRLENMESİ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MÜNEVVER ŞİMŞEK

Tez Danışmanı
PROF. DR. SAVAŞ KORKMAZ

Bu çalışma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri birimi tarafından desteklenmiştir.
Proje No: FYL-2023-4397

ÇANAKKALE – 2025

T.C.
ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

Münevver ŞİMŞEK tarafından Prof. Dr. Savaş KORKMAZ yönetiminde hazırlanan ve **30/06/2025** tarihinde aşağıdaki jüri karşısında sunulan "**Güney Marmara Bölgesi Kabakgil Üretim Alanlarında Virüs Hastalıklarının Belirlenmesi**" başlıklı çalışma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü **Bitki Koruma Anabilim Dalı**'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak oy birliği ile kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri	**İmza**
Prof. Dr. Savaş KORKMAZ (Danışman)	……
Doç. Dr. Ali KARANFİL	……
Dr. Öğr. Üyesi Orhan BOZAN	……

Tez No : 10675604
Tez Savunma Tarihi : 30/06/2025

Dr. Öğr. Üyesi İ. Onur TUNÇ

Enstitü Müdürü V.

14/07/2025

ETİK BEYAN

Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tez Yazım Kuralları'na uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmasında; tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu, tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi, kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı, bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu, bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi taahhüt ve beyan ederim.

Münevver ŞİMŞEK
30/06/2025

TEŞEKKÜR

Bu tezin gerçekleşme aşamasında bilgisi ve tecrübesi ile yol gösteren, öğrenmem konusunda benden bir an olsun yardımlarını esirgemeyen saygı değer danışman hocam Prof. Dr. Savaş KORKMAZ'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışma süresince tüm zorlukları benimle göğüsleyen ve tezin her aşamasında yardımlarını ve bilgilerini benimle paylaşan aynı zamanda desteğini hiçbir zaman esirgemeyen, her zaman bana yol gösterici ve öğretici yaklaşan saygı değer hocam Doç. Dr. Ali KARANFİL'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bölüme alan dışı kabulümün gerçekleştiği süreçte desteğini ve yardımlarını esirgemeyen Prof. Dr. İsmail KASAP başta olmak üzere çok değerli Bitki Koruma Bölümü hocalarıma sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tezimin gerçekleştiği dönemde beni sabırla destekleyen ve yardımlarını esirgemeyen Burak Ramazan ERÇİN'e ve hayatımın her evresinde bana maddi manevi destek olan değerli aileme sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bu çalışmaya FYL-2023-4397 no'lu proje kapsamında maddi destek veren ÇOMÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonuna teşekkürü bir borç bilirim.

Münevver ŞİMŞEK

Çanakkale, Haziran 2025

ÖZET

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ KABAKGİL ÜRETİM ALANLARINDA VİRÜS HASTALIKLARININ BELİRLENMESİ

Münevver ŞİMŞEK
Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi
Lisansüstü Eğitim Enstitüsü
Bitki Koruma Anabilim Dalı Yüksek Lisans Tezi
Danışman: Prof. Dr. Savaş KORKMAZ
30/06/2025, 57

Türkiye'nin çeşitli bölgelerinde kabakgil virüsleri üzerine birçok araştırma yapılmış olmasına rağmen, Güney Marmara Bölgesi'nde (GMB) bu virüslerin moleküler düzeyde incelenmesine dair çalışmalar oldukça sınırlıdır. Bu eksiklikten yola çıkılarak, Balıkesir, Bursa ve Çanakkale illerinde virüs veya virüs benzeri belirtiler gösteren toplam 76 farklı kabakgil türünden örnekler toplanmıştır. Elde edilen örnekler, ülkemizde yaygın olarak görülen yedi farklı virüs için RT-PCR yöntemiyle analiz edilmiştir. İncelemeler sonucunda 52 örneğin en az bir virüs ile enfekte olduğu tespit edilmiştir. Bu örneklerde zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV) ve cucumber mosaic virus (CMV) türleri saptanmış, buna karşın cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV), cucumber vein yellowing virus (CVYV), cucurbit yellow stunting disorder virus (CYSDV) ve cucurbit chlorotic yellows virus (CCYV) varlığına rastlanmamıştır. En sık rastlanan virüs ZYMV olup, %34,21 oranında enfeksiyon oranına sahipken; CMV ise %2,63 oranla en az görülen virüs olmuştur. Enfekteli örneklerde en çok gözlemlenen belirti ise yapraklarda meydana gelen mozaik desenli renk değişiklikleridir. Moleküler analiz için her virüs türünden üçer adet olmak üzere toplam dokuz izolat seçilmiş ve bu izolatların kılıf protein gen bölgeleri dizilenmiştir. Elde edilen dizilerin karşılaştırılmasında Türk izolatlarının kendi aralarında %95-97 oranında benzerlik gösterdiği, buna karşılık farklı ülkelerden elde edilen izolatlarla %10'a varan genetik farklılıklar içerdiği saptanmıştır. Filogenetik analizler neticesinde ZYMV izolatlarının birbirine oldukça yakın ilişkili olduğu; WMV ve CMV izolatlarının ise farklı genetik gruplarda yer aldığı tespit edilmiştir. Bu çalışma ile Güney

Marmara Bölgesi'nde ZYMV ve WMV'ye ait izolatların ilk kez moleküler düzeyde karakterize edilmesi sağlanmıştır.

Anahtar Kelimeler: Kabakgil, Virüs, RT-PCR, Sekanslama, Filogenetik

ABSTRACT

DETERMINATION OF VIRUS DISEASES FROM CUCURBIT PRODUCTION FIELDS OF SOUTH MARMARA REGION IN TÜRKİYE

Münevver ŞİMŞEK
Çanakkale Onsekiz Mart University
School of Graduate Studies
Master of Science Thesis in Plant Protection

Supervisor: Prof. Dr. Savaş KORKMAZ
30/06/2025, 57

Although numerous studies on cucurbit viruses have been conducted across various regions of Turkey, molecular characterization studies specific to the South Marmara Region (SMR) remain limited. To address this gap, a total of 76 cucurbit samples exhibiting viral or virus-like symptoms were collected from different species in Balıkesir, Bursa, and Çanakkale provinces. These samples were screened using reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) for seven viruses known to be present in Turkey. Out of all the samples analyzed, 52 were found to be infected with at least one viral agent. Among the viruses detected were zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV), and cucumber mosaic virus (CMV), while cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV), cucumber vein yellowing virus (CVYV), cucurbit yellow stunting disorder virus (CYSDV), and cucurbit chlorotic yellows virus (CCYV) were not identified in any of the samples. ZYMV showed the highest infection rate at 34.21%, whereas CMV was the least frequently detected at 2.63%. Mosaic-like discolorations on the leaves were the most observed symptom in infected plants. For molecular characterization, nine isolates were selected (three from each detected virus) and the nucleotide sequences of their coat protein genes were determined. Sequence alignment results revealed that Turkish isolates shared 95–97% similarity among themselves but exhibited up to 10% divergence when compared to isolates from other countries. Phylogenetic analysis indicated that ZYMV isolates were closely related to each other, while WMV and CMV isolates were distributed among distinct

clades. This study represents the first molecular characterization of ZYMV and WMV isolates in the South Marmara Region of Turkey.

Keywords: Cucurbits, Virus, RT-PCR, Sequencing, Phylogenetics

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

JÜRİ ONAY SAYFASI……... i
ETİK BEYAN…… ii
TEŞEKKÜR…….. iii
ÖZET ……..…….. iv
ABSTRACT …….. vi
İÇİNDEKİLER ……..…… viii
SİMGELER ve KISALTMALAR……..……. x
TABLOLAR DİZİNİ…….…. xi
ŞEKİLLER DİZİNİ……..……...…….….. xii

BİRİNCİ BÖLÜM
GİRİŞ

İKİNCİ BÖLÜM
ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR 7

2.1. Dünyada Yapılan Çalışmalar…….....…….…..... 7
2.2. Ülkemizde Yapılan Çalışmalar…….……...…...…… 23

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM
MATERYAL YÖNTEM 27

3.1. Arazi Çalışmaları…….....……..... 27
3.2 Virüs Tanılama Çalışmaları…….....……..... 27
3.2.1. Total RNA İzolasyonu ...…….……..……. 27
3.2.2. Denatürasyon Aşaması……... 28
3.2.3. Ters Transkripsiyon Aşaması……. 28
3.2.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu Aşaması……... 28
3.2.5. Agaroz Jel Elektroforezi Aşaması…….. 29

3.3. Biyoinformatik Analizler……. ....…….…..... 30

DÖRDÜNCÜ BÖLÜM
ARAŞTIRMA BULGULARI 34

4.1. Arazi ve Virüs Tanılama Çalışmaları…… ....…….…..... 34
4.2. Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları……... ....…….…..... 37

BEŞİNCİ BÖLÜM
SONUÇ ve ÖNERİLER 48

KAYNAKÇA ...……. 50
EKLER …….……. I
EK 1. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ CUCUMBER MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ…….. I
EK 2. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ CUCUMBER MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ……. III
EK 3. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ ZUCCHINI YELLOW MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ…… IV
EK 4. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ ZUCCHINI YELLOW MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ…….. VI
EK 5. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ WATERMELON MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ…… VII
EK 6. GÜNEY MARMARA BÖLGESİ WATERMELON MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ…….. IX
ÖZGEÇMİŞ ….……..... X

SİMGELER VE KISALTMALAR

CMV	Cucumber mosaic virus
WMV	Watermelon mosaic virus
ZYMV	Zucchini yellow mosaic virus
RNA	Ribonucleic acid
nt	Nükleotit
aa	Amino asit
CTAB	Cetyltrimethylammonium Bromide
CGMMV	Cucumber green mottle mosaic virus
CVYV	Cucumber vein yellowing virus
CYSDV	Cucurbit yellow stunting disorder virus
CCYV	Cucurbit chlorotic yellows virus
cDNA	Komplementer DNA
RT-PCR	Ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu
TNA	Total nükleik asit

TABLOLAR DİZİNİ

Tablo No	Tablo Adı	Sayfa No
Tablo 1	Bazı önemli kabakgil türlerinin üretim verileri	2
Tablo 2	Ülkemizdeki bazı kabakgil türlerinin illere göre üretim verileri	3
Tablo 3	Moleküler çalışmalarda kullanılan primer çiftleri	29
Tablo 4	Moleküler karakterizasyon çalışmaları için seçilen izolatlara ait bilgiler	30
Tablo 5	Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya watermelon mosaic virus izolatlarına ait bilgiler	31
Tablo 6	Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya zucchini yellow mosaic virus izolatlarına ait bilgiler	32
Tablo 7	Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya cucumber mosaic virus izolatlarına ait bilgiler	33
Tablo 8	Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarından toplanan örnek sayıları	34
Tablo 9	Toplanılan örneklerde tespit edilen tek enfeksiyon sayıları	36
Tablo 10	Toplanılan örneklerde tespit edilen karışık enfeksiyon sayıları	36
Tablo 11	Toplanılan örneklerde tespit edilen enfeksiyon oranları	36

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil No	Şekil Adı	Sayfa No
Şekil 1	Arazi çalışmaları kapsamında en fazla rastlanılan simptom tipi olan mozaik belirtilerinin kavun yapraklarındaki görünümü	35
Şekil 2	Türk ve dünya watermelon mosaic virus (WMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	38
Şekil 3	Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	39
Şekil 4	Türk ve dünya cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	40
Şekil 5	Türk ve dünya watermelon mosaic virus (WMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	41
Şekil 6	Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	42
Şekil 7	Türk ve dünya cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları	43
Şekil 8	Türk ve dünya watermelon mosaic virus izolatlarının filogenetik ilişkileri	44
Şekil 9	Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus izolatlarının filogenetik ilişkileri	45
Şekil 10	Türk ve dünya cucumber mosaic virus izolatlarının filogenetik ilişkileri	46

BİRİNCİ BÖLÜM
GİRİŞ

Kabakgiller (Cucurbitaceae) familyası, dünya genelinde tarımsal öneme sahip olan ve gıda güvenliği açısından değer taşıyan, tropik, subtropik ve ılıman iklim kuşaklarında yetiştirilen önemli bir bitki ailesidir. Kabakgiller, çoğunlukla sarılıcı, otsu ve yıllık bitkiler olarak bilinse de bazı odunsu ve çok yıllık türlere de sahiptir. Bu bitkiler, genellikle derin kök sistemine sahip olmalarına rağmen suya ve besin maddelerine duyarlıdır. Çiçekleri tek eşeyli ve genellikle monoiktir, bu da yabancı döllenmeyi artırarak genetik çeşitliliğe katkıda bulunur. Meyve yapısı türlere göre değişiklik gösterse de genellikle etli ve tohum bakımından zengindir. Kabakgiller, yoğun fotosentez kapasitesiyle karbon döngüsüne katkı sağlar ve biyokütle üretimi açısından verimlidir.

Bu familyada yer alan kabak (*Cucurbita* spp.), karpuz (*Citrullus lanatus*), kavun (*Cucumis melo*), hıyar (*Cucumis sativus*) ve acur (*Cucumis flexuosus*) gibi türler gerek besleyici değerleri gerekse düşük kalorili içerikleri ile dünya genelinde tüketiciler tarafından sıklıkla tercih edilmektedir. Cucurbitaceae familyası, yaklaşık 130 cins ve 800'den fazla tür ile karakterize edilmektedir (Jeffrey, 2005). Bu türlerin çoğu, insan beslenmesinde temel bir yer tutarken, aynı zamanda hayvan yemi, yağ üretimi ve ilaç sanayinde de kullanılmaktadır. Kabakgiller, C vitamini, potasyum, magnezyum gibi minerallerin yanı sıra lif açısından da zengin bir içeriğe sahiptir ve özellikle sıcak iklim koşullarında rahatça yetiştirilebilmektedir (FAO, 2023).

Tarımsal potansiyeli yüksek olan ülkeler kabakgil üretiminde ilk sıralarda yer almaktadır. Dünya karpuz, hıyar, kavun, kabak ve bal kabağı üretimi incelendiğinde en önemli ilk dört ülkenin Çin, Türkiye, Hindistan ve Rusya Federasyonu olduğu görülmektedir (Tablo 1). Bu ürünlerin dünya üretimi tek tek incelendiğinde; karpuz üretiminde 60.7 milyon ton (mt) üretim ile Çin (% 60) ilk sırada yer almaktadır. Çin'i 3.9 mt üretim ile Türkiye (% 3.9), Türkiye'yi üçüncü sırada ise 2.5 mt üretim ile Hindistan (% 2) izlemektedir. Dünya da toplam karpuz üretimi 100.4 mt olup bunun 82.4 mt'u 12 ülke tarafından karşılanmaktadır. Dünya da hıyar üretiminde de ilk sırayı 70.3 mt üretim ile Çin (% 80) almaktadır. Çin'i 1.9 mt üretim ile Türkiye (% 2), Türkiye'yi üçüncü sırada ise 1.6 mt üretim ile Rusya Federasyonu (% 2) izlemektedir. Dünya da toplam hıyar üretimi 87.8 mt olup bunun 79.4

mt'u 12 ülke tarafından karşılanmaktadır. Dünya da hıyar üretiminde de ilk sırayı 70.3 mt üretim ile Çin (% 80) almaktadır. Çin'i 1.9 mt üretim ile Türkiye (% 2), Türkiye'yi üçüncü sırada ise 1.6 mt üretim ile Rusya Federasyonu (% 2) izlemektedir. Dünya da toplam hıyar üretimi 87.8 mt olup bunun 79.4 mt'u 12 ülke tarafından karşılanmaktadır.

Dünya da kavun üretimine bakıldığında yine 13.5 mt üretim ile Çin (% 49) ilk sırada yer almaktadır. Çin'i 1.8 mt üretim ile Türkiye (% 7), Türkiye'yi üçüncü sırada 1.3 mt üretim ile Hindistan (% 5) izlemektedir. Dünya da toplam kavun üretimi 27.5 mt olup bunun 22.9 mt'u 12 ülke tarafından karşılanmaktadır. Karpuz, hıyar, kavun üretiminde olduğu gibi kabak ve balkabağı üretiminde de ilk sırada yine 8.4 mt üretim ile Çin (% 37) ilk sırada yer almaktadır. Çin'i Ukrayna ve Rusya Federasyonu izlemektedir. Türkiye ise 0.6 mt üretim ile 8. sırada (% 3) yer almaktadır. Dünya da toplam kabak üretimi 22.9 mt olup bunun 16.1 mt'u 12 ülke tarafından karşılanmaktadır (FAO, 2023) (Tablo 1).

Tablo 1.

Bazı önemli kabakgil türlerinin üretim verileri

Karpuz	Mt	%	Hıyar	Mt	%	Kavun	Mt	%	Kabak Balkabağı	Mt	%
Toplam üretim (128 ülke)	100.4		Toplam üretim (132 ülke)	87.8		Toplam üretim (105 ülke)	27.5		Toplam üretim (120 ülke)	22.9	
İlk 12 ülke	82.4	82	İlk 12 ülke	79.4	90	İlk 12 ülke	22.9	83	İlk 12 ülke	16.1	70
Çin	60.7	60	Çin	70.3	80	Çin	13.5	49	Çin	8.4	37
Türkiye	3.9	4	Türkiye	1.9	2	Türkiye	1.8	7	Ukrayna	1.3	6
Hindistan	2.5	2	Rusya Fed.	1.6	2	Hindistan	1.3	5	Rusya Fed.	1.2	5
Brezilya	2.3	2	Ukrayna	1.0	1	Kazakistan	1.0	4	İspanya	0.7	3
Arjantin	2.2	2	Iran	0.9	1	İran	0.9	3	Meksika	0.7	3
Iran	1.9	2	Özbekistan	0.9	1	Mısır	0.7	3	Bangladeş	0.6	3
Rusya Fed.	1.8	2	Meksika	0.8	1	ABD	0.7	3	ABD	0.6	3
ABD	1.7	2	İspanya	0.7	1	İspanya	0.7	3	Türkiye	0.6	3
Mısır	1.6	2	ABD	0.7	1	Guatemala	0.6	2	Italya	0.6	3
Meksika	1.4	1	Japonya	0.5	1	Meksika	0.6	2	Endonezya	0.5	2
Kazakistan	1.4	1	Polonya	0.5	1	İtalya	0.6	2	Küba	0.4	2
Özbekistan	1.2	1	Kazakistan	0.5	1	Brezilya	0.6	2	Cezayir	0.4	2

Ülkemizde karpuz, hıyar, kavun ve kabak üretimine bakıldığında 2023 yılı üretim verilerine göre karpuz üretiminin 3.200.000 ton, hıyar üretiminin 1.900.000 ton, kavun üretiminin 1.4000.000 ton ve kabak üretiminin ise 600.000 olduğu görülmektedir (TÜİK, 2023). Ürün bazında en çok üretim yapılan illere bakıldığında karpuz üretiminde 553.800 ton üretim ile ilk sırayı Adana ilinin aldığı görülmektedir. Bu ilimizi 352.600 ton ile Antalya

ve 220.000 ton ile Mersin ili izlemektedir. Karpuz üretiminde ilk 10 il toplam üretimin %64'ünü gerçekleştirmektedir (Tablo 2). Hıyar üretiminde ilk sırayı 419.100 ton ile Antalya ili almaktadır. Bu ilimizi 221.000 ton ile Mersin, 112.500 ton ile İzmir izlemektedir. Hıyar üretiminde ilk 10 il toplam üretimin %51'ini gerçekleştirmektedir. Kavun üretiminde karpuz üretiminde olduğu gibi ilk sırayı 140.000 ton ile yine Adana ili almaktadır. Bu ilimizi sırasıyla 101.100 ton ile Denizli, 83.500 ton ile Antalya ili izlemektedir. Kavun üretiminde ilk 10 il toplam üretimin % 52'sini karşılamaktadır. Kabak üretiminde ise Mersin ili 281.700 tn ile ilk sırada yer almaktadır. Bu ilimizi 123.900 ton ile Antalya, 23.500 ton ile Bursa ilimiz izlemektedir. Kabak üretiminde ilk 10 il toplam üretimin % 85'ini karşılamaktadır. Çanakkale ilinde ise 2023 yılında karpuz üretimi 34.900 ton, hıyar üretimi 6300 ton, kavun üretimi 34.000 ton ve kabak üretimi ise 1540 ton olarak gerçekleşmiştir (Tablo 2, TÜİK 2023).

Tablo 2.

Ülkemizdeki bazı kabakgil türlerinin illere göre üretim verileri

Karpuz	Ton	Hıyar	Ton	Kavun	Ton	Kabak	Ton
Toplam üretim	3.200.000	Toplam üretim	1.900.000	Toplam üretim	1.400.000	Toplam üretim	600.000
İlk 10 il	2.053.000	İlk 10 il	981.600	İlk 10 il	728.700	İlk 10 il	513.000
Adana	553.800	Antalya	419.100	Adana	140.000	Mersin	281.700
Antalya	352.600	Mersin	221.200	Denizli	101.100	Antalya	123.900
Mersin	220.000	Izmir	112.500	Antalya	83.500	Bursa	23.500
Bursa	212.600	Kahramanmaraş	40.100	Mardin	74.000	Muğla	22.800
Muş	185.500	Adana	36.600	Manisa	68.300	Ankara	21.300
Adıyaman	123.300	Karaman	35.700	Konya	66.700	Karaman	15.500
Samsun	116.700	Manisa	32.400	Çankırı	53.400	Adana	10.500
Manisa	107.200	Eskişehir	29.000	Ankara	52.200	Hatay	7.800
Diyarbakır	91.800	Hatay	28.200	Samsun	48.700	Sakarya	5.500
Mardin	89.500	Amasya	26.800	Diyarbakır	40.800	Manisa	500

Türkiye, Akdeniz iklim kuşağında bulunması ve geniş ekim alanlarına sahip olması nedeniyle, kabakgil üretiminde dünyada önemli bir yere sahiptir. Tarımsal üretim açısından stratejik bir bölge olan Marmara Bölgesi, iklim ve toprak özellikleri sayesinde kabakgil yetiştiriciliği için elverişli koşullar sunmaktadır. Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) verilerine göre, kabakgil üretimi ülkenin tarımsal üretim sisteminin önemli bir bileşenini oluşturmakta ve Güney Marmara, hem iç piyasa talebini karşılamak hem de ihracat potansiyelini artırmak amacıyla önemli bir kabakgil üretim merkezi olarak öne çıkmaktadır (TÜİK, 2023). Güney Marmara Bölgesi, Türkiye'nin sebze üretim potansiyeli yüksek bölgelerinden biri olup, kabakgil türlerinin yetiştiriciliği açısından elverişli iklim koşullarına

ve tarımsal altyapıya sahiptir. Bölgede, yerel çeşitler ile modern hibrit türlerin bir arada yetiştirilmesi, genetik çeşitliliği artırmakta ve üretim kalitesini güçlendirmektedir. Ancak kabakgil üretiminde yaşanan hastalık sorunları, özellikle virüs kaynaklı hastalıklar, üretim süreçlerini ciddi şekilde etkilemektedir. Virüs hastalıkları, bitkilerde büyüme ve gelişme bozukluklarına, meyve kalitesinde düşüşe ve ciddi verim kayıplarına yol açmaktadır. Bu durum hem üreticiler hem de tarımsal sürdürülebilirlik açısından önemli bir tehdit oluşturmaktadır.

Kabakgil tarımı yapılan arazilerde verim ve kaliteyi olumsuz etkileyen hastalıklar arasında fungal, bakteriyel ve viral etmenler önemli bir yer almaktadır. Kabakgillerin yüksek ekonomik değeri ve yaygın tarımsal üretimi, bu bitkilerin çeşitli biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı korunmasını zorunlu kılmaktadır. Biyotik stres faktörleri arasında özellikle virüs kaynaklı hastalıklar, bu bitki grubunda ciddi verim kayıplarına yol açmaktadır. Bitki virüsleri, kabakgillerde ciddi zararlar oluşturarak verim düşüşüne, ürün kalitesinde bozulmalara ve ekonomik kayıplara yol açmaktadır. Kabakgil türlerinde yaygın olarak görülen virüs hastalıkları arasında kabak sarı mozaik virüsü (zucchini yellow mosaic virus; ZYMV), karpuz mozaik virüsü (watermelon mosaic virus; WMV) ve hıyar mozaik virüsü (cucumber mosaic virus; CMV), hıyar yeşil benekli mozaik virüsü (cucumber green mottle mosaic virus; CGMMV), hıyar sarı damar virüsü (cucumber vein yellowing virus; CVYV), kabakgil sarı bodurlaşma bozukluğu virüsü (cucurbit yellow stunting disorder virus; CYSDV), kabakgil klorotik sarılık virüsü (cucurbit chlorotic yellow virus; CCYV) gibi patojenler öne çıkmaktadır. Bu virüslerin bitki dokularına yerleşmesi, bitkinin fotosentez kapasitesini, su ve besin alımını olumsuz etkileyerek yapraklarda mozaik, deformasyon, sararma ve nekrotik lekeler gibi belirtilerle kendini göstermektedir. Ayrıca, enfekte bitkilerde büyüme geriliği, çiçek ve meyve deformasyonu, meyve tutumunda azalma ve kalite kaybı gibi sorunlar yaygın olarak görülmektedir (FAO, 2023).

Virüs hastalıkları, genetik direnç geliştirme, entegre mücadele stratejilerinin uygulanması ve biyolojik kontrol yöntemlerinin kullanımıyla kontrol altına alınabilir. Ancak, virüs enfeksiyonlarının kompleks yapısı ve çevresel faktörlerle olan etkileşimi, bu mücadele yöntemlerini güçleştirmektedir. Bu nedenle, kabakgillerde virüs hastalıklarının önlenmesine yönelik yeni stratejilerin geliştirilmesi ve uygulanması büyük bir öneme sahiptir.

FAO'nun (Gıda ve Tarım Örgütü) raporlarına göre, dünya genelinde tarımsal ürünlerde yaşanan verim kayıplarının önemli bir kısmı virüs kaynaklı hastalıklardan kaynaklanmakta olup, bu durum özellikle kabakgil üreticileri için ciddi bir tehdit oluşturmaktadır. Virüsler genellikle vektör böcekler aracılığıyla yayılmaktadır. Kabakgillerde en yaygın virüs vektörleri *Aphis gossypii* (pamuk yaprak biti) ve *Myzus persicae* (şeftali yaprak biti) gibi sokucu-emici ağız yapısına sahip zararlılardır. Bunun yanı sıra mekanik temas, enfekte tohumlar ve tarımsal araç gereçlerle taşınma da virüslerin yayılmasına katkıda bulunmaktadır (Hull, 2014). Virüs hastalıkları, genetik direnç geliştirme, entegre mücadele stratejilerinin uygulanması ve biyolojik kontrol yöntemlerinin kullanımıyla kontrol altına alınabilir. Ancak, virüs enfeksiyonlarının kompleks yapısı ve çevresel faktörlerle olan etkileşimi, bu mücadele yöntemlerini güçleştirmektedir. Bu nedenle, kabakgillerde virüs hastalıklarının önlenmesine yönelik yeni stratejilerin geliştirilmesi ve uygulanması büyük bir öneme sahiptir. Dolayısıyla, kabakgil yetiştiriciliğinin sürdürülebilirliği ve verimliliği açısından virüs hastalıklarının yayılımının engellenmesi kritik bir öneme sahiptir.

TÜİK verilerine göre, Marmara Bölgesi'nde kabakgil üretim alanları son yıllarda artış göstermiş ve bu alanlarda hastalık riskleri de paralel bir artış eğilimi sergilemiştir. Bu bağlamda, Güney Marmara Bölgesi'nde virüs kaynaklı hastalıkların varlığı ve yaygınlık oranlarının tespit edilmesi, hastalıkların bölgeye olan etkilerinin belirlenmesi ve etkin kontrol stratejilerinin geliştirilmesi açısından büyük önem taşımaktadır (TÜİK, 2023). FAO'nun dünya genelindeki tarımsal hastalıklarla mücadeleye yönelik stratejileri incelendiğinde, virüs hastalıklarının azaltılmasında hijyen uygulamaları, dayanıklı çeşitlerin kullanımı ve entegre hastalık yönetim sistemlerinin geliştirilmesi gibi önlemlerin başarılı sonuçlar verdiği görülmektedir (FAO, 2023).

Ülkemizin farklı bölgelerinde kabakgil virüsleri ile ilgili çok sayıda çalışma yapıldığı bilinmektedir. Ancak Güney Marmara Bölgesi'nde kabakgil üretim alanlarındaki virüs hastalıklarının moleküler karakterizasyonuna yönelik gerçekleştirilmiş sınırlı sayıda çalışma mevcuttur. Ayrıca bitki virüs hastalıklarının etkin bir kimyasal mücadelesi bulunmadığı için, bu çalışmada ileri yıllarda yapılması muhtemel dayanıklılık çalışmalarına temel oluşturmak için ZYMV, WMV, CMV, CGMMV, CVYV, CYSDV, CCYV izolatlarının tespiti, kabakgil üretim alanlarında virüs kaynaklı hastalıkların tür ve yaygınlık oranlarını belirleyip bu

veriler ışığında bölge tarımında sürdürülebilir üretim sistemleri için gerekli önleyici stratejilerin geliştirilmesi adına bilimsel bir temel sunmayı ve moleküler karakterizasyon çalışmalarının yapılması amaçlanmıştır.

İKİNCİ BÖLÜM
ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Kabakgil üretiminde önemli problemlerden biri virüs hastalıkları olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu virüs hastalıkları kabakgil bitkilerinde normal gelişme düzenini bozmakta, bitkilerde anormal meyve oluşumuna neden olup pazarlanabilir ürün miktarını düşürerek veya meyve oluşumunu tamamen engelleyerek ekonomik anlamda büyük kayıplar meydana getirmektedir (Keçe ve Kamberoğlu, 2016).

Oldukça fazla sayıda virüs türünün dünyanın her tarafında yetiştiriciliği yapılan kabakgillerde enfeksiyon oluşturduğu bilinmektedir. Kabakgil virüslerinin yaygınlıkları ve konukçu üzerindeki agronomik etkileri oldukça karmaşık olup, dünya çapında kabakgil üretimini sınırlandıran en önemli hastalık grubunu oluşturmaktadırlar (Desbiez vd., 2009). Virüs tanılama yöntemlerindeki gelişmelere paralel olarak her geçen gün yeni bir viral etmenin kabakgillerde enfeksiyon yaptığı tespit edilmektedir.

Ülkemizde ve dünyada gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda kabakgillerde yaygın olarak enfeksiyona neden olan bazı viral etmenler ZYMV, WMV, CMV, CGMV, CVYV, CYSDV ve CCYV olarak belirtilmiştir (Kaya ve Erkan, 2011; Desbiez vd., 2009; Karanfil ve Korkmaz, 2021). Bu viral hastalıklar ilgili yapılan çalışmalar detaylı olarak dünyada ve ülkemizde yapılan çalışmalar başlıkları altında verilmiştir.

2.1. Dünyada Gerçekleştirilen Çalışmalar

Kaplan vd. (1998), CMV'nin kapsid proteinindeki amino-terminal bölgenin virüsün hücreden hücreye hareketi, virion oluşumu ve RNA bağlanması üzerindeki etkilerini incelemiştir. Sonuçlar, bu bölgenin stabil virion yapısı için gerekli olduğunu, ancak virion oluşmadan da hücreler arası yayılımın mümkün olabileceğini göstermiştir.

Park (2001), Kore'de yaptığı çalışmada 1998–2000 yılları arasında toplam 541,1 hektar alanda iki Tobamovirus türü, cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) ve

zucchini green mottle mosaic virus (ZGMMV), kabakgil bitkilerinde tespit edilmiştir. CGMMV karpuz, salatalık, kavun ve oriental kavunda görüldüğünü, ZGMMV'nin ise esas olarak kabaktan izole edildiğini bildirmiştir. Kılıf proteini genine ait tek sarmallı cDNA konformasyon polimorfizm (SSCP) analizine göre, 36 CGMMV izolatı üç gruba ayrılmıştır. Serolojik analizlerde (DAS-ELISA ve RIPA), CGMMV, ZGMMV ve kyuri green mottle mosaic virus (KGMMV) izolatları yalnızca özgül antikorlarla reaksiyon göstermiş; ZGMMV ve KGMMV arasında kısmi biyolojik benzerlik saptanmıştır. Tarla araştırmalarında CGMMV ve ZGMMV yaygın şekilde tespit edilmiş, KGMMV'ye ise rastlanmamıştır. Şişe kabak tohumlarında CGMMV bulaşma oranı %84, ancak tohumdan bulaşma oranı yalnızca %2 olarak belirlenmiştir. Doğal olarak enfekte alanlarda toprak yoluyla bulaşma oranı %0-3,5 arasında değişmiştir. Virüsle mücadelede erken dönemde enfekte ürünlerin imhası ve sanitasyon önerilmiştir. CGMMV ve ZGMMV'nin konukçu yelpazesinin kabakgil bitkileri ile sınırlı olması, bu önlemleri uygulanabilir kıldığı bildirilmiştir.

Riedle-Bauer vd. (2002) yılında *Cucurbita pepo* var. *styriaca*'da ZYMV enfeksiyon kaynakları konulu çalışmalarında, 1997'den itibaren *C. pepo* var. *styriaca*'da ZYMV enfeksiyonları, ciddi verim kayıplarına ve ekonomik zararlara yol açtığını bildirmiştir. Bu bağlamda çalışmasında da, ZYMV'nin tohumla bulaşma olasılığı ve yabancı otların virüs rezervuarı olarak rolünü incelemişlerdir. ZYMV'nin tohumla bulaşması, enfekte bitkilerden elde edilen 12 tohum partisinin 7'sinde %1-5 oranında tespit edildiği bildirilmiştir. Yabancı otlarda doğal enfeksiyon nadiren görülmüş, ancak yapay inokülasyonda ZYMV yalnızca *Chenopodium album*'da lokal enfeksiyonlara neden olduğunu belirtmişlerdir. Elde edilen sonuçların, ZYMV'nin epidemilerinde enfekte tohumların ana kaynak olduğunu ve yabancı otların virüs rezervuarı olarak rolünün sınırlı olduğunu göstermişlerdir.

Wang vd. (2002) kabakgillerde CMV ve potyvirüslerin birlikte enfeksiyona neden olmasının sinerjistik bir etkileşim gösterdiğini belirtmiştir. Kabak ve kavun bitkilerinin, potyvirus olan ZYMV ile hem Fny-CMV (IA alt grubu) hem de LS-CMV (II alt grubu) ile birlikte enfekte edildiğinde şiddetli sinerjistik hastalık belirtileri gösterdiğini belirtmiştir. Bu belirtilerin zamanla iletim dokusunda solgunluğa ve bitki ölümüne kadar ilerlediği ifade edilmiştir. ZYMV ile birlikte enfekte edilen kabak bitkilerinde, Fny- veya LS-CMV

RNA'larının birikimi, CMV tek başına enfekte edildiğindekinden biraz daha fazla olduğu ifade edilmiştir. CMV'nin pozitif iplikçikli (+) RNA düzeylerinde artış gözlemlenirken, negatif iplikçikli (-) RNA3 düzeylerinde bir artış olmadığı ifade edilmiştir. Ayrıca, sadece LS-CMV'nin kılıf proteini düzeyinde artış görüldüğü belirtilmiştir. ZYMV ise, hem tek enfeksiyonda hem de karışık enfeksiyonda, kabak ve kavun bitkilerinde benzer düzeylerde birikimi olduğu ifade edilmiştir. Kabağın, potyvirus olan WMV ve CMV streynlerinle birlikte enfekte edilmesi durumunda hem Fny-CMV hem de LS-CMV RNA düzeylerinin arttığını bildirmişlerdir. Ancak WMV ile birlikte enfeksiyonda da, CMV'nin RNA3 ipliği düzeylerinde çok az ya da hiç artış olmadığını belirtmişlerdir. Satellit RNA içeren CMV streynlerinin (WL47-sat RNA ve B5-sat RNA) enfeksiyonları, yardımcı virüs RNA birikimini azalttığı; ancak B5-sat RNA'nın LS-CMV ile birlikte olduğu durum bu durumun istisna olduğunu ifade etmişlerdir. Ayrıca ZYMV'nin satellit RNA'lı CMV streynlerinle birlikte bulunduğu enfeksiyonlarda, uydu RNA'ların yardımcı virüs üzerindeki baskılayıcı etkisi tersine döndüğü ve satellit RNA birikiminin arttığı belirtilmiştir. CMV ve potyvirüsler arasındaki bu sinerjistik etkileşimin, tütünde yapılmış olanlardan farklı özellikler sergilediği, bu da potyvirus kaynaklı sinerjistik mekanizmaların bitki türüne göre değişiklik gösterdiğini ortaya koyduğunu bildirmişlerdir.

Ali vd. (2004), Pakistan'ın Kuzey-Batı Sınır Bölgesi'nde yaptıkları bir çalışmada yaz ve kış aylarında yetiştirilen kabakgillerde, mozaik, renk bozulması ve yaprak deformasyonu gibi viral enfeksiyon belirtileri gözlemlemişlerdir. CGMMV, ZYMV, WMV ve PRSV'nin kabakgillerde yaygın olduğu tespit edilmiştir. CGMMV, %46,9 ile en yaygın virüs olup, ardından ZYMV (%14,8), WMV (%12,5) ve PRSV (%7,8) gelmiştir. Örneklerin %42'sinde iki virüs, %8'inde ise üç virüs birlikte bulunmuştur. Genetik analizlerde, ZYMV-Pak izolatının ABD izolatına, PRSV-Pak izolatının ise Hindistan izolatlarına yakın olduğu belirlenmiştir. CGMMV ve WMV izolatlarında ise düşük genetik farklılık gözlenmiştir.

Kassem vd. (2007) yaptıkları bu çalışmada, İspanya'nın Murcia bölgesindeki açık tarla kavun (*Cucumis melo*) ve kabak (*Cucurbita pepo*) alanlarında virüs enfeksiyonlarının yaygınlığını belirlemek amacıyla sistematik taramalar yapmışlardır. Önceden sağlık durumu bilinmeyen 48 tarla parselinden toplam 924 örnek toplanmış ve 9 farklı kabakgil virüsü için moleküler hibridizasyon analizlerini uygulamışlardır. Örneklerin yaklaşık %90'ında en az

bir virüs enfeksiyonu tespit etmişler, en yaygın virüs cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) olduğunu bildirmişlerdir (kavunda %83, kabakta %66). Kavun bitkilerinde CABYV'yi takiben en yaygın virüslerin CYSDV, BPYV ve WMV; kabakta ise CVYV ve BPYV olduğunu belirtmişlerdir. Çoklu enfeksiyon oranları oldukça yüksek olduğunu; enfekte kavun örneklerinin %66'sı ve kabak örneklerinin %56'sının birden fazla virüsle enfekte bulunduğunu ifade etmişlerdir. Tüm çoklu enfeksiyonlarda CABYV varlığını tespit etmişlerdir. RFLP analizleri ise, CABYV izolatlarının iki genetik gruba ayrıldığını göstermiş; 2003'te her iki grup gözlenirken, 2004'te yalnızca birinin tespit edildiğini belirtmişlerdir. Bu bulgular, CABYV'nin bölgede kabakgil üretimi için önemli bir tehdit olabileceğini gösterdiğini ifade etmişlerdir.

Massumi vd. (2007) İran'da sera koşullarında kabakgil virüslerinin yaygınlığının belirlenmesi üzerine gerçekleştirdikleri araştırmalarında 2002–2004 yılları arasında İran'ın çeşitli bölgelerindeki sera ortamlarında yetiştirilen kabakgil bitkilerini yedi farklı virüsün yaygınlığı açısından incelemişlerdir. Toplam 2.389 örnek üzerinden yaptıkları ELISA analizlerinde, en sık tespit edilen virüsler CMV (%21.2) ve ZYMV (%18) olmuştur. WMV'yi %4.3 oranında ve TSWV'yi %1,25 oranında saptarlarken; CuNV, SqMV ve PRSV'yi hiçbir örnekte tespit edememişlerdir. 117 örnekte ikili ve 4 örnekte üçlü karışık enfeksiyon gözlemişlerdir. Bu çalışmanın, İran'da hıyar bitkisinde TSWV ve ZYMV enfeksiyonunun doğal olarak saptandığının ilk kaydı olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca seralar çevresinde yetişen 16 farklı bitki türünden 6'sının virüsler ile enfekte olduğunu ve potansiyel olarak rezervuar konumunda olduğunu ifade etmişlerdir. Bu bitkilerden dördünü bu virüsler için yeni konukçular olarak rapor etmişleridir.

Reingold vd. (2007) yaptıkları bu çalışmada, 2007 yılından bu yana İsrail'de CGMMV'nin serada yetiştirilen hıyar ve kavun ile açık alanda yetiştirilen karpuzlarda ciddi verim kayıplarına yol açtığını bildirmişlerdir. Bu çalışmada, CGMMV'nin yayılımını ve kontrolünü dört başlık altında incelemişlerdir: (1) seralarda virüs dağılımının izlenmesi, (2) tarımsal uygulamalarla bulaşma potansiyeli, (3) virüsün bitki dokularındaki lokalizasyonu ve (4) mücadele yöntemlerinin geliştirilmesi. Bulguların, tohum ve toprak kaynaklı birincil bulaşmanın yanı sıra bıçak, makas ve elle yapılan işlemlerle ikincil bulaşmanın da önemli olduğunu ortaya koymuşlardır. CGMMV antikoru ile yapılan floresan analizlerinde virüsün

floem, ksilem, tüy hücreleri ve sülüklerde lokalize olduğu gösterilmiştir. Ticari sera koşullarında yapılan denemeler, erken enfekteli bitkilerin uzaklaştırılması ve ekim çukurlarına virüssüz kompost (ara ortam) eklenmesinin bulaşma riskini azalttığını belirtmişlerdir. Araştırmacılar bu önlemlerin, sanitasyon uygulamaları ve işçi hareketliliği kontrolüyle birleştirilmesi, CGMMV kaynaklı verim kaybını ekonomik zarar eşiğinin altına düşürebileceğini bildirmiştir.

Bananej vd. (2008), 2005-2006 yıllarında İran'da kabakgil yetiştirilen 17 bölgede yaptıkları çalışmada, 1699 yaprak örneğini incelemiş ve %71'inde en az bir virüs tespit etmişlerdir. En yaygın virüsü CABYV olarak hıyarda %49, kabakta %47, kavunda %40 ve karpuzda %33 oranında bulmuşlardır. Kavun ve karpuzda WMV, hıyarda CMV ve kabakta ZYMV ikinci en sık görülen virüsler olarak tespit ettiklerini bildirmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar ilk kez İran'da MNSV ve ZYFV tespit etmişlerdir. Karışık enfeksiyonların yaygın olduğunu (%49) ve en sık görülen kombinasyonların WMV+CABYV ve ZYMV+CABYV olduğunu belirtmişlerdir. Bu virüslerin yaygınlığının, İran'daki kabakgil tarımı için ciddi bir tehdit oluşturduğunu ifade etmişlerdir.

El-Shamy (2009) yaptığı bir çalışmada, serada *Cucurbita pepo* L. cv. *Eskandrani* bitkilerine CMV inokülasyonu sonucunda şiddetli simptomlar gözlemiştir. Sistemik enfeksiyonun ilk belirtisi, 7. günde genç yapraklarda damarların saydamlaşması şeklinde başladığını; bunu 10. günde mozaik, 15. günde şiddetli mozaik ve beneklenme, 20–25. günlerde ise yaprak deformasyonları ve eğrelti yaprağı benzeri formasyonlar takip ettiğini ifade etmiştir. Enfekte yapraklardan alınan özsular ile yapılan mekanik inokülasyon sonucunda virüsün *Chenopodium amaranticolor* ve kabak bitkilerine bulaştığı ve DBIA testi ile doğrulandığını belirtmiştir. CMV ile enfekte yapraklarda simptom gelişimi sürecinde yaprak klorofil içeriğindeki değişimlerini ölçmüş; SDS-PAGE ile toplam protein profilinde belirgin farklılıklar tespit etmiştir. Hastalıklı bitkilerde 16–28 kDa arasında çözünür ve çözünmeyen polipeptitler gözlemiştir. DISC-PAGE yöntemiyle yapılan peroksidaz izoenzim analizinde 6–8 farklı izoenzim tespit etmiştir. RAPD-PCR analizlerinde, CMV'ye bağlı simptom çeşitlerine göre genetik polimorfizm gözlemiş; toplam 15 fragmanın %53'ü polimorfik olarak tanımlamıştır. En yüksek bant sayısı kırışıklık simptomlarında (18 bant)

saptamıştır. Bu veriler, CMV enfeksiyonunun bitki fizyolojisi ve genetik yapısı üzerindeki etkilerini detaylı olarak ortaya koyduğunu belirtmiştir.

Coutts vd. (2011a) ZYMV'nin biyolojik özelliklerinin tespiti ve kılıf proteini gen dizilimlerinin karşılaştırılması konulu bu araştırmalarında, ZYMV'nin biyolojik özelliklerini, tespit yöntemlerini ve kılıf proteini gen dizilimlerini incelemişler ve farklı bölgelerden toplanan izolatların genetik çeşitliliğini analiz etmişlerdir.

Coutts vd. (2011b) yaptıkları bu çalışmada ise 2006-2009 yıllarında Batı Avustralya'da ZYMV'nin kabakgil ürünlerinde yayılımını kontrol etmek için arazi denemeleri gerçekleştirmişlerdir. Çalışmalarda, kültürel kontrol yöntemlerinin ve direnç genlerinin etkinliğini değerlendirmişlerdir. Genç bitkileri yaprak biti popülasyonlarından korumak için ekim tarihlerini değiştirmişler, enfekte kaynaklardan uzak bölgelerde ekim yapmışlar ve 25 metrelik tahıl bariyerleri kullanmışlardır. Bu yöntemler virüsün yayılımını sınırlamıştır. Zym geninin, hıyarda yüksek direnç sağladığı, kabakta düşük enfeksiyon seviyelerinde etkili olduğunu bildirmişlerdir. Ancak yüksek enfeksiyon baskısında simptomları hafifletse de tamamen koruma sağlamadığı bildirilmiştir. Bu bulguların entegre hastalık yönetimi stratejilerine kültürel kontrol yöntemlerinin eklenmesini ve direnç genleri taşıyan çeşitlerin kullanımına dair önerilerin güncellenmesini sağladığını belirtmişlerdir.

Zitikaitė vd. (2011), Ukrayna'da kabakta CMV'nin tespiti konulu bu çalışmalarında, 2009 yılında Ukrayna'nın Ternopil ve Chernivtsi bölgelerinden toplanan kabak yapraklarında CMV'yi tespit etmişlerdir. Hastalıklı bitkilerde mozaiklenme, sararma ve yaprak deformasyonlarının görüldüğünü bildirmişlerdir. Etmeni elektron mikroskobu (EM) ve RT-PCR yöntemleriyle analiz etmişlerdir. Yedi farklı botanik familyada ait bitkilerde mekanik inokülasyonla geniş bir konukçu yelpazesi belirlendiğini bildirmişlerdir. EM incelemesinde, CMV'ye özgü izometrik virüs partikülleri (28-30 nm) gözlemlemişlerdir. RT-PCR sonuçları, toplanan kabak örneklerinin CMV'nin alt grup II'ye ait olduğunu doğruladığını ifade etmişlerdir.

Ali vd. (2012) yaptıkları bir çalışmada, 2008–2010 yılları arasında Oklahoma eyaletinde yürütülen bir arazi çalışmasında, kabakgil bitkilerinde viral enfeksiyonların yaygınlığını ve dağılımını araştırılmışlardır. Dört farklı ilçede 1.049 simptomatik yaprak örneği toplayarak yedi farklı virüse karşı serolojik ve moleküler analizler gerçekleştirmişlerdir. Bulguların, PRSV'nin %51 ile en yaygın virüs olduğunu, bunu WMV (%14) ve ZYMV (%10) izlediğini ortaya koyduğunu göstermişlerdir. Squash mosaic virus (SqMV), melon necrotic spot virus (MNSV) ve CMV'nin ise düşük oranlarda tespit edildiğini ifade etmişlerdir. Araştırmacılar topladıkları örneklerde ise cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV)'ye ise rastlamadıklarını bildirmişlerdir Örneklerin yaklaşık %10'unda iki veya üç virüsle karışık enfeksiyonlar saptamışlardır. Ayrıca bazı yabancı ot türlerinin PRSV taşıdığı ve potansiyel yeni virüslerin varlığına dair moleküler kanıtlar elde etmişlerdir. Çalışmnın Oklahoma'daki kabakgil üretimini etkileyen viral hastalıkların çeşitliliğini ve yaygın tehdit düzeyini ortaya koyduğunu belirtmişlerdir.

Herrera-Vásquez vd. (2013), Panama'da açık tarla kabakgil üretim alanlarında yapılan kapsamlı tarla çalışmalarında, virüs enfeksiyonlarının yaygınlığını ve tür dağılımını ortaya koymuşlardır. Üretim sezonunun 2006 yılında yalnızca melon necrotic spot virus (MNSV) tespit ettiklerini bildirmişlerken, 2008'de ise en yaygın virüsün PRSV olduğunun belirtmişlerdir. PRSV'yi sırasıyla ZYMV, WMV ve MNSV'nin takip ettiğini ifade etmişlerdir. CMV, SqMV, CGMMV, tomato spotted wilt virus (TSWV), cucurbit yellow stunting disorder virus (CYSDV), cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV), beet pseudo-yellows virus (BPYV), beet yellows virus (BYV) ve cucumber vein yellowing virus (CVYV) gibi diğer önemli kabakgil virüslerine rastlamadıklarını belirtmişlerdir. Örneklerin %60'ında tekli, %40'ında ise ikili enfeksiyonlar (örneğin PRSV+WMV, PRSV+ZYMV, ZYMV+MNSV) tespit etmişlerdir. Virüslerin yayılımının, hem yetiştirilen kabakgil türüne hem de bölgesel koşullara göre değişiklik gösterdiğini belirtmişlerdir.

Suresh vd. (2013), yaptıkları çalışmada kabakgil bitkilerinin farklı iklimsel ve tarımsal koşullarda yetiştirilmeleri nedeniyle geniş bir viral çeşitliliğe maruz kaldığını bildirmişlerdir. 2009–2010 yıllarında Hindistan'ın Maharashtra eyaletinde yaptıkları bir arazi araştırmasında kavun ve diğer kabakgil bitkilerinden toplanan enfekteli örnekleri değerlendirilmişler ve virüs izolatlarını elde edilerek özsuyla bulaşma yoluyla konukçu

yelpazelerini belirlemişlerdir. Çalışmada en yaygın tespit edilen virüslerin CMV, ZYMV, WMV ve CGMMV olduğunu, özellikle Nashik bölgesinde bu virüslerin yaygın olduğunu bildirmişlerdir. Aurangabad ve Paithan bölgelerinde watermelon bud necrosis virus (WBNV), CMV, ZYMV, WMV ve watermelon silver mottle virus (WSMoV) izolatlarını tespit ederlerken; Sangamner'de ise WBNV, ZYMV ve WSMoV; Sillod'da ise sadece CMV enfeksiyonu gözlediklerini belirtmişlerdir. ZYMV, CMV ve WBNV için konukçu bitkilerde mekanik taşınma protokollerini standardize etmişlerdir. Ayrıca CMV ve ZYMV'nin bitki dokularında yüksek virüs yoğunluğuna ulaştığını bildirmişlerdir.

Ayo-john (2014), Nijerya'nın güneybatısında kabakgil tarlalarında viral hastalıkların yaygınlığını incelemiştir. En sık rastlanan virüs CMV olmuş, hem kültür bitkilerinde (%16,1–23,7) hem de yabani otlarda (%78,6) yüksek oranda tespit edilmiştir. Ayrıca bazı örneklerde PRSV ve WMV ile karışık enfeksiyonlar da gözlemlenmiştir. CMV, bölgede kabakgil üretimi için başlıca tehdit olarak öne çıktığı vurgulanmıştır.

Ali vd. (2014), Pakistan'ın Khyber Pakhtunkhwa (KPK) eyaletinde yürütülen tarla araştırmasında, kabakgil ürünlerinde CGMMV enfeksiyonunun yüksek oranda yaygın olduğunu ortaya koymuşlardır. Yedi ilçede yapılan incelemelerde en yüksek ortalama enfeksiyon oranı Nowshera (%58.1), Charsada (%51.1) ve Swabi (%40.5) ilçelerinde kaydetmişlerdir. Düz ovalık alanlarda en fazla enfeksiyon şişe kabağında (%59.3), ardından sırasıyla kabakta (%56.3), balkabağında (%54.5) ve kavunda (%45.5) gözlemlemişlerdir. Dağlık kuzey bölgelerinde ise en yüksek oran balkabağında (%52.9) tespit etmişlerdir. Genetik analizlerde, Pakistan CGMMV izolatının kılıf proteini amino asit dizilerinin diğer ülkelerde bildirilen izolatlara kıyasla sınırlı varyasyon gösterdiğini belirlemişlerdir.

Romay vd. (2014), Venezuela'nın farklı eyaletlerinde yaptıkları bir arazi çalışmasında virüs benzeri simptomlar gösteren 284 kabakgil bitkisinden yaprak örnekleri toplayarak viral enfeksiyonları PCR ve RT-PCR yöntemleriyle analiz etmişlerdir. En yaygın virüsü %65.8 oranıyla MeCMV olarak tespit etmişler ve bu virüse eşlik eden alfasatellitleri pozitif örneklerin %78'inde tespit etmişlerdir. PRSV'yi %34.2, ZYMV'yi %32.4 ve WMV'yi %1.1 oranında, CMV'yi ise %6.7 oranında belirlemişlerdir. SqMV ve CABYV'ye

rastlamamışlardır. Enfeksiyonların %56.4'ü tekli, %38.6'sını ise karışık enfeksiyonlar olarak tespit etmişlerdir. ZYMV için yaptıkları filogenetik analizler ve serolojik testlerde, Venezuela izolatlarının düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ancak biyolojik çeşitlilik bakımından önemli farklılıklar gösterdiğini ortaya koymuşlardır. 34 ZYMV izolatının analizinde, çoğu eyalete yayılmış baskın bir grup ile yalnızca Zulia bölgesinde bulunan iki alt grup tespit etmişlerdir. Hıyarda ZYMV'ye karşı geliştirilen direnç daha kalıcı görünürken, kabak ve kavun gibi türlerdeki direnç veya toleransın kolayca aşılabileceğini göstermişlerdir.

Ibaba vd. (2015) 2011–2013 yılları arasında Güney Afrika Cumhuriyeti'nin KwaZulu-Natal bölgesinde kabakgillerde görülen virüs enfeksiyonlarını belirlemek amacıyla tarla çalışmaları yürütmüşlerdir. Virüs benzeri simptomlar gösteren yaprak örneklerini DAS-ELISA ve RT-PCR yöntemleriyle analiz etmişlerdir. CMV, BPYV, ZYMV, MWMV ve bir Polerovirus'u sırasıyla %3.48, %10, %13.04, %48.70 ve %41.67 oranlarında tespit etmişlerdir. Filogenetik analizlerde, CMV izolatlarının IA alt grubuna, ZYMV izolatlarının AI ve AII alt gruplarına ait olduklarını göstermişlerdir. MWMV izolatlarının, Güney Afrika'ya özgü bir küme oluşturduğunu, Polerovirus izolatlarını ise PABYV olarak tanımlanmışlardır. Bu bulguların, bölgedeki kabakgil üretimini etkileyen virüslere karşı etkili mücadele stratejilerinin geliştirilmesine katkı sağlayacağını belirtmişlerdir.

Barbosa vd. (2016), yaptıkları bu çalışmalarında, *Cucurbita pepo* L. (kabak) bitkisinde PRSV, WMV ve ZYMV izolatlarının konukçu genişliklerini karşılaştırmak ve CMV ile oluşturdukları karışık enfeksiyonların etkilerini değerlendirmeyi amaçlamışlardır. Yirmi üç farklı bitki türü üzerinde yaptıkları testlerde PRSV, ZYMV ve WMV izolatları arasında biyolojik farklılıklar gözlemlemişlerdir. RT-PCR analizlerinde bu virüslerin CP ve CI gen bölgelerini başarıyla amplifiye etmişlerdir. Kabak çeşitlerinden Caserta üzerinde yaptıkları etkileşim deneylerinde, özellikle Potyvirus türleri arasında sinerjistik etkileşimleri ve bazı CMV kombinasyonlarında interferans etkilerini ortaya koymuşlardır.

Begum vd. (2016), kabak ıslah hatlarında virüslerin tespiti ve etkileri üzerine yaptıkları bu çalışmalarında, 26 kabak ıslah hattında dört farklı virüsü (PRSV, WMV, CMV, ZYMV) tespit etmişlerdir. Virüslerin yapraklarda mozaik ve yaprak deformasyonu ile kloroz gibi simptomlara neden olduğunu bildirmişlerdir. PRSV ve ZYMV'nin en yaygın virüsler olsuğunu tespit ederlerken, CMV ve WMV'yi daha az tespit edildiğini bildirmişledir. Bazı hatlar virüslere karşı direnç göstermiştir. Ayrıca, bu virüslerin kabakgiller ve solanaceae gibi bitki türlerinde sistemik enfeksiyonlar oluşturabileceğini bildirmişlerdir.

Nagendran vd. (2017) 2012–2014 yılları arasında Hindistan'ın Tamil Nadu eyaletindeki yedi agroklimatik bölgede kabakgillerde görülen virüslerin yayılımını araştırılmışlardır. Topladıkları örneklerde yaptıkları testlerde en yaygın virüsün begomovirüsler (%98,6) olduğunu belirlemişlerdir. Bunu PRSV (%32,1) ve CGMMV (%22,2) takip ettiğini ifade etmişlerdir. ZYMV ve CMV'nin ise daha düşük oranlarda (%7,1 ve %5) saptandığını belirtmişlerdir. Örneklerin %50'sinden fazlasında ikili ya da üçlü karışık enfeksiyonlar tespit edildiğini ve sekans analizlerinde özellikle ToLCNDV ve SLCCNV gibi begomovirüslerin baskın olduğunu göstermişlerdir.

Park vd. (2017) yaptıkları bu çalışmalarında, Kore'de karpuz tarlalarında yaygın görülen CGMMV enfeksiyonlarının kaynağını belirlemek amacıyla yeni CGMMV izolatları toplamışlar ve moleküler olarak karakterize etmişlerdir. İzolatların genetik açıdan diğer tobamovirüslerden farklı olduğunu ve tümünün "Asya" kökenli kümelerde bulunduğunu bildirmişlerdir. Çalışmanın CGMMV'nin Kore'de tohum kaynaklı yayılımını ve bölgesel genetik çeşitliliğini ortaya koyduğunu ifade etmişlerdir.

Nagendran vd. (2018), Hindistan'ın güney bölgelerinde 2012–2014 yılları arasında yapılan arazi araştırmalarında, yılan kabağı (snake gourd) ve su kabağı (bottle gourd) bitkilerinde yaygın olarak görülen viral enfeksiyonları incelemişlerdir. Bitkilerde bodurluk, mozaik beneklenme, yaprak buruşması ve kloroz gibi belirtiler gözlemlemişler ve hastalık oranlarını %63 ila %88 arasında değiştiğini ifade etmişlerdir. Mekanik inokülasyonlar sonuçlarını tarla koşullarındaki belirtiler ile karşılaştırmışlardır. DAS-ELISA ve RT-PCR testleri sonucunda, öneklerde CMV enfeksiyonunu doğrulamışlardır. CMV'nin CP genine

ait dizi analizleri sonucunda izolatların CMV alt grup IB ile %92'nin üzerinde benzerlik taşıdığını göstermişlerdir. RNA1, RNA2 ve RNA3 gen bölgelerini klonlamışlar ve dizilemişler; bu dizilerin Hindistan veya Asya'daki CMV izolatlarından çok İtalya'da biberi enfekte eden bir izolat ile filogenetik olarak daha yakın olduğunu belirlemişlerdir. Çalışmada CMV'nin biyolojik, serolojik ve moleküler özellikleri kapsamlı şekilde ortaya koymuşlardır.

Chan vd. (2018), yaptıkları bu çalışmada Tayvan'da kabak üretimini kısıtlayan başlıca virüs hastalıkları belirlemişlerdir. 2016–2017 yıllarında yaptıkları arazi taramasında 600'den fazla örnek incelemişler, en yaygın virüslerin SLCuPV ve PRSV olduğu tespit etmişlerdir. SLCuPV'nin Güney ve Doğu Tayvan'da, PRSV'nin ise Kuzey ve Merkez'de daha yaygın olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca ZYMV, WMV ve CCYV virüslerini de tespit etmişlerdir. Sonuçların dayanıklı kabak çeşitlerinin geliştirilmesinin ve hastalıklarla mücadelede kritik önemli olduğu vurgulamışlardır.

Moradi vd. (2019), ZYMV'nin popülasyon genetiği üzerine bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışmada ZYMV popülasyonlarının genetik yapısını incelemek amacıyla, farklı kıtalardan 104 izolatın CI gen dizilimlerini analiz etmişlerdir. ZYMV izolatlarının üç ana filogenetik gruba ayrıldığını göstermişlerdir. Grup I'in dünya genelinde yaygın olduğunu ve İran izolatlarının bu grupta yer aldığını ifade etmişlerdir. Grup II'nin ise yalnızca Singapur'dan, Grup III ise Doğu Timor, Reunion Adası ve Avustralya'dan izolatları içerdiğini bildirmişlerdir. Çoğu coğrafi popülasyon arasında düşük ile orta düzeyde genetik farklılık görüldüğünü ve Okyanusya popülasyonu ile Amerikan popülasyonunların belirgin şekilde birbirinden ayrıldığını göstermişlerdir. Gen akışının büyük coğrafi mesafelere rağmen orta ile yüksek düzeyde olduğunu bulmuşlardır. CI geninde güçlü bir arıtıcı seçilim tespit etmişler, genetik sürüklenme ve kurucu etkilerin popülasyon yapısında önemli rol oynadığı belirlemişlerdir.

Wang vd. (2019), 2016 yılında Çin'in Zhejiang bölgesinde yaptıkları bir araştırmada, *Cucurbita maxima* bitkilerinde ciddi viral enfeksiyon belirtileri (cüceleşme, mozaikleşme, yaprak deformasyonu ve meyve bozuklukları gibi) gözlenmiştir. Jinhua'da ekili kabak bitkilerinin yaklaşık %50'si enfekte olmuş ve %35 verim kaybına yol açmıştır. Araştırmada,

viral enfeksiyonları teşhis etmek için NCBI'deki bilinen tüm virüs genomlarına dayalı bir küçük RNA haritalama yöntemi geliştirilmiştir. 25 enfekte ve 25 sağlıklı bitki örneği toplanmıştır. Illumina dizileme ile 24 farklı virüs tespit edilmiştir. ZYMV, WMV ve CMV, enfekte yapraklarda en baskın virüsler olarak belirlenmiş ve bu üç virüsün karışık enfeksiyonu RT-PCR ile doğrulanmıştır. Yeni teşhis yöntemi, diğer yöntemlere kıyasla daha az biyoinformatik işlem gerektirdiği, hızlı ve ekonomik bir teşhis sağladığı vurgulanmıştır. Bu nedenle, NCBI genom bilgilerine sahip virüslerin teşhisinde geniş bir uygulama potansiyeline sahiptir.

Clarke vd. (2020), Avustralya'nın ORIA bölgesinde ZYMV'nin kabakgil ürünlerini tehdit ettiğini belirtmişlerdir. Yağışlı mevsimde yabani kabakgillerde düşük düzeyde enfeksiyon bulunmuş, bu bitkiler virüsün kuru mevsimde ticari ürünlere yayılmasına aracılık ettiği saptanmıştır. Yaprak bitlerinin düşük oranda virüs taşıdığı (%10'a kadar), yayılımın genelde ürün kenarlarında odaklandığı görülmüştür. Genetik analizler, ORIA izolatlarının ZYMV grup B'ye ait olduğunu göstermiştir. Bu bulgular, virüs yayılımını önlemek için entegre bir hastalık yönetim stratejisi geliştirilmesine yardımcı olmuştur.

López-Martín (2020), kavun yetiştiriciliğinde ZYMV'ye karşı direnç geliştirme konulu bu çalışmada, kavun yetiştiriciliğinde zucchini sarı mozaik virüsü (ZYMV)'nin, verim ve kalite kaybına neden olan önemli bir tehdit olduğunu belirtmiştir. Kimyasal mücadele yeterli olmadığından, direnç genlerinin ticari çeşitlere aktarılmasının en etkili ve çevre dostu yöntem olarak vurgulanmıştır. Hindistan kökenli PI 414723 hattı, ZYMV ve diğer önemli virüslere karşı dirençli bulunmuş ve bu direnç monogenik (Zym geni) veya oligogenik olarak tanımlanmıştır. PI 414723 gibi dirençli hatların ıslah programlarına dahil edilmesi, kavun üretiminde hastalık kontrolünde önemli bir strateji olarak görülmüştür.

Ahsan vd. (2020), yaptığı bu çalışmada CMV'nin, dünya genelinde ve Pakistan'da önemli sebzeler için ciddi bir tehdit oluşturduğunu belirtmiştir. Pothwar bölgesinde yürütülen bu çalışma, CMV'nin kabakgil (Cucurbitaceae) ve Solanaceae familyasına ait sebzelerdeki yaygınlığını, genetik çeşitliliğini ve rekombinasyon durumunu belirlemeyi amaçlamıştır. ELISA testleriyle yapılan analizler, patojenin incelenen 10 sebze türünün

tamamında bulunduğunu ve en yüksek bulaş oranlarının salatalık (%45,38), domates (%21,15), karpuz (%19,39) ve biber (%19,05) türlerinde görüldüğünü ortaya koymuştur. Moleküler ve filogenetik analizler sonucunda, 10 Pakistan CMV izolatının iki alt gruba ayrıldığı belirlenmiştir: Dört izolat (alt grup IB) %94,96; diğer altı izolat (alt grup II) ise %92,8 genetik benzerlik göstermiştir. Rekombinasyon analizlerinde, AAICu (MH119070) izolatının Hindistan (X89652) ve Pakistan (MH119068) izolatları arasında bir rekombinant olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışma, CMV'nin yayılımı, genetik çeşitliliği ve rekombinasyon süreçleri üzerine önemli bulgular sunduğu, hastalığın yönetimi için dirençli genotiplerin geliştirilmesi ve çittçilerin eğitilerek vektör kontrolüne yönelik stratejilerin benimsenmesi gerektiği vurgulanmıştır.

De Moya-Ruiz vd. (2021), İspanya'nın üç bölgesinde (Castilla La-Mancha, Alicante, Murcia) yürütülen bu çalışmada, karpuz ve balkabağından alınan örneklerde Watermelon mosaic virus (WMV) ve Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV) varlığı araştırılmıştır. WMV %53 oranıyla baskın bulunurken, MWMV daha sınırlı olarak saptanmıştır. Oluşturulan enfektif cDNA klonları ile yapılan bitki enfeksiyon testlerinde, WMV izolatı çoğu bitkide MWMV'ye göre daha yüksek viral yük oluşturmuştur. Karışık enfeksiyonlarda da WMV baskın kalmıştır. Bulgular, MWMV'nin sınırlı yayılımının hem konukçu bitki türüne hem de WMV'nin baskınlığına bağlı olabileceğini göstermiştir.

Venkataravanappa vd (2021), Hindistan'ın Doğu Uttar Pradesh eyaletindeki Mirzapur ve Varanasi bölgelerinde yapılan saha araştırmalarında, kavun ve hıyar bitkilerinde yaprak kıvrılması (%30–40) ve mozaik hastalığı (%50–60) belirtilerinin yüksek olduğunu ortaya koymuştur. Virüs simptomu gösteren toplam 103 yaprak örneğinde DAS-ELISA ve PCR testleri uygulanmıştır. Analizler sonucunda örneklerde şu virüsler tespit edilmiştir: Cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV, 10 örnek), Papaya ringspot virus-W (PRSV-W, 9), Groundnut bud necrosis virus (GBNV, 25), Cucumber mosaic virus (CMV, 21), Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, 7) ve DNA virüs (21). On örnekte RNA ve DNA virüslerinin karışık enfeksiyonları belirlenmiştir. DNA virüs analizleri, 21 örnekte Tomato leaf curl Palampur virus (ToLCPalV) adlı bilinen bir bipartit begomovirüsün varlığını ortaya koymuştur. Kavun (Mm-1) ve hıyar (Cb-1) örneklerinden elde edilen ToLCPalV izolatlarının tam genom dizilemesi RCA yöntemiyle yapılmıştır. DNA-A ve

DNA-B segment analizleri, bu izolatların domates ve kabakgil bitkilerinde enfektif olan ToLCPalV ile %88,4–99,1 oranında nükleotid benzerliği taşıdığını göstermiştir. Rekombinasyon analizleri, bu izolatların rekombinant yapıda olduğunu ortaya koymuştur. Bulgular, ToLCPalV varyantlarının Hindistan'daki kabakgil üretimi için yükselen bir tehdit oluşturduğunu göstermektedir.

Abdelkhalek vd. (2022), *Cucurbita pepo* L. (kabak) bitkisinde cucumber mosaic virus (CMV) enfeksiyonunun, patogenezle ilişkili ve fenilpropanoid yolaklarına ait genlerin ekspresyonu ile fitokimyasal bileşenler üzerindeki etkilerini 2–12 gün sonrası (dpi) boyunca incelemişlerdir. CMV izolatı DAS-ELISA, TEM ve kılıf proteini gen dizilemesiyle doğrulanmıştır. Enfeksiyon, savunma ile ilişkili genlerden PR-1, PR-2, PAL, HQT ve CHS'nin transkript düzeylerini başlangıçta artırmış, sonrasında ise baskılamıştır. PR-1 erken dönemde geçici olarak artarken, PR-2 sistemik dokularda sürekli olarak indüklenmiş; PAL ve HQT ise 8–12. günlerde baskılanmıştır. CHS ekspresyonu dalgalı seyretmiş ancak 12. günde maksimum düzeye ulaşmıştır. HPLC ve GC–MS analizleri, CMV enfeksiyonunun fenolik, flavonoid ve yağ asidi bileşenlerini değiştirdiğini ortaya koymuştur. Özellikle klorojenik asidin baskılanması, virüsün yayılımını kolaylaştırıcı bir etki yaratabileceği belirtilmiştir.

Asad vd. (2022) 2019–2020 yılları arasında Pakistan'ın Pencap bölgesinde yürütülen bir çalışmada, cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) enfeksiyonlarının yaygınlığı ve genetik çeşitliliğini araştırmışlardır. Toplam 2561 örnekten %25,69'unda CGMMV tespit edilmiştir. RT-PCR ve kılıf proteini gen bölgesi sekans analizleri, izolatların %96–99,5 oranında Kore ve Japonya izolatlarıyla benzer olduğunu göstermiştir. Filogenetik analizde tüm Pakistan izolatlarının düşük çeşitlilik gösterdiği, ancak dengeli seçilim baskısı altında oldukları belirlenmiştir.

Sanfeliu Meliá (2022), Cucurbita türlerinde Fas karpuz mozaik virüsüne (MWMV) direnç araştırması konulu bu çalışmada, kabakgillerde Fas karpuz mozaik virüsü (MWMV) direnci araştırılmıştır. 35 farklı Cucurbita örneği, MWMV izolatı ile inoküle edilmiştir. Sonuçlar, çoğu Cucurbita türünün duyarlı olduğunu, ancak iki *C. maxima* erişiminin

toleranslı, bir *C. pedatifolia* erişiminin ise dirençli olduğunu göstermiştir. Gelecekte, bu hatların tolerans düzeylerinin ve *C. pedatifolia*'dan MWMV direncinin kalıtımının incelenmesi planlanmıştır.

Ahsan vd. (2023), zucchini yellow mosaic virüsü (ZYMV), kabakgil bitkilerine ciddi zarar veren ve Pakistan'ın Pothwar bölgesinde yaygın olan bir virüs olarak tanımlamışlardır. Bu virüs 2016'da %35,2, 2017'de %39,7 oranında görülmüş ve özellikle Attock, Rawalpindi ve İslamabad'da yaygın olduğu saptanmıştır. Ayrıca ZYMV'nin diğer virüslerle karışık enfeksiyonlara neden olduğu ve ciddi verim kayıplarına yol açtığı tespit edilmiştir. Genetik analizler, ZYMV'nin Pakistan'daki izolatlarının Çin, İtalya ve diğer ülkelerden izolatlarla yüksek oranda benzerlik taşıdığını ve bazı izolatların rekombinasyon sonucu oluştuğunu göstermiştir. Bu bulguların, rekombinant izolatlara dayanıklı bitkiler geliştirmek için kullanılabilir ve bölgedeki tarımın ekonomik kayıplarını azaltabilir olduğu belirtilmiştir

Borah ve Routhu (2023), kabakta CMV'ye karşı tohum muameleleri konulu bu çalışmada, kabağın tarla koşullarında viral enfeksiyonlara duyarlı olduğu ve Assam'da CMV'nin yaygın olduğu belirtilmiştir. Bu çalışmada, CMV'yi etkisiz hale getirmek için farklı tohum muamelelerinin etkinliği test edilmiştir. Potasyum peroksimonosülfat ile muamele viral enfeksiyonu %6,7'ye düşürerek en etkili yöntem olarak bulunmuştur. HCl (%13,48) ve trisodyum fosfat (%26,93) daha düşük etkiler göstermiştir. Diğer yöntemlerde daha yüksek enfeksiyon oranları gözlemlenmiştir.

Shehata vd. (2023) Mısır'ın Şark El-Owainat bölgesinde CMV enfeksiyonuna sahip 50 balkabağı bitkisi incelenmiş ve serolojik (DAS-ELISA), sitolojik (elektron mikroskobu) ve moleküler (RT-PCR) analizlerle virüsün varlığı doğrulanmıştır. CMV'nin tohum yoluyla %16,4 oranında bulaşabildiği ve 17 farklı bitki türüne sistemik olarak yayıldığı belirlenmiştir. Enfekte bitkilerde düşük fotosentetik pigment, yüksek indirgeyici şeker, düşük protein seviyeleri ve toplam fenol içeriğinde artış tespit edilmiştir. Histolojik analizler ise hücre yapısında bozulmalar ve sitolojik anormallikler göstermiştir. Bu çalışma, Mısır'daki yeni tarım alanlarında CMV'nin ilk tespiti olup, virüsün hızlı yayılımının balkabağı üretimi için ciddi bir tehdit oluşturabileceğini göstermiştir.

Mulholland vd. (2023), 2018–2021 yılları arasında Avustralya'nın Yeni Güney Galler eyaletindeki beş farklı üretim bölgesinde 34 kabakgil üretim alanını virüs enfeksiyonları açısından incelemiştir. Serolojik ve moleküler teşhis yöntemleriyle yapılan analizlerde, 34 işletmenin 22'sinde (%64,7) ve tüm örneklerin %44'ünde virüs enfeksiyonları tespit edilmiştir. Yıllık hastalık oranları %0 ile %90 arasında değişmiş ve yaz sezonunun sonlarına doğru artış göstermiştir. En sık rastlanan virüsler papaya ringspot virus (PRSV), watermelon mosaic virus (WMV) ve cucumber mosaic virus (CMV) olmuştur. Melon necrotic spot virus ve beet pseudo yellows virus ise düşük oranlarda görülmüştür. Bazı örneklerde PRSV ve WMV'nin karışık enfeksiyonlarına rastlanmıştır. Ayrıca, cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) Yeni Güney Galler'de ilk kez tespit edilmiş ve "bildirimi zorunlu hastalık" statüsünde raporlanmıştır. Yeni tanımlanan watermelon crinkle leaf associated virus-1'de ilk kez Avustralya'da belirlenmiş olup, bu iki bulgu bölgedeki virüs yayılımının coğrafi genişlemesini göstermiştir.

Moya-Ruiz vd. (2025), yaptığı bu çalışmada, İspanya'nın üç üretim bölgesinde, kavun ve karpuz bitkilerinde yaprak sararması ve mozaik simptomları üzerine üç sezon boyunca saha gözlemleri ve virüs taramaları yapmışlardır. Toplam 984 simptomatik örnek 10 yaygın kabakgil virüsü için test edilmiştir. En yaygın virüs cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) olurken, mozaik simptomu gösteren örneklerde watermelon mosaic virus (WMV) sıklıkla tespit edilmiştir. Sararma simptomlu örneklerin önemli bir kısmında ise bilinen virüsler saptanamamıştır. Sekans-bağımsız analizler sonucunda, hem kavun hem de karpuzda yaygın olarak bulunan ve CABYV'ye benzer simptomlar oluşturan yeni bir polerovirüs olan pepo aphid-borne yellows virus (PABYV) tanımlanmıştır. Geriye dönük örnek analizleri, PABYV'nin İspanya'da ilk kez 2018 yılında ortaya çıktığını göstermiştir. Ayrıca, 2011 yılından itibaren kavun örneklerinde ve ilk kez balkabağında cucumis melo endornavirus (CmEV) saptanmıştır. Popülasyon analizleri, eski CABYV izolatlarının yeni izolatlarla yer değiştirdiğini; PABYV ve CmEV popülasyonlarının ise genetik olarak homojen kaldığını göstermiştir. Çalışma, karışık viral enfeksiyonların tanısında uzun dönemli izleme ve genetik karakterizasyonun önemini vurgulamaktadır.

2.1.1. Ülkemizde Gerçekleştirilen Çalışmalar

Çalışkan (2007), ZYMV'nin tanılanması ve bitki aktivatörlerinin mücadelede kullanım olanakları konulu bu çalışmalarında, Adana ve İçel illerinde kabakgil yetiştiriciliği yapılan alanlarda ZYMV'nin biyolojik, serolojik ve moleküler tanısı ile karakterizasyonunu yapmışlardır. Ayrıca, bitki aktivatörlerinin (ACTIGARD, MESSENGER ve ISR-2000) kabak bitkisi üzerinde ZYMV enfeksiyonu, simptom çıkışı ve hastalık oranı üzerine etkisini araştırılmışlardır. Sonuçlar, bitki aktivatörlerinin uygulama zamanlarının ZYMV simptom çıkışı ve enfeksiyon oranına etkisinin olduğunu bildirmişlerdir.

Kaya ve Erkan (2011), İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerinde üretilen kabakgillerdeki virüslerin belirlenmesi konulu bu çalışmalarında 2003 ve 2004 yıllarında İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerindeki kabakgil üretim alanlarında yapılan sörveylerde, hıyar, kavun, karpuz, sakız kabağı ve bal kabağı bitkilerinden toplam 618 örnek toplamışlardır. ELISA testleri sonucunda, örneklerin %37'sinde WMV, %12'sinde ZYMV, %11'inde CMV, %3,4'ünde PRSV ve %0,2'sinde SqMV enfeksiyonu tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın Ege Bölgesi'nde kabakgil virüslerinin yaygınlığını gösterdiğini belirtmişlerdir.

Şevik ve Balkaya (2015), Samsun, Sinop ve Bolu illerindeki bal kabağı (*Cucurbita moschata* duch) popülasyonlarına ait tohum örneklerinde virüslerin tanılanması ve bulunma durumlarının belirlenmesi konulu bu çalışmalarında, kabakgil bitkilerinde CGMMV'ye karşı genetik dayanıklılık mekanizmalarını araştırmışlardır. Farklı kabakgil türleri ve çeşitleri, CGMMV ile enfekte edilerek reaksiyonları gözlemlenmiştir. Moleküler analizler sonucunda, bazı genotiplerin virüse karşı doğal dayanıklılık gösterdiği ve bu dayanıklılığın genetik temelleri hakkında bilgileri elde etmişlerdir. Bu bulguların dayanıklı kabakgil çeşitlerinin geliştirilmesi için önemli bir kaynak sağladığını bildirmişlerdir.

Sipahioğlu vd. (2015), bazı yerli çerezlik kabak çeşit adaylarının ZYMV'e karşı dayanıklılığının araştırılması konulu bu çalışmalarında, Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan yerli çerezlik kabak genotiplerinin ZYMV'ye karşı dayanıklılığını incelemişlerdir. Araştırmalarında 2005 yılında Kırşehir, Kayseri, Sakarya, Tekirdağ, Nevşehir ve Konya'dan

toplanan genotipleri kullanmışlardır. Bu genotiplerin 2006 ve 2010 yılları arasında kendilenmesi ve seleksiyonunu gerçekleştirilmişler ve S5 generasyonlarını üretmişlerdir. Yüksek verimli, albenisi yüksek ve ZYMV'ye dayanıklı hatların belirlenmesini hedeflemişlerdir. Sonuç olarak, bazı genotiplerin ZYMV'ye karşı dayanıklılık gösterdiği tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Nacar vd. (2017), kabaklarda ZYMV'ye tolerant hatların genetik farklılığının SRAP markır sistemleriyle belirlenmesi konulu bu çalışmalarında, Alata Bahçe Kültürleri Araştırma Enstitüsü gen havuzunda bulunan ve ZYMV'ye tolerant 38 yazlık kabak hattının moleküler karakterizasyonu yapmışlardır. SRAP markırları kullanılarak hatlar arasındaki genetik farklılıkları incelemişlerdir.

Karabulut (2020), Tekirdağ ilinde bazı kabakgil virüslerinin araştırılması ve WMV'nin moleküler karakterizasyonu adlı bu çalışmada, Tekirdağ ilindeki kabakgil üretim alanlarında WMV, PPRSV ve ZYMV'nin varlığını araştırmış ve virüs izolatlarının genotipik yakınlık düzeylerini incelemiştir. 2017 ve 2019 yıllarında yapılan arazi çalışmaları sonucunda, 180 bitki örneğinin %4,44'ünde WMV enfeksiyonu tespit etmiştir. RT-PCR ve dizileme analizleri sonucunda, elde edilen WMV izolatlarının genetik yapılarını belirlemiş ve farklı moleküler gruplarda yer aldıklarını saptamıştır.

Karabıyık vd. (2021), seralarda yetiştirilen hıyar bitkilerinde CGMMV'nin yaygınlığı ve mücadele yöntemlerini araştırmışlardır. Farklı seralardan toplanan bitki örnekleri serolojik testlerle analiz edilmiş, enfeksiyon oranlarını belirlemişlerdir. Ayrıca, üreticilerle yapılan anketler aracılığıyla kullanılan mücadele yöntemlerini değerlendirmişlerdir. Araştımacılar bu çalışmanın CGMMV'nin seralarda önemli bir sorun olduğunu ve etkili mücadele stratejilerinin geliştirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir.

Karanfil ve Korkmaz (2021), Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyonunun tespiti ve kılıf protein gen diziliminin filogenetik analizi konulu bu çalışmada, Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illerinde kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyonunun varlığını araştırmışlardır. Toplam 72 bitki örneğinden 10'unda CMV tespit

etmişlerdir. Elde edilen CMV izolatlarının kılıf protein gen bölgelerini dizilemişler ve filogenetik analizlerini gerçekleştirmişlerdir. Sonuçların, Türkiye'deki CMV izolatlarının genetik çeşitliliğine katkı verdiğini bildirmişlerdir.

Güneş vd. (2022) Hatay ilinde yetişen kabakgil bitkilerinde CYSDV, BPYV ve CCYV virüslerinin varlığı ve moleküler karakterizasyonu konulu bu çalışmalarında, Hatay ilinde hıyar, kabak ve kavun bitkilerinde CYSDV, BPYV ve CCYV virüslerinin varlığı serolojik ve moleküler yöntemlerle araştırılmışlardır. 2018 yılında gerçekleştirilen sörveylerde, virüs belirtileri gösteren ve göstermeyen bitkilerden örnekler toplamışlardır. Topladıkları örneklerde CYSDV ve BPYV'nin varlığını moleküler yöntemlerle tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın Hatay ilinde kabakgil bitkilerinde CYSDV ve BPYV'nin varlığını ortaya koyan ilk araştırma olduğunu bildirmişlerdir.

Biltekin vd. (2024), Hakkari ilinde kabakgillerde CMV'nin TaqMan Real-Time RT-PCR ile tespiti konulu bu çalışmalarında 2022 yılında Hakkari ilinin Kırıkdağ, Otluca ve Merzan bölgelerinde viral hastalık belirtileri gösteren kabakgil örneklerinde CMV'nin varlığını araştırmışlardır. Toplam 50 örnek TaqMan real-time RT-PCR yöntemiyle analiz edilmiş ve %12'sinde CMV'yi tespit etmişlerdir. Enfeksiyon en çok Otluca bölgesinde ve kavun bitkilerinde (%33,3) görüldüğünü bildirmişlerdir. Bu çalışma, Hakkari ilinde kabakgillerde CMV'nin varlığını rapor eden ilk araştırma olduğunu belirtmişlerdir.

Güller vd. (2024), Ağustos 2019'da Antalya ve Denizli illerinde ev bahçelerinde yetiştirilen bazı kabakgil bitkilerindeki virüs simptomlarını gözlemişlerdir. Belirti gösteren bitkilerden aldıkları örneklerde, RT-PCR ve dizileme analizleri sonucunda WMV'yi tespit etmişlerdir.

Kılıç ve Kahraman (2024), Burdur ili kabakgillerinde karpuz mozaik virüsü-2 ve hıyar mozaik virüsü'nün belirlenmesi adlı çalışmasında 2021 yılında Burdur ilindeki kabakgil üretim alanlarında gerçekleştirilen sürvey çalışmalarında, WMV-2 ve CMV'nin varlığı araştırılmıştır. Toplam 92 kabakgil yaprak örneği DAS-ELISA yöntemiyle test

edilmiş ve %14,13'ünde WMV-2, %16,30'unda ise CMV enfeksiyonu saptanmıştır. Bu çalışma, Burdur ilinde WMV-2 ve CMV'nin yaygınlığını ortaya koymaktadır.

Sarı vd. (2024), Çanakkale ilinde ZYMV ve WMV enfeksiyonlarının belirlenmesi konulu çalışmalarında, Çanakkale'de kabakgil bitkilerinde ilgili potyvirüslerin varlığını ilk kez araştırmışlardır. 2021 yılında 137 örnek toplayarak, RT-PCR yöntemiyle testlemişlerdir. Yetmiş sekiz örnekte yalnızca WMV, 1 örnekte ZYMV ve 39 örnekte WMV+ZYMV karışık enfeksiyonlarını tespit etmişlerdir. WMV'nin bölgede daha yaygın olduğunu bildirmişlerdir. Filogenetik analizler sonucunda ise, Türk izolatlarının %90'dan fazla birbirleri ile benzerlik gösterdiğini ve birbirleriyle yakından ilişkili olduğunu ortaya koymuşlardır.

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM
MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Arazi Çalışmaları

Arazi çalışmaları Güney Marmara Bölgesi'ni oluşturan Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illeri ve ilçeleri kabakgil üretim alanlarında 2023 yılı ürün yetiştirme periyodu içerisinde gerçekleştirilmiştir. Kabakgil üretim sezonu boyunca yapılan bu arazi çıkışlarında bitkiler görsel olarak incelenmiş ve virüs ve virüs benzeri simptom gösteren bitkilerden örnekler alınmıştır. Alınan örnekler soğuk zincirde laboratuara getirilerek uygun koşullarda testlemeler yapılıncaya kadar buzdolabında muhafaza edilmiştir.

3.2. Virüs Tanılama Çalışmaları

Arazi çalışmaları sonucu toplanan örneklerdeki watermelon mosaic virus (WMV), cucumber mosaic virus (CMV), cucumber green mottle mosaic virus (CGMV), cucumber vein yellowing virus (CVYV), cucumber yellow stunting disorder virus (CYSDV) ve cucurbit chlorotic yellows virus (CCYV) enfeksiyonları RT-PCR testlemeleri ile belirlenmiştir. Bu doğrultuda ilk olarak toplanan örneklerden total RNA izolasyonu daha sonrasında RT-PCR analizleri gerçekleştirilmiştir. RT-PCR testlerinde hedef virüslere gen spesifik primer çiftleri kullanılmıştır. Elde edilen test sonuçları agaroz jel elektroforezi ile değerlendirilerek virüs tanılama çalışmaları sonlandırılmıştır.

3.2.1. Total RNA İzolasyonu

Güney Marmara Bölgesi'nden virüs ve virüs benzeri belirti göstererek alınan örneklerden Total Nükleik Asit (TNA) izolasyonu yapılmıştır. Bu amaçla Li vd. (2008)'in belirttiği CTAB methodu ile total nükleik asit izolasyonu gerçekleştirilmiştir.

3.2.2. Denatürasyon Aşaması

RNA virüslerinin genetik materyalini oluşturan zincirlerin birbirinden ayrılmasını sağlayan denatürasyon aşaması için mikro PCR tüpleri önceden etiketlenmiştir. Her bir tüpe, ilgili örneklerden alınan 5 µl total RNA, 1 µl dNTP, 1 µl rastgele primer ve 3 µl steril su eklenerek toplam 10 µl'lik bir denatürasyon karışımı hazırlanmıştır. Bu karışımlar, thermal cycler cihazında 65°C sıcaklıkta 5 dakika boyunca inkübe edilerek denatürasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Ardından, tüpler 2 dakika süreyle buz üzerinde bekletilerek bu aşama sonlandırılmıştır.

3.2.3. Ters Transkripsiyon Aşaması

Bu aşamada, denatürasyona uğramış RNA örneklerinden cDNA sentezi gerçekleştirilmiştir. Bunun için daha önce hazırlanmış 10 µl'lik denatürasyon karışımına; 4 µl 5X Prime Script Buffer (50 mM Tris HCl pH:8.3, 75 mM KCl, 3 mM MgCl2), 0.5 µl RNase inhibitörü, 0.5 µl Prime Script Reverse Transcriptase enzimi, 1 µl 10 mM dNTP karışımı, 1 µl rastgele primer ve 3 µl steril su ilave edilerek toplamda RT (ters transkripsiyon) karışımı elde edilmiştir. Bu karışım, PCR cihazında sırasıyla 30°C'de 10 dakika, 42°C'de 45 dakika, ardından 70°C'de 15 dakika ve son olarak +4°C'de sınırsız süreyle bekleyecek şekilde programlanarak cDNA sentezi tamamlanmıştır. Oluşturulan cDNA örnekleri, kısa vadeli depolama için -20°C'de, uzun vadeli saklama için ise -80°C'de muhafaza edilmiştir.

3.2.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu Aşaması

Elde edilen cDNA'ların çoğaltılması amacıyla PCR reaksiyon karışımı hazırlanmıştır. Bu karışımın içeriğinde; 2.5 µl 10X PCR tamponu (50 mM KCl, 10 mM Tris HCl pH: 9.0, 25°C, %1 Triton X-100), 1 µl 10 mM dNTP karışımı, her biri hedef virüslere özgü olan primer çiftlerinden 0.5 µl (Tablo 3), 0.25 µl Taq DNA polimeraz enzimi ve 15.25 µl steril su yer almıştır. Etiketlenmiş PCR tüplerine hazırlanan bu karışım ve her birine 5 µl cDNA ilave edilmiştir. Ardından PCR cihazı şu döngüye göre programlanarak çalıştırılmıştır: Başlangıçta 94°C'de 3 dakika denatürasyon, ardından 40 döngü boyunca

94°C'de 30 saniye, 55°C'de 30 saniye ve 72°C'de 30 saniyelik adımlar, son uzatma için 72°C'de 5 dakika ve sonrasında 4°C'de sınırsız bekleme. Bu işlemle örneklerde hedeflenen virüslerin varlığı araştırılmıştır.

Tablo 3.

Moleküler çalışmalarda kullanılan primer çiftleri

Kod	Primer Dizisi	Yön	Referans
ZYMV	ACTGGCACGATACCTACAAGC	İleri	Hsu vd., 2005
	CTTGGCAGCTACTACTGTTTTC	Geri	
WMV	GGCTTCTGAGCAAAGATG	İleri	Desbiez vd., 2009
	CCCAYCAACTGTYGGAAG	Geri	
CMV	ATGGACAAATCTGAATCAACC	İleri	Karanfil ve Korkmaz, 2017
	GATGTGGGAATGCGTTGGTGC	Geri	
CGMMV	GATTCCTTATCCGAGAAAGTT	İleri	Letschert vd. 2002
	ATTTAAGTGGASGGAAAAVCACT	Geri	
CVYV	AGCTAGCGCGTATGGGGTGAC	İleri	Cuadrado vd. 2007
	GCGCCGCAAGTGCAAATAAAT	Geri	
CYSDV	ATGGACATGCCTAACTGTTACTT	İleri	Boubourakas vd., 2006
	ATAGCTGCTGCAGATGGTTC	Geri	
CCYV	AGTGATCGCAATCAATAAG	İleri	Keshavarz vd., 2013
	GTGATCACTTGACCATCTC	Geri	

3.2.5. Agaroz Jel Elektroforezi Aşaması

Elde edilen PCR ürünleri 100-2000 bç DNA büyüklük markörleriyle birlikte % 1 agaroz jelinde 100 voltta, 45 dakika ayrıştırılıp ethidyum bromür ile boyandıktan sonra Major Science UVDI jel görüntüleme cihazında kullanılarak oluşan bantlar fotoğraflanmıştır.

3.3. Biyoinformatik Analizleri

Çalışma kapsamında enfeksiyonları tespit edilen virüs türleri arasından seçilen toplam 9 izolatın hedef gen bölgesine göre moleküler karakterizasyonu yapılarak, izolatların kendi içlerinde ve dünya izolatları ile göstermiş oldukları benzerlik oranları ve filogenetik ilişkileri belirlenmiştir (Tablo 4). Bu amaçla hedef virüslerin ilgilenilen gen bölgelerini taşıyan RT-PCR ürünleri direk olarak çift yönlü olacak şekilde hizmet alımı yoluyla sekanslanmıştır (BMLabosis, Ankara).

Tablo 4.

Moleküler karakterizasyon çalışmaları için seçilen izolatlara ait bilgiler

Virüs Türü	İzolat No	Konukçu	Elde Edildiği İl
ZYMV	Çanakkale- ZYMV	Kavun	Çanakkale
	Bursa-ZYMV	Kabak	Bursa
	Balıkesir-ZYMV	Karpuz	Balıkesir
WMV	Çanakkale-WMV	Kavun	Çanakkale
	Bursa-WMV	Kavun	Bursa
	Balıkesir-WMV	Karpuz	Balıkesir
CMV	Çanakkale-CMV	Kavun	Çanakkale
	Bursa-CMV	Kavun	Bursa
	Balıkesir-CMV	Hıyar	Balıkesir

Elde edilen sekans verileri, kendi içlerinde ve dünya izolatları ile benzerlik ve filogenetik açıdan karşılaştırılmıştır (Tablo 5, 6 ve 7). Gerçekleştirilen bu biyoinformatik analizlerde MEGA7, CLC Main Workbench, Sequence Demarcation Tool (SDT) vb. gibi programlar kullanılarak yapılmıştır (Muhire ve ark., 2014; Kumar ve ark., 2016).

Tablo 5.

Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya watermelon mosaic virus izolatlarına ait bilgiler

Erişim Numarası	**Konukçu**	**İzolat Adı**	**Ülke**
KC292915	*Cucumis anguria*	VE10-099	Venezuela
KM597071	Karpuz	RKG2	Hindistan
JF273469	Kavun	C04-106	Fransa
MH469650	*Cucumis melo*	Vera	İspanya
MW509731	*Citrullus lanatus* subsp. *vulgaris*	kr1	Güney Kore
JX079685	Karpuz	WMV-ShanXi	Çin
KF637299	Panax ginseng	punggi1	Güney Kore
OK181786	-	DSMZ PV-1328	İsrail
AB218280	*Cucumis melo* var *flexuosus*	WMV-Pk	Pakistan
MG194418	Lagerstroemia indica	WMV-Li	Çin
OM948833	Kavun	57.1M/CLM	İspanya
OK050524	Pamuk	Henan	Çin

Tablo 6.

Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya zucchini yellow mosaic virus izolatlarına ait bilgiler

Erişim Numarası	**Konukçu**	**İzolat Adı**	**Ülke**
OP947577	*Cucumis sativus*	DSMZ PV-0382	Singapur
AF127929	*Luffa cylindrica* Roem.	TW-TN3	Tayvan
OP947584	*Cucumis sativus*	DSMZ PV-1161	Fildişi Sahili
OP357945	*Cucumis sativus*	DSMZ PV-1006	Sudan
KT778297	*Cucumis anguria*	AP	Hindistan
ON604841	*Cucurbita pepo*	DSMZ PV-1193	Macaristan
OM925548	*Cucurbita pepo*	Giza-Almansouria	Mısır
PP256252	*Cucurbita pepo*	DSMZ PV-1427	Brezilya
MF072712	Kabak	ZYMV-Trini1	Trinidad and Tobago
OQ847411	*Cucurbita pepo*	DSMZ PV-1384	Fransa
MN598580	*Cucumis melo*	Qld-6	Avustralya
OQ335839	*Cucumis sativus*	DSMZ PV-0416	İtalya
MT383108	Kabak	Egz	Mısır
KX499498	*Cucurbita pepo*	Vera	İspanya
MF100845	*Cucurbita moschata*	HN-1	Çin

Tablo 7.

Biyoinformatik analizlerde kullanılan dünya cucumber mosaic virus izolatlarına ait bilgiler

Erişim Numarası	**Konukçu**	**İzolat Adı**	**Ülke**
HM015286	Vigna marina	BB8	Tayvan
OM315109	Cucumis sativus	LC1	Tayland
MT022456	Senecio scandens	SS	Çin
OR636716	*Handroanthus heptaphyllus*	CMV-HP-BR	Brezilya
OR750501	Fasulye	13B	Polonya
LC781591	*Lilium longiflorum*	lily20-1-19	Güney Kore
ON493792	*Capsicum annuum*	N65	Slovakya
AB069971	*Musa sapientum*	B2	Endonezya
EU726631	*Catharanthus roseus*	Serdang-Malaysia	Malezya
EU531469	*Musa sp.*	Jalgon	Hindistan
AY560555	Acı biber	30RS	Tayland
AY545924	*Piper nigrum*	-	Hindistan

DÖRDÜNCÜ BÖLÜM
ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Arazi ve Virüs Tanılama Çalışmaları

Gerçekleştirilen arazi çalışmaları sonucunda Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarından virüs ve virüs-benzeri simptom gösteren toplam 76 örnek alınmıştır (Tablo 8). Alınan örneklerin illere göre dağılımları ise Tablo 8'de verilmiştir.

Tablo 8.

Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarından toplanan örnek sayıları

İl	Kabak	Kavun	Karpuz	Hıyar	Acur	Toplanan Örnek Sayısı
Balıkesir	8	6	8	3	-	25
Bursa	6	14	4	1	-	25
Çanakkale	8	9	7	-	2	26
Toplam	22	29	19	4	2	76

Arazi çalışmaları kapsamından Balıkesir ve Bursa illerinden 25'er, Çanakkale ilinden ise toplamda 26 adet olmak üzere farklı türlerde kabakgil örnekleri alınmıştır. Balıkesir ilinden alınan örneklerin 8 tanesi kabak, 6 tanesi kavun, 8 tanesi karpuz ve 3 tanesi ise hıyardan elde edilmiştir. Bursa ilinden alınan örneklerin ise 6 tanesi kabak, 14 tanesi kavun, 4 tanesi karpuz, 1 tanesi ise hıyardır. Çanakkale ilinden alınan örneklerin ise 8 tanesi kabak, 9 tanesi kavun, 7 tanesi karpuz ve 2 tanesi ise acurdan alınmıştır.

Kabakgil tür düzeyinde en fazla örnek 29 adet ile kavundan alınırken, en az örnek ise 2 tane ile acurdan alınmıştır. Bunların dışında kalan türler için kabaktan toplam 22, karpuzdan toplam 19 ve hıyardan toplamda 4 örnek alınmıştır.

Örneklerin toplanması esnasında karşılan en yaygın simptom tipi kabakgil bitkilerinin yapraklarındaki mozaik belirtilerdir. Bununla birlikte bazı bitkilerde kloroz, yaprak ayalarında küçülmesi ve kıvrılmalarda görülen diğer simptomlardır (Şekil 1).



Şekil 1. Arazi çalışmaları kapsamında en fazla rastlanılan bazı simptom tipleri (a: Karpuz bitkilerinin yapraklarında klorotik renk değişimleri; b-d: Kavun bitkilerinin yapraklarında mozaik renk değişimleri; c: Kabak bitkilerinin yapraklarında mozaik renk değişimleri

Gerçekleştirilen virüs tanılama çalışmaları sonucunda toplanılan örneklerde aranılan 3 virüs varlığı tespit edilmiştir. Bunlar CMV, ZYMV ve WMV olarak belirlenmiştir. Toplanılan örneklerde aranılan diğer virüs enfeksiyonları tespit edilmemiştir. Enfeksiyon tespit edilenler arasından en fazla tespit edilen tür ZYMV olurken, en az tespit edilen ise CMV olmuştur. Bu 3 virüse ait genel enfeksiyonları sayı ve oranları ise Tablo 9, 10 ve 11'de verilmiştir.

Tablo 9. Toplanılan örneklerde tespit edilen tek enfeksiyon sayıları

İl	ZYMV	WMV	CMV	Toplanan Örnek Sayısı
Balıkesir	7	2	-	25
Bursa	15	3	1	25
Çanakkale	4	6	1	26
Toplam	26	11	2	76

Tablo 10'daki enfekteli örnek sayıları üzerinden tespit edilen türlerin tek enfeksiyon yüzdeleri hesaplandığında en fazla enfeksiyon oranı %34.21 ile ZYMV için hesaplanmıştır. En az enfeksiyon oranı ise %2.63 ile CMV için hesaplanmıştır. WMV için ise enfeksiyon oranı %14.47 olarak bulunmuştur.

Tablo 10. Toplanılan örneklerde tespit edilen karışık enfeksiyon sayıları

İl	ZYMV+WMV	WMV+CMV	Toplanan Örnek Sayısı
Balıkesir	2	3	25
Bursa	-	-	25
Çanakkale	3	-	26
Toplam	5	3	76

Tablo 11'deki karışık enfeksiyon sayıları üzerinden tespit edilen enfeksiyon yüzdeleri hesaplandığında ise en fazla enfeksiyon oranı %6.57 ile ZYMV+WMV için hesaplanmıştır. En az enfeksiyon oranı ise %3.94 ile WMV+CMV için hesaplanmıştır.

Tablo 11. Toplanılan örneklerde tespit edilen enfeksiyon oranları

İl	**Enfekteli Örnek Sayısı***	**Toplanan Örnek Sayısı**	**Enfeksiyon oranı (%)**
Balıkesir	14	25	56.00
Bursa	19	25	76.00
Çanakkale	19	26	73.07
Toplam	52	76	68.42

*En az bir virüs ile enfekteli

Bu sonuçlar ile toplanılan örneklerdeki en yaygın virüs ZYMV olurken, en az olan ise CMV olarak tespit edilmiştir. ZYMV enfeksiyonu 31 bitkide tespit edilirken, WMV enfeksiyonu 14 bitkide ve CMV enfeksiyonu ise 5 bitkide tespit edilmiştir. Bununla birlikte

toplanılan örneklerde CGMMV, CVYV, CYSDV ve CCYV enfeksiyonları ise tespit edilmemiştir. Tablo 11'deki enfeksiyon oranlarından da görüleceği üzerine en fazla enfeksiyon oranı %76.00 ile Bursa ilinde tespit edilmiştir. En az enfeksiyon oranı ise %56.00 ile Balıkesir ilinden elde edilmiştir. Çanakkale ilindeki enfeksiyon oranı ise %73.07 olarak bulunmuştur. Örneklerin tamamındaki genel enfeksiyon oranı ise %68.42 olarak tespit edilmiştir.

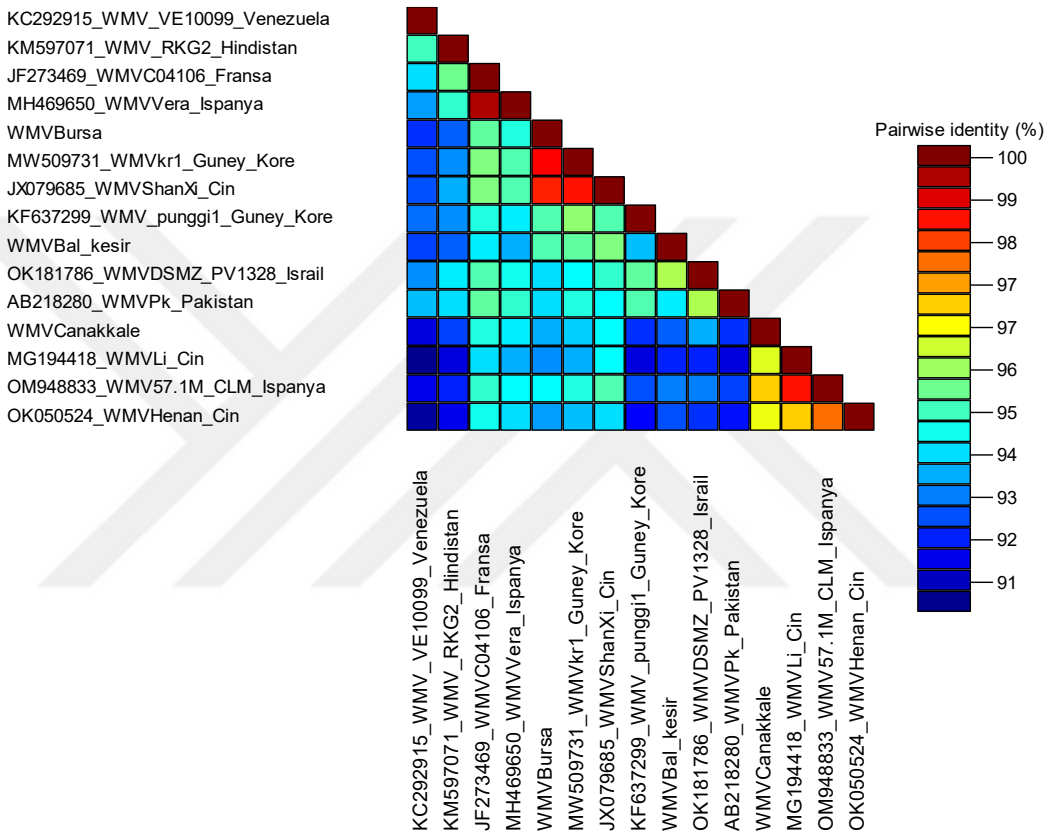
Nagendran vd. (2017) 2012–2014 yılları arasında Hindistan'ın Tamil Nadu eyaletindeki yedi agroklimatik bölgede kabakgillerde görülen virüslerin yayılımını araştırdıkları çalışmalarında topladıkları örneklerde yaptıkları testlerde en yaygın virüsün begomovirüsler (%98,6) olduğunu belirlemişlerdir. Bunu PRSV (%32,1) ve CGMMV (%22,2) takip ettiğini ifade etmişlerdir. ZYMV ve CMV'nin ise daha düşük oranlarda (%7,1 ve %5) saptandığını belirtmişlerdir. Bu tez çalışması kapsamında ise en yaygın olarak tespit edilen virüs türü ZYMV olarak belirlenmiştir. İki çalışma arasındaki fark özellikle begomovirüs vektörü olan beyazsineklerin Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarında çok fazla sorun yaratmaması olarak düşünebilir. Ayrıca her iki çalışmada da CMV'nin en az tespit edilen virüs türü olması ise iki çalışmada da birbirine paralel sonuçlar olarak görülmektedir.

Karabulut (2020), Tekirdağ ilinde bazı kabakgil virüslerini araştırdığı çalışmasında 180 bitki örneğinin %4,44'ünde WMV enfeksiyonu tespit etmiştir. Bu tez çalışması kapsamında ise WMV için genel enfeksiyon oranı tek enfeksiyonlar için %14.47, karışık enfeksiyonlar için ise %10.00 üstü belirlenmesi ise illerdeki virüs vektörü yaprak biti bulunma durumlarından kaynaklanabileceği düşünülmektedir.

4.2. Moleküler Karakterizasyon Çalışmaları

Güney Marmara bölgesi watermelon mosaic virus (WMV) birbirleri ile göstermiş oldukları nükleotit düzeyindeki benzerlik oranları %91-93 arasında olduğu belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen WMV izolatları ile %91-95

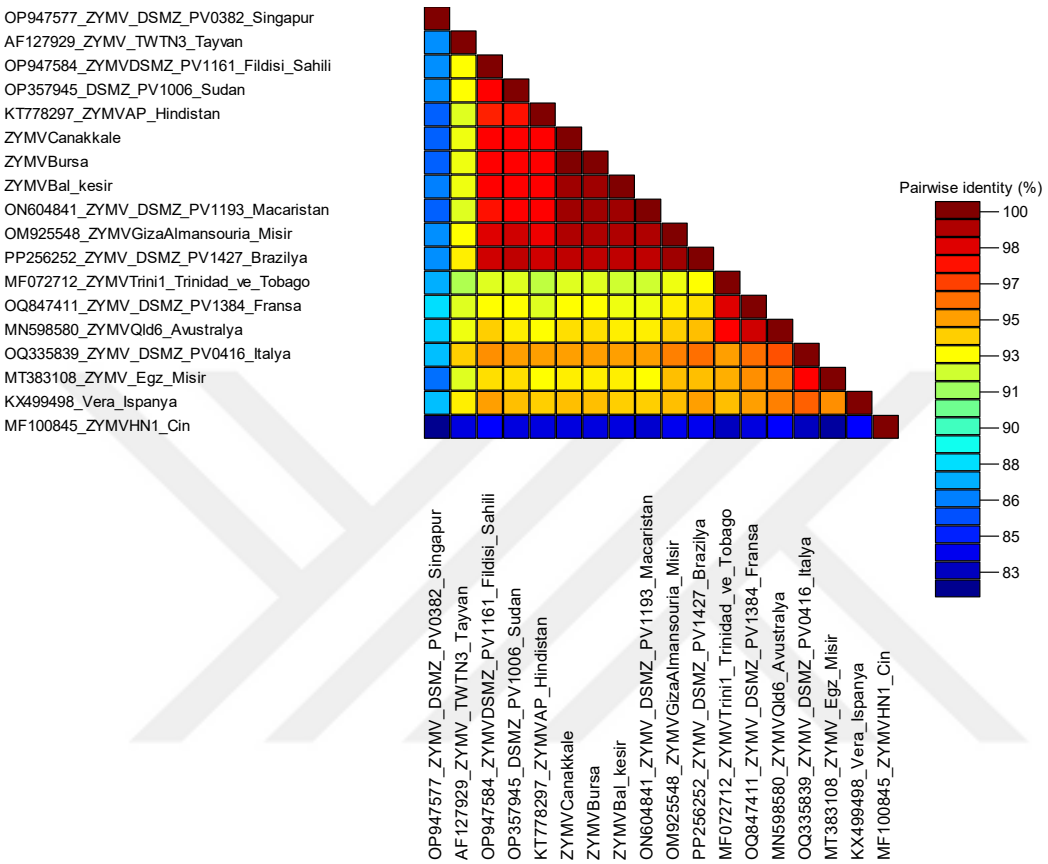
oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise WMV izolatlarının birbirleri ile %91-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 2). Güney Marmara Bölgesi izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat MW509731 kodlu Çin izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise OK050524 kodlu Çin izolatı olmuştur.



Şekil 2. Türk ve dünya watermelon mosaic virus (WMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

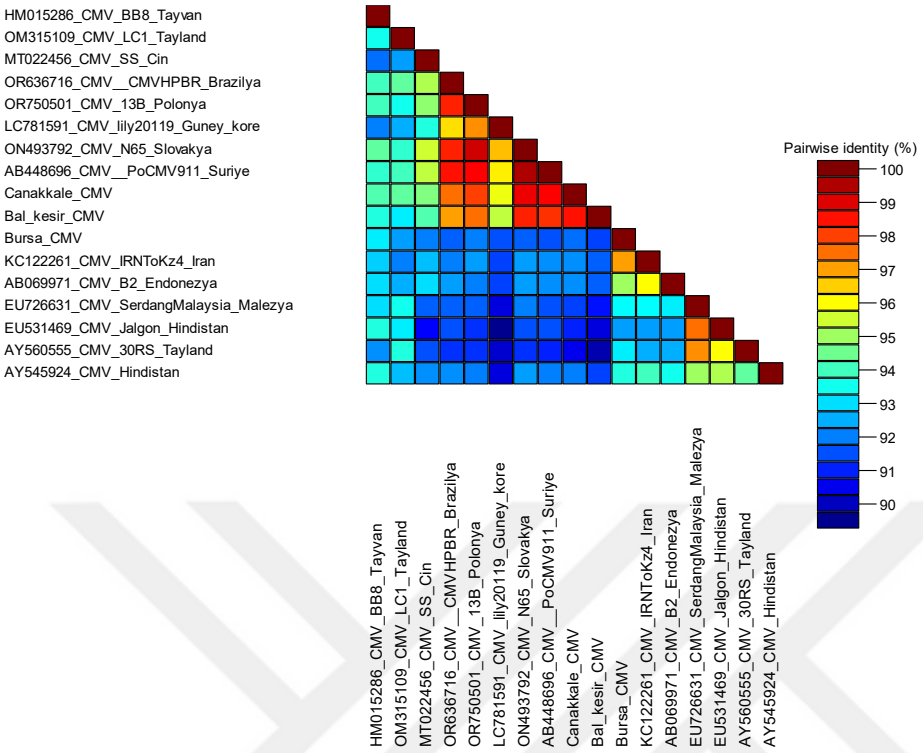
Güney Marmara bölgesi zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatlarının birbirleri ile göstermiş oldukları nükleotit düzeyindeki benzerlik oranları ise %99-100 arasında olduğu belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen ZYMV izolatları ile %83-100 oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise ZYMV izolatlarının birbirleri ile %83-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 3). Güney Marmara Bölgesi

izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat ON604841 kodlu Macaristan izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise MF100845 kodlu Çin izolatı olmuştur.



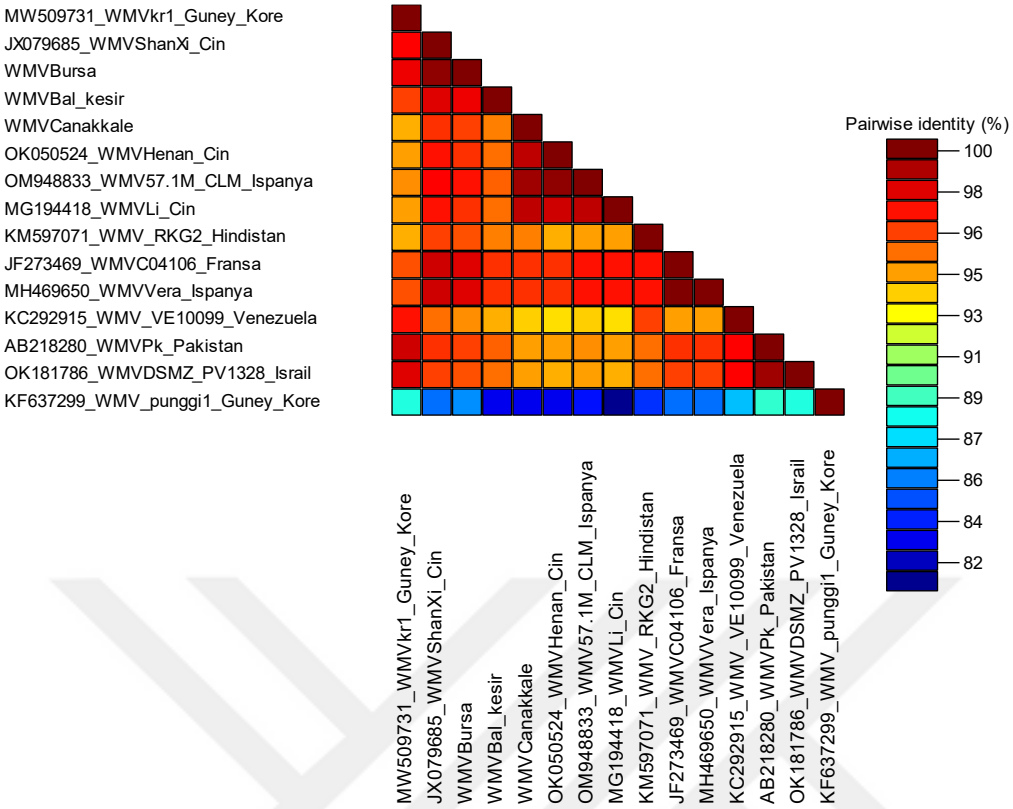
Şekil 3. Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

Güney Marmara bölgesi cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının birbirleri ile göstermiş oldukları nükleotit düzeyindeki benzerlik oranları %92-99 arasında olduğu belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen CMV izolatları ile %90-92 oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise CMV izolatlarının birbirleri ile %90-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4). Güney Marmara Bölgesi izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat KC122261 kodlu İran izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise AY545924 kodlu Hindistan izolatı olmuştur.



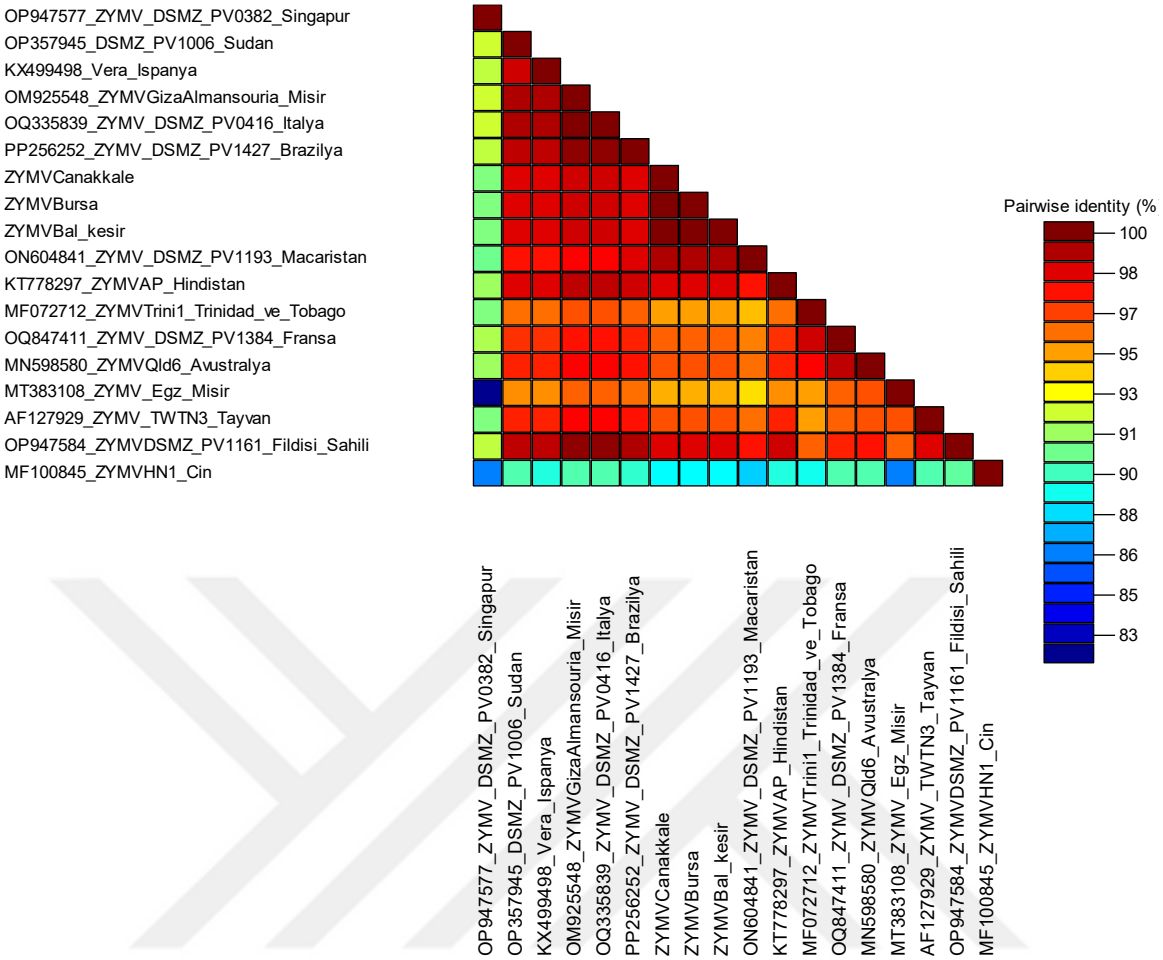
Şekil 4. Türk ve dünya cucumber mosaic virus (CMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi nükleotit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

Güney Marmara bölgesi watermelon mosaic virus (WMV) izolatlarının birbirleri ile göstermiş oldukları aminoasit düzeyindeki benzerlik oranları %98-100 arasında olduğu belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen WMV izolatları ile %82-98 oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise WMV izolatlarının birbirleri ile %82-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 5). Güney Marmara Bölgesi izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat OK050524 kodlu Çin izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise KF637299 kodlu Güney Kore izolatı olmuştur.



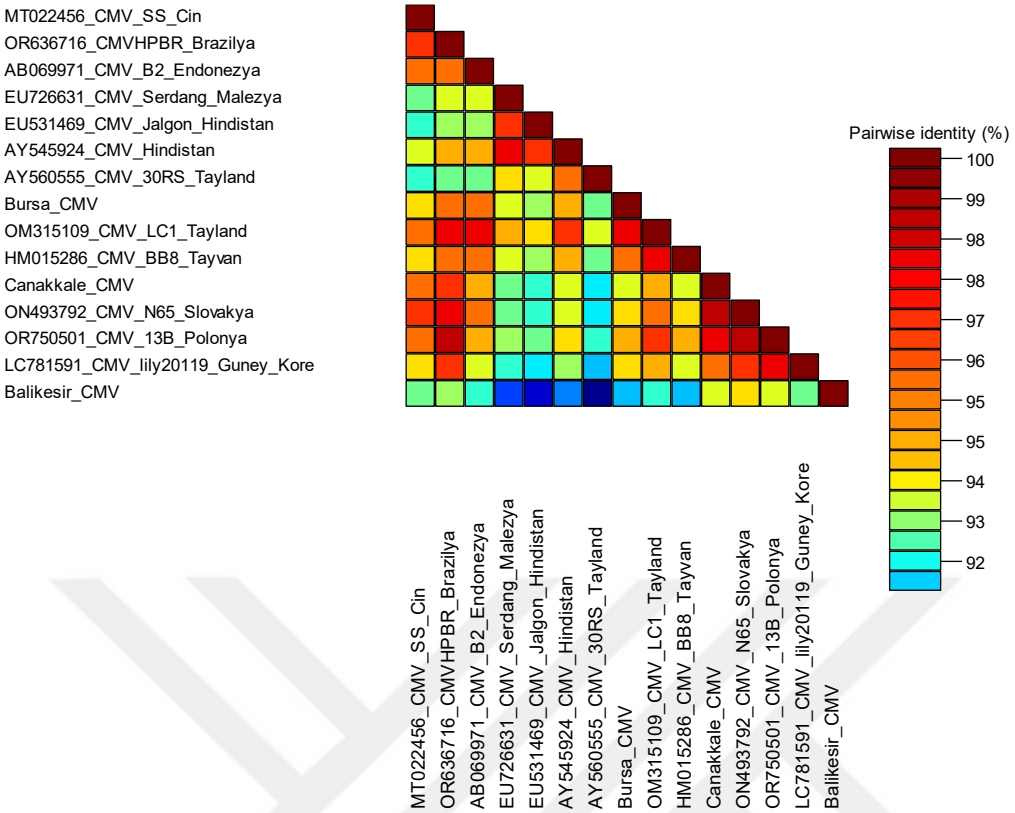
Şekil 5. Türk ve dünya watermelon mosaic virus (WMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

Güney Marmara Bölgesi ZYMV izolatlarının birbirleri ile göstermiş oldukları nükleotit düzeyindeki benzerlik oranları ise %100 olarak belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen ZYMV izolatları ile %88-99 oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise ZYMV izolatlarının birbirleri ile %83-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 6). Güney Marmara Bölgesi izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat ON604841 kodlu Çin izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise MF100845 kodlu Çin izolatı olmuştur.



Şekil 6. Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

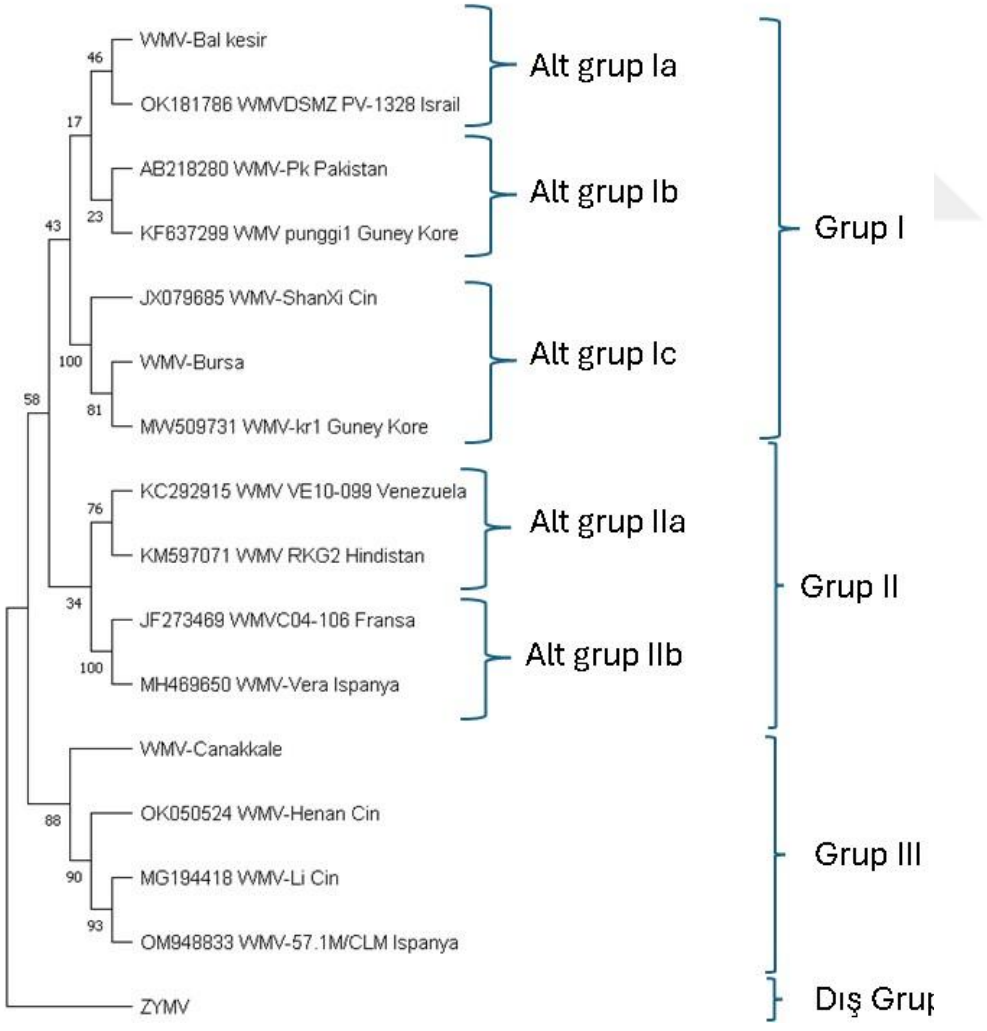
Güney Marmara bölgesi cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının birbirleri ile göstermiş oldukları aminoasit düzeyindeki benzerlik oranları %92-99 arasında olduğu belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda ise Güney Marmara bölgesi izolatlarının dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen CMV izolatları ile %90-98 oranında benzerlik gösterdiği saptanmıştır. Biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar dikkate alındığında ise CMV izolatlarının birbirleri ile %90-99 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 7). Güney Marmara Bölgesi izolatları ile en yakın sekans benzerliği gösteren izolat OR750501 kodlu Polonya izolatı olurken, en uzak sekans benzerliği gösteren izolat ise LC781591 kodlu Güney Kore izolatı olmuştur.



Şekil 7. Türk ve dünya cucumber mosaic virus (CMV) izolatların kısmi kılıf protein gen bölgesi aminoasit dizilimlerine göre birbirleri ile göstermiş oldukları benzerlik oranları

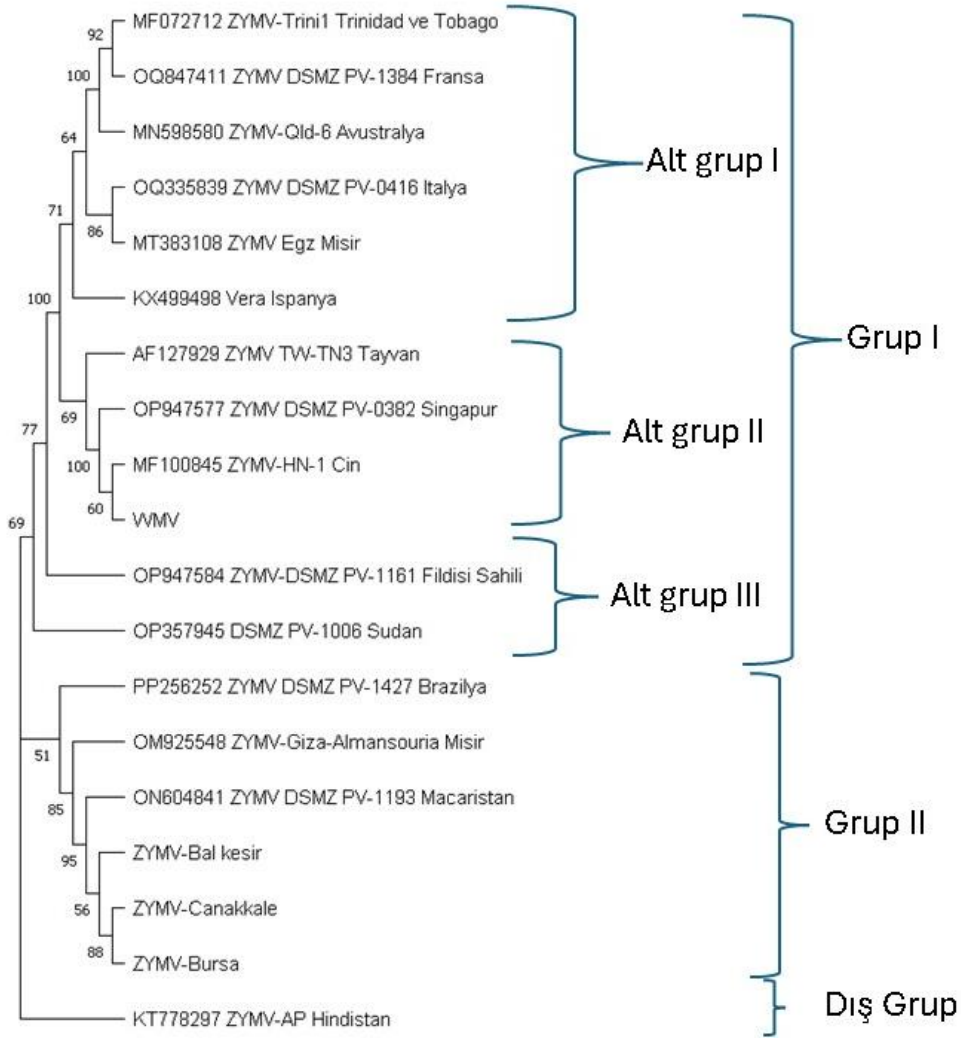
Gerçekleştirilen benzerlik analizleri sonucunda genel olarak izolatların tür düzeyinde kendi içlerinde yüksek sekans homolojisi gösterdiği görülmüştür. Sarı vd. (2024), Çanakkale ilinde ZYMV ve WMV enfeksiyonlarının belirlenmesi ve izolatların moleküler karakterizasyonlarının yapıldığı bir çalışmada da elde edilen izolatların birbirleri ile yüksek oranda sekans benzerlik gösterdiği bildirilmiştir. Karanfil ve Korkmaz (2021), Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarında CMV izolatlarının moleküler karakterizasyonlarını yaptıkları çalışmalarında da elde ettikleri CMV izolatlarının birbirleri ile %90'nın üzerinde sekans benzerliği gösterdiğini belirlemişlerdir. Bu sonuçlar ile bu tez çalışması kapsamında elde edilen sekans benzerlik sonuçları birbirleri ile paralellik göstermekte ve genel olarak aynı bölge izolatlarının birbirleri ile yüksek sekans homolojisi gösterdiği görülmektedir.

Güney Marmara bölgesinden elde edilen WMV, ZYMV ve CMV izolatlarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacı ile yapılan biyoinformatik analizlerde ise izolatların farklı evrimsel ilişkileri ortaya çıkarılmıştır. WMV izolatlarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacı ile oluşturulan filogenetik ağaçta izolatların 3 büyük gruba (Grup 1, 2 ve 3) ayrıldığı belirlenmiştir. Güney Marmara bölgesi izolatlarının ise bu gruplardan ikisinin (Balıkesir ve Bursa izolatları) grup 1'e, bir tanesinin grup 3'de yer aldığı görülmüştür. Ayrıca Balıkesir ve Bursa WMV izolatlarının aynı grupta yer almasına rağmen farklı alt gruplarda (1a ve 1c) olduğu görülmüştür. Türk izolatlarının farklı gruplara dağılım göstermesi nedeni ile coğrafik orijin ile ilgili bir bağlantı olmadığı düşünülmektedir (Şekil 8). Bu bağlamda dünyanın farklı ülkelerinden elde edilen izolatlar ile Türk izolatlarının yakın ilişkili olarak tespit edildiği görülmektedir.



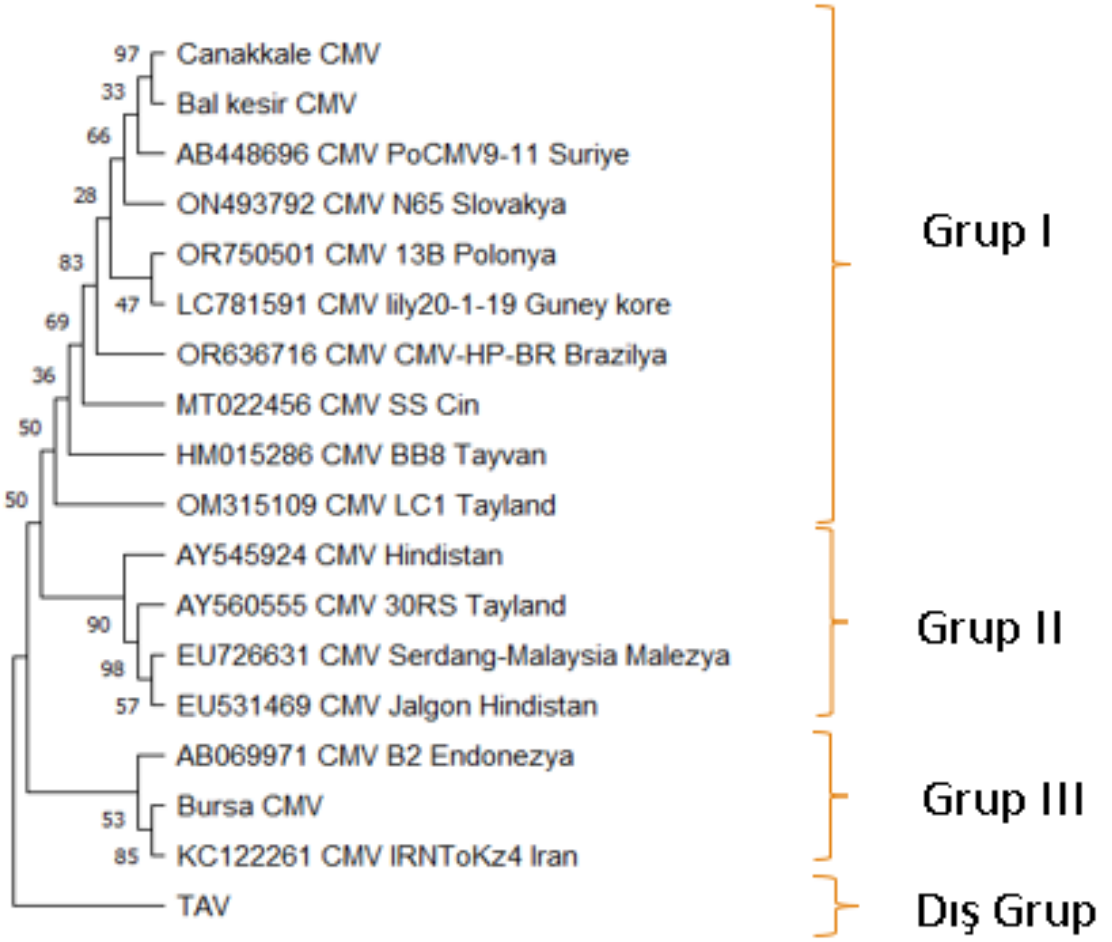
Şekil 8. Türk ve dünya watermelon mosaic virus (WMV) izolatlarının filogenetik ilişkileri

ZYMV izolatlarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacı ile oluşturulan filogenetik ağaçta izolatların 2 büyük gruba (Grup 1 ve 2) ayrıldığı belirlenmiştir. Güney Marmara bölgesi izolatlarının ise hepsinin bu gruplardan ikincisinde yer aldığı görülmüştür. Türk izolatlarına en yakın izolatlar ise Macaristan, Brezilya ve Mısır izolatlarının olduğu belirlenmiştir (Şekil 9). Filogenetik açından Türk izolatlarına en yakın olarak bulunan izolat ise ON604841 kodlu Macaristan izolatı olarak tespit edilmiştir.



Şekil 9. Türk ve dünya zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) izolatlarının filogenetik ilişkileri

CMV izolatlarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amacı ile oluşturulan filogenetik ağaçta izolatların 3 büyük gruba (Grup 1, 2 ve 3) ayrıldığı belirlenmiştir. Güney Marmara bölgesi izolatlarının ise bu gruplardan ikisinin (Çanakkale ve Balıkesir izolatları) grup 1'de, bir tanesinin (Bursa izolatı) grup 3'de yer aldığı görülmüştür. Türk izolatlarının farklı gruplara dağılım göstermesi nedeni ile coğrafik orijin ile ilgili bir bağlantı olmadığı düşünülmektedir (Şekil 10). Çanakkale ve Balıkesir izolatlarına filogenetik açıdan en yakın olarak bulunan izolat AB448696 olarak bulunurken, Bursa izolatına ise en yakın olarak bulunan izolat KC122261 kodlu İran izolatı olarak tespit edilmiştir.



Şekil 10. Türk ve dünya cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının filogenetik ilişkileri

Ahsan vd. (2020), Pakistan'da CMV'nin araştırılması konulu bir çalışmasında, elde ettikleri CMV izolatlarının 2 farklı filogenetik gruba ayrıldığını bildirmişlerdir. Bu tez kapsamında yürütülen çalışmalar sonucunda da elde edilen 3 CMV izolatının farklı

filogenetik gruba dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Bu sonuçla iki çalışma sonuçlarının birbirine paralel olduğu görülmektedir.

BEŞİNCİ BÖLÜM
SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu tez çalışması, Güney Marmara Bölgesi'nde (Balıkesir, Bursa ve Çanakkale) yer alan kabakgil üretim alanlarında virüs hastalıklarının yaygınlığını ortaya koymak ve moleküler düzeyde karakterizasyonunu gerçekleştirmek amacıyla yapılmıştır. Araştırma kapsamında virüs simptomları gösteren toplam 76 örnek toplanmış ve RT-PCR yöntemiyle analiz edilmiştir.

Toplanılan 76 örnekten 52'sinde (%68,42) en az bir virüs enfeksiyonuna rastlanmıştır. Bu durum, Güney Marmara Bölgesi'ndeki kabakgil üretim alanlarında virüs kaynaklı hastalıkların önemli bir tehdit oluşturduğunu göstermektedir. Aranılan virüsler içerisinden üç farklı virüs türü tespit edilmiştir: zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), watermelon mosaic virus (WMV) ve cucumber mosaic virus (CMV). Bunlar içinde en yaygın olanı %34,21 oranıyla ZYMV, en az yaygın olan ise %2,63 ile CMV'dir.

Enfekteli bitkilerde en sık karşılaşılan simptomlar arasında yapraklarda mozaik tarzı renk değişiklikleri, büyüme geriliği ve deformasyonlar yer almıştır. Bu bulgular, virüslerin ürün kalitesi ve verimi üzerindeki olumsuz etkilerini açıkça ortaya koymaktadır.

ZYMV, WMV ve CMV'ye ait toplam dokuz izolatın kılıf protein gen bölgeleri dizilenmiş ve genetik analizleri yapılmıştır. Türk izolatları arasında %95-97 oranında benzerlik gözlemlenirken, yurtdışı izolatlarla karşılaştırıldığında %10'a varan genetik farklılıklar tespit edilmiştir.

Filogenetik ağaç analizleri, ZYMV izolatlarının birbirine yakın genetik yapılar sergilediğini, WMV ve CMV izolatlarının ise daha farklı genetik gruplarda konumlandığını ortaya koymuştur.

Güney Marmara Bölgesi'nde ZYMV başta olmak üzere virüs enfeksiyonlarının yaygın olduğu tespit edilmiştir. Bu nedenle bölgesel düzeyde sürdürülebilir bir gözlem ve erken tanı sistemi geliştirilmelidir. RT-PCR gibi hassas moleküler tanı yöntemlerinin rutin taramalarda kullanılması önerilir. Özellikle ZYMV'ye karşı yüksek enfeksiyon oranları, dayanıklı kabakgil çeşitlerinin ıslah edilmesi gerekliliğini ortaya koymaktadır. Bu bağlamda yerli genotiplerin moleküler olarak taranması ve dayanıklı bireylerin seçimiyle ıslah çalışmalarının desteklenmesi önerilir.

Virüslerin başlıca vektörleri olan *Aphis gossypii* ve *Myzus persicae* gibi yaprak bitlerine karşı entegre zararlı yönetim stratejileri uygulanmalıdır. Biyolojik mücadele, kültürel önlemler ve ekim nöbeti gibi uygulamalar yaygınlaştırılmalıdır. Hastalık belirtilerinin tanınması, bulaşma yollarının anlaşılması ve korunma yöntemlerinin uygulanabilmesi için tarım işçilerine ve üreticilere yönelik eğitim seminerleri düzenlenmelidir. Bu durum, erken müdahale şansını arttıracağı düşünülmektedir.

Kabakgil virüslerinin tam genom dizilemesi, rekombinasyon analizi ve virüs-bitki etkileşimlerinin incelendiği ileri düzey biyoteknolojik çalışmalar teşvik edilmelidir. Ayrıca virüslerin çevresel faktörlerle etkileşimi üzerine araştırmalar yapılmalıdır.

Bu çalışmanın çıktıları, hem akademik literatüre katkı sağlamakta hem de bölgesel tarım politikalarının şekillendirilmesinde rehberlik etmektedir. Kabakgil üretiminde sürdürülebilirlik ve verimliliğin sağlanması adına virüs hastalıklarının erken tanı, önleme ve yönetimi kritik bir öneme sahiptir.

KAYNAKÇA

Abdelkhalek, A., Király, L., Al-Mansori, A. N. A., Younes, H. A., Zeid, A., Elsharkawy, M. M. ve Behiry, S. I. (2022). "Defense responses and metabolic changes involving phenylpropanoid pathway and PR genes in squash (Cucurbita pepo L.) following Cucumber mosaic virus infection". Plants. 11 (15). 1908.

Ahsan, M., Ashfaq, M., Amer, M. A., Shakeel, M. T., Mehmood, M. A., Umar, M. ve Al-Saleh, M. A. (2023). "Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) as a serious biotic stress to cucurbits: prevalence, diversity, and its implications for crop sustainability". Plants. 12 (19). 3503.

Ahsan, M., Ashfaq, M., Mukhtar, T. ve Abbasi, N. A. (2020). "Current status and genetic variability of cucumber mosaic cucumovirus (CMV) isolates infecting major cucurbits and solanaceous vegetables in Pothwar region of Pakistan". Pakistan Journal of Agricultural Sciences. 57(5). 1353-1361.

Ali, A., Hussain, A. ve Ahmad, M. (2014). "Occurrence and molecular characterization of Cucumber green mottle mosaic virus in cucurbit crops of KPK, Pakistan". Brazilian Journal of Microbiology. 45. 1247-1253.

Ali, A., Mohammad, O. ve Khattab, A. (2012). "Distribution of viruses infecting cucurbit crops and isolation of potential new virus-like sequences from weeds in Oklahoma". Plant Disease. 96 (2). 243-248.

Ali, A., Natsuaki, T. ve Okuda, S. (2004). Identification and molecular characterization of viruses infecting cucurbits in Pakistan. Journal of Phytopathology. 152 (11-12). 677-682.

Asad, Z., Ashfaq, M., Iqbal, N., Parvaiz, F., Mehmood, M. A., Hameed, A. ve Ahmad, Z. (2022). "Genetic diversity of cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) infecting cucurbits". Saudi Journal of Biological Sciences. 29(5). 3577-3585.

Ayo-John, E. I., Olorunmaıye, P. M., Odedara, O. O., Abıola, K. O. ve Oladokun, J. O. (2014). "Assessment of field-grown cucurbit crops and weeds within farms in south-west Nigeria for viral diseases". Notulae Scientia Biologicae. 6 (3). 321-325.

Bananej, K. ve Vahdat, A. (2008). "Identification, distribution and incidence of viruses in field-grown cucurbit crops of Iran". Phytopathologia Mediterranea. 47 (3). 247-257.

Barbosa, G. D. S., Lima, J. A. D. A., Queıróz, M. A. D., Dias, R. D. C. S. ve Lima, C. S. (2016). "Identification and effects of mixed infection of potyvirus isolates with cucumber mosaic virus in cucurbits". Revista Caatinga. 29. 1028-1035.

Begum, F., Masud, M. A. T., Akanda, M. A. ve Miah, I. H. (2016). "Detection of viruses infecting pumpkin". Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences. 3 (5). 370-377.

Biltekin, A. ve Akdura, N. (2024). "Detection of Cucumber Mosaic Virus (CMV) in Cucurbits by TaqMan Real-Time RT-PCR in Hakkari Province, Türkiye". Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi. 11 (3). 825-834.

Borah, M., Routhu, G. K., Mandal, R. ve Nath, P. D. (2023). "Molecular characterization and Efficacy Study of Different Treatments Against Cucumber mosaic virus in Pumpkin (*Cucurbita moschata*)". Biological Forum-An International Journal. 15 (2). 1053-1063.

Boubourakas, I. N., Avgelis, A. D., Kyriakopoulou, P. E. ve Katis, N. I. (2006). "Occurrence of yellowing viruses (Beet pseudo-yellows virus, Cucurbit yellow stunting disorder virus and Cucurbit aphid-borne yellows virus) affecting cucurbits in Greece". Plant Pathology, 55 (2), 276-283.

Chan, Y. L., Lee, L. M., Shih, S. L., Kuo, F. H. ve Kenyon, L. (2018, August). Survey of virus diseases affecting squash (*Cucurbita moschata*) in Taiwan. In XXX International Horticultural Congress IHC2018: International Symposium on Tropical and Subtropical Vegetable Production: 1257 (pp. 23-28).

Clarke, R., Webster, C. G., Kehoe, M. A., Coutts, B. A., Broughton, S., Warmington, M. ve Jones, R. A. (2020). "Epidemiology of Zucchini yellow mosaic virus in cucurbit crops in a remote tropical environment". Virus Research. 281. 197897.

Coutts, B. A., Kehoe, M. A. ve Jones, R. A. C. (2011b). "Minimising losses caused by Zucchini yellow mosaic virus in vegetable cucurbit crops in tropical, sub-tropical and Mediterranean environments through cultural methods and host resistance". Virus Research. 159 (2). 141-160.

Coutts, B. A., Kehoe, M. A., Webster, C. G., Wylie, S. J. ve Jones, R. A. C. (2011a). "Zucchini yellow mosaic virus: biological properties, detection procedures and comparison of coat protein gene sequences". Archives of Virology. 156. 2119-2131.

Cuadrado, I. M., Janssen, D., Velasco, L., Ruiz, L. ve Segundo, E. (2001). "First report of Cucumber vein yellowing virus in Spain". Plant Disease, 85 (3), 336-336.

Çalışkan, A. F. (2007). Kabak sarı mozayik virüsü (Zucchini Yellow Mosaic Virus, ZYMV)'nün tanısı ve bitki aktivatörleri kullanılarak mücadele olanaklarının araştırılması. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi.

de Moya-Ruiz, C., Juárez, M., ve Gómez, P. (2025). "Revealing hidden viruses inducing similar yellowing symptoms or remaining asymptomatic in cucurbit crops". Plant Pathology, 74 (1), 270-282.

de Moya-Ruiz, C., Rabadán, P., Juárez, M. ve Gómez, P. (2021). "Assessment of the current status of potyviruses in watermelon and pumpkin crops in Spain: Epidemiological impact of cultivated plants and mixed infections". Plants. 10 (1). 138.

Desbiez, C., Joannon, B., Wipf-Scheibel, C., Chandeysson, C. ve Lecoq, H. (2009). "Emergence of new strains of Watermelon mosaic virus in South-eastern France: Evidence for limited spread but rapid local population shift". Virus research, 141 (2), 201-208.

El-Shamy, M. M. M. (2009). "Molecular analysis of cucumber mosaic cucumovirus symptoms development on squash plants". Journal of Applied Sciences Research. 5 (10). 1802-1811.

FAO (2023). Food and Agriculture Organization of the United Nations. (Erişim tarihi: 25.04.2025).

Güller, A., Usta, M., Demirel, S. ve Korkmaz, G. (2024). "First Report of Natural Infection of Watermelon mosaic virus (WMV) Infecting Bottle Gourd and Snake Melon". Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi. 21(1). 206-218.

Güneş, H. Ü., Gazel, M. ve Çağlayan, K. (2022). "Hatay ilinde yetişen Cucurbitaceae familyasına ait kültür bitkilerinde bazı virüslerin DAS-ELISA ve RT-PCR yöntemleriyle saptanması ve moleküler karakterizasyonu". Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi. 27 (3). 424-433.

Herrera-Vásquez, J. A., Córdoba-Sellés, M. C., Cebrián, M. C., Font-San-Ambrosio, M. I., Alfaro-Fernández, A. ve Jordá, C. (2013). "Viruses of cucurbits in Panama". Journal of Plant Pathology. 435-440.

Hsu, Y. C., Yeh, T. J. ve Chang, Y. C. (2005). "A new combination of RT-PCR and reverse dot blot hybridization for rapid detection and identification of potyviruses". Journal of Virological Methods, 128 (1-2), 54-60.

Hull R. (2014) Chapter 15, Ecology, epidemiology, andcontrol of plant viruses. In Mathews' Plant Virology.5th edn, pp. 809–876. Academic Press: London, UK.DOI:10.1016/B978-0-12-384871-0.00014-5

Ibaba, J. D., Laing, M. D. ve Gubba, A. (2015). "Incidence and phylogeny of viruses infecting cucurbit crops in KwaZulu-Natal, Republic of South Africa". Crop Protection. 75. 46-54.

Jeffrey, C. (2005). A new system of Cucurbitaceae. Botanicheskii Zhurnal. 90, 332-335.

Kamberoğlu, M. A. ve Keçe, M. A. (2016). "Doğu Akdeniz Bölgesi'nde karpuz yetiştirilen alanlarda karpuz mozayik virüsü (WMV-2)'nün biyolojik, serolojik ve moleküler olarak belirlenmesi". Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 13 (3), 156-164.

Kaplan, I. B., Zhang, L. ve Palukaitis, P. (1998). "Characterization of cucumber mosaic virus". Virology. 246 (2). 221-231.

Karabıyık, M. ve Yeşil, S. (2021). "Eskişehir ili kabakgil ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi". Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi. 58 (4). 589-598.

Karabulut, D. (2020). Tekirdağ ilinde bazı kabakgil virüslerinin araştırılması ve karpuz mozaik virüsü (Watermelon mosaic virus, WMV)'nün moleküler karakterizasyonu. Tekirdağ Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.

Karanfil, A. ve Korkmaz, S. (2017). Detection and molecular characterization based on coat protein gene of Cucumber mosaic virus (CMV) from cowpea production fields of Çanakkale province in Turkey. Bitki Koruma Bülteni, 57 (3), 293-304.

Karanfil, A. ve Korkmaz, S. (2021). “Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarında cucumber mosaic virus enfeksiyonunun tespiti ve kılıf protein gen diziliminin filogenetik analizi”. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi. 58 (2). 239-246.

Kassem, M. A., Sempere, R. N., Juárez, M., Aranda, M. A. ve Truniger, V. (2007). “Cucurbit aphid-borne yellows virus is prevalent in field-grown cucurbit crops of southeastern Spain”. Plant Disease. 91 (3). 232-238.

Kaya, A. ve Erkan, S. (2011). “İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerinde üretilen kabakgillerdeki viral etmenlerin tanılanması ve yaygınlıklarının belirlenmesi”. Plant Protection Bulletin. 51 (4). 387-405.

Keshavarz, T., Shams-Bakhsh, M., Izadpanah, K. ve Malboobi, M. A. (2014). “Occurrence and Genome Analysis of C ucurbit chlorotic yellows virus in Iran”. Journal of Phytopathology, 162 (7-8), 523-526.

Kılıç, H. Ç. ve Kahraman, A. (2024). “Burdur ili kabakgillerinde watermelon mosaic virus ve cucumber mosaic virus’unun Belirlenmesi”. Düzce Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi. 12 (2). 957-964.

Letschert, B., Adam, G., Lesemann, D. E., Willingmann, P. ve Heinze, C. (2002). “Detection and differentiation of serologically cross-reacting tobamoviruses of economical importance by RT-PCR and RT-PCR-RFLP”. Journal of Virological Methods, 106 (1), 1-10.

Li, R., Mock, R., Huang, Q., Abad, J. O. R. G. E., Hartung, J.ve E Kinard, G. (2008). A reliable and inexpensive method of nucleic acid extraction for the PCR-based detection of diverse plant pathogens. Journal of Virological Methods, 154(1-2), 48-55.

López-Martín, M., López, C., Sifres, A., Picó, B., Pérez-de-Castro, A. ve Dhillon, N. P. Genetic Control of the Resistance to Zucchini yellow mosaic virus Derived from Melon Accession IC 274006.

Massumi, H., Samei, A., Pour, A. H., Shaabanian, M. ve Rahimian, H. (2007). “Occurrence, distribution, and relative incidence of seven viruses infecting greenhouse-grown cucurbits in Iran”. Plant Disease. 91 (2). 159-163.

Moradi, Z., Mehrvar, M. ve Nazifi, E. (2019). "Population Genetic Analysis of Zucchini yellow mosaic virus based on the CI Gene Sequence". Journal of Cell and Molecular Research. 10 (2). 76-89.

Mulholland, S., Wildman, O., Daly, A., Tesoriero, L. ve Chapman, T. A. (2023). "Distribution and diversity of viruses affecting cucurbit production in New South Wales, Australia". Australasian Plant Pathology. 52 (4), 339-351.

Nacar, Ç., Aras, V., Tekin, S., Fidan, H., Ünlü, M. ve Sarı, N. (2017). "Zucchini yellow mosaic virüsüne tolerant yazlık kabak (Cucurbita pepo) hatlarında genetik farklılığın SRAP markır sistemleriyle belirlenmesi". Akademik Ziraat Dergisi. 6. 115-120.

Nagendran, K., Mohankumar, S., Aravintharaj, R., Balaji, C. G., Manoranjitham, S. K., Singh, A. K. ve Karthikeyan, G. (2017). "The occurrence and distribution of major viruses infecting cucurbits in Tamil Nadu state, India". Crop protection. 99. 10-16.

Nagendran, K., Priyanka, R., Aravintharaj, R., Balaji, C. G., Prashant, S., Basavaraj, B. ve Karthikeyan, G. (2018). "Characterization of cucumber mosaic virus infecting snake gourd and bottle gourd in India". Physiological and Molecular Plant Pathology. 103. 102-106.

Park, C. H., Ju, H. K., Han, J. Y., Park, J. S., Kim, I. H., Seo, E. Y. ve Lim, H. S. (2017). "Complete nucleotide sequences and construction of full-length infectious cDNA clones of cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV) in a versatile newly developed binary vector including both 35S and T7 promoters". Virus Genes. 53. 286-299.

Park, G. S. (2001). "Occurrence of two tobamovirus diseases in cucurbits and control measures in Korea". The Plant Pathology Journal. 17 (5). 243-248.

Reingold, V., Lachman, O., Belausov, E., Koren, A., Mor, N. ve Dombrovsky, A. (2016). "Epidemiological study of Cucumber green mottle mosaic virus in greenhouses enables reduction of disease damage in cucurbit production". Annals of Applied Biology. 168 (1). 29-40.

Riedle-Bauer, M., Suarez, B. ve Reinprecht, H. J. (2002). "Seed transmission and natural reservoirs of Zucchini yellow mosaic virus in Cucurbita pepo var. styriaca/Samenübertragung und natürliche Virusreservoire von

Zucchinigelbmosaikvirus an steirischem Ölkürbis (*Cucurbita pepo* var. *styriaca*)". Journal of Plant Diseases and Protection. 200-206.

Romay, G., Lecoq, H., Geraud-Pouey, F., Chirinos, D. T. ve Desbiez, C. (2014). "Current status of cucurbit viruses in V enezuela and characterization of V enezuelan isolates of Z ucchini yellow mosaic virus". Plant Pathology. 63 (1). 78-87.

Sanfeliu Meliá, A. (2022). Evaluation of resistance to the Moroccan Watermelon Mosaic Virus (MWMV) in a collection of accessions of the genus Cucurbita (Doctoral dissertation, Universitat Politècnica de València).

Sarı, M., Karanfil, A. ve Korkmaz, S. (2024). "Determination of Zucchini Yellow Mosaic Virus and Watermelon Mosaic Virus Infections in Cucurbit Production Areas of Çanakkale Province from Türkiye". Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology. 12 (s1). 2097-2103.

Shehata, W. F., Iqbal, Z., Abdelbaset, T. E., Saker, K. I., El Shorbagy, A. E., Soliman, A. M. ve El-Ganainy, S. M. (2023). "Identification of a Cucumber Mosaic Virus from Cucurbita pepo on New Reclamation Land in Egypt and the Changes Induced in Pumpkin Plants". Sustainability. 15(12). 9751.

Sipahioğlu, H. M., Türkmen, Ö., Usta, M., Güller, A., Seymen, M., Paksoy, M. ve Fidan, S. (2015). "Evaluation of Selected Turkish Edible Pumpkin Seeds Accessions for Resistance to Zucchini yellow mosaic virus". Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences. 2 (2). 136-143.

Suresh, L. M., Malathi, V. G. ve Shivanna, M. B. (2013). "Serological diagnosis and host range studies of important viral diseases of a few cucurbitaceous crops in Maharashtra, India". Archives of Phytopathology and Plant Protection. 46 (16). 1919-1930.

Şevik, M. A. ve Balkaya, A. (2015). "Samsun, Sinop ve Bolu illerindeki bal kabağı (*Cucurbita moschata* Duch) popülasyonlarına ait tohum örneklerinde virüslerin tanılanması ve bulunma durumlarının belirlenmesi". Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University. 32 (3). 70-77.

TÜİK (2023). Bitkisel Üretim İstatistikleri (Erişim tarihi: 25.04.2025).

Venkataravanappa, V., Prasanna, H. C., Reddy, C. L., Chauhan, N., Shankarappa, K. S. ve Reddy, M. K. (2021). "Molecular characterization of recombinant bipartite begomovirus associated with mosaic and leaf curl disease of cucumber and muskmelon". Indian Phytopathology. 74. 775-785.

Wang, Y., Gaba, V., Yang, J., Palukaitis, P. ve Gal-On, A. (2002). "Characterization of synergy between Cucumber mosaic virus and potyviruses in cucurbit hosts". Phytopathology. 92 (1). 51-58.

Wang, Y., Zhu, P., Zhou, Q., Zhou, X., Guo, Z., Cheng, L. ve Hu, Y. (2019). "Detection of disease in Cucurbita maxima Duch. ex Lam. caused by a mixed infection of Zucchini yellow mosaic virus, Watermelon mosaic virus, and Cucumber mosaic virus in Southeast China using a novel small RNA sequencing method". PeerJ. 7. e7930.

Zitikaitė, I., Staniulis, J., Urbanavičienė, L. ve Žižytė, M. (2011). "Cucumber mosaic virus identification in pumpkin plants". Zemdirbyste Agriculture. 98 (4). 421-6.

EKLER

EK 1

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ CUCUMBER MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Nükleotit Dizisi
Çanakkale_CMV	ATGGACAAATCTGAATCAACCAGTGCTGGTCGTAACCGT CGACGTCGTCCGCGTCGTGGTTCCCGCTCCGCTCCCTCCT CCGCGGATGCTAACTTTAGGGTCTTGTCGCAGCAGCTTTC GCGACTTAATAAGACGTTAGCAGCTGGTCGTCCAACTATT AACCACCCAACCTTTGTAGGGAGTGAACGCTGTAGACCT GGGTACACGTTCACATCTATTACCCTAAAGCCACCAAAA ATAGACCGTGGGTCTTATTACGGTAAAAGGTTGTTACTAC CTGATTCAGTCACGGAATATGATAAGAAGCTTGTTTCGCG CATTCAAATTCGAGTTAATCCTTTGCCGAAATTTGATTCT ACCGTGTGGGTGACAGTCCGTAAAGTTCCTGCCTCTTCGG ACTTATCCGTTACCGCCATCTCTGCTATGTTCGCGGACGG AGCCTCACCGGTACTGGTTTATCAGTATGCCGCATCTGGA GTCCAAGCCAACAACAAACTGTTGTATGATCTTTCGGCG ATGCGCGCTGATATAGGTGACATGAGAAAGTACGCCGTC CTCGTGTATTCAAAAGACGATGCGCTCGAGACGGACGAG CTAGTACTTCATGTTGACATCGAGCACCAACGCATTCCCA CATCTGGAGTGCTCCCAGTTTGA
Balıkesir_CMV	ATGGACAAATCTGAATCAACCAGTGCTGGTCGTAACCGT CGACGTCGTCCGCGTCGTGGTTCCCGCTCCGCTCCCTCCT CCGCGGATGCTAACTTTAGAGTCTTGTCGCAGCAGCTTTC GCGACTTAATAAGACGTTAGCAGCTGGTCGTCCAACTATT AACCACCCAACCTTTGTAGGGAGTGAACGCTGTAGACCT GGGTACACGTTCACATCTATTACCCTAAAGCCACCAAAA ATAGACCGTGGGTCTTATTACGGTAAAAGGTTGTTACTAC CTGATTCAGTCACGGAATATGATAAGAAGCTTGTTTCGCG CATTCAAATTCGAGTTAATCCTTTGCCGAAATTTGATTCT ACCGTGTGGGTGACAGTCCGTAAAGTTCCTGCCTCCTCGG ACTTATCCTTTGCCGCCATCTCTGCTATGTTCGCGGACGG AGCCTCACCGGTACTGGTTTATCATTATGCCGCATCTGGA GTCCAAGCCAACAACAAACTGTTGTATGATCTTTCGGCG ATCCGCGCTGATATAGGTGACATGAGAAAGTACCCCGTC CTCGTGTATTCAAAAGACAATCCGCTCGAGACGGACGAG CTAGTACTTCATGTTGACATCGAGCACCAACGCATTCCCA CATCTGGAGTGCTCCCAGTTTGA

Bursa_CMV	ATGGACAAATCTGAATCAACCAGTGCTGGTCGTAACCGT CGTCGTCGTCCGCGTCGCGGTTCCCGCTCCGCTTCCTCCT CCGCGGATGCTACGTTTAGAGTCTTGTCGCAACAGCTTTC GCGACTTAATAAGACGTTAGCAGCTGGTCGTCCTACTATT AACCACCCAACCTTTGTGGGTAGTGAACGTTGTAAACCT GGATACACGTTCACATCGATTACCCTGAAGCCACCGAAA ATAGACCGTGGGTCCTATTATGGTAAAAGGTTGCTGCTTC CTGATTCAGTCACTGAGTTCGATAAGAAGCTTGTTTCGCG CATTCAAATTCGAGTTAATCCTTTGCCGAAATTTGATTCT ACCGTGTGGGTGACGGTCCGTAAAGTTCCTGCCTCCTCGG ACCTGTCCGTTGCCGCCATCTCTGCTATGTTCGCGGACGG AGCCTCACCGGTACTGGTTTATCAGTACGCCGCATCCGGA GTCCAAGCTAACAACAAACTGTTGCATGATCTTTCGGCG ATGCGCGCTGATATTGGCGACATGAGAAAGTACGCCGTA CTCGTATATTCAAAAGACGATGCACTTGAGACGGATGAA CTAGTACTTCATGTCGACTTTGAGCATCAACGTATTCCCA CATCCGGGGTGCTCCCAGTTTGA

EK 2

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ CUCUMBER MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Amino Asit Dizisi
Çanakkale_CMV	MDKSESTSAGRNRRRRPRRGSRSAPSSADANFRVLSQQLSR LNKTLAAGRPTINHPTFVGSERCRPGYTFTSITLKPPKIDRGS YYGKRLLLPDSVTEYDKKLVSRIQIRVNPLPKFDSTVWVTV RKVPASSDLSVTAISAMFADGASPVLVYQYAASGVQANNK LLYDLSAMRADIGDMRKYAVLVYSKDDALETDELVLHVDI EHQRIPTSGVLPV
Balıkesir_CMV	MDKSESTSAGRNRRRRPRRGSRSAPSSADANFRVLSQQLSR LNKTLAAGRPTINHPTFVGSERCRPGYTFTSITLKPPKIDRGS YYGKRLLLPDSVTEYDKKLVSRIQIRVNPLPKFDSTVWVTV RKVPASSDLSFAAISAMFADGASPVLVYHYAASGVQANNK LLYDLSAIRADIGDMRKYPVLVYSKDNPLETDELVLHVDIE HQRIPTSGVLP
Bursa_CMV	MDKSESTSAGRNRRRRPRRGSRSASSSADATFRVLSQQLSR LNKTLAAGRPTINHPTFVGSERCKPGYTFTSITLKPPKIDRGS YYGKRLLLPDSVTEFDKKLVSRIQIRVNPLPKFDSTVWVTV RKVPASSDLSVAAISAMFADGASPVLVYQYAASGVQANNK LLHDLSAMRADIGDMRKYAVLVYSKDDALETDELVLHVDF EHQRIPTSGVLPV

EK 3

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ ZUCCHINI YELLOW MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Nükleotit Dizisi
Çanakkale_ZYMV	TCAGGCACTCAGCCAACTGTGGCAGACGCTGGAGCCAC AAAGAAAAACAACGAAGATGACAAAGGGAAAAACAAG GATGCTACAGGCTCCGGCTCAGGTGAGAAAACAATGGC AGCTGTCACGAAGGACAAGGATGTAAATGCTGGTTCTC ATGGGAAAATTGTGCCGCGTCTTTCGAAGATAACAAAG AAGATGTCACTGCCACGCGTGAAAGGAAATGTGATACT CGACATTGATCACTTGCTGGAGTATAAGCCGGATCAAA TTGAGTTATACAACACACGAGCGTCTCATCAGCAATTCG CCTCTTGGTTCAACCAAGTTAAAACTGAATATGATCTGA ATGAACAACAGATGGGAGTTGTAATGAATGGTTTCATG GTTTGGTGCATTGAAAATGGCACGTCACCCGACATTAAC GGAGTATGGGTTATGATGGACGGTAATGAGCAGGTTGA ATATCCTTTGAAACCAATAGTCGAAAATGCAAAGCCAA CGCTGCGACAAATAATGCATCACTTTTCAGATGCAGCG GAGGCATATATAGAGATGAGAAATGCAGAGGCACCATA CATGCCGAGGTATGGTTTGCTTCGAAACTTACGGGATAG GAGTTTGGCACGATATGCTTTCGACTTCTACGAAGTCAA TTCCAAAACTCCGGAGAGAGCCCGTGAAGCTGTTGCGC AGATGAAAGCAGCAGCCCTTAGCAATGTTTCTTCAAGG TTGTTTGGCCTTGATGGAAATGTTGCCACCACTAGCGAA GACACTGAACGGCACACTGCACGTGATGTTAATAGGAA CATGCACACCTTGCTAGGTGTGAATACAATGCAG

Balıkesir_ZYMV	TCAGGCACTCAGCCAACTGTGGCAGACGCTGGAGCCAC AAAGAAAAACAACGAAGATGACAAAGGGAAAAACAAG GATGCTACAGGCTCCGGCTCAGGTGAGAAAACAATGGC AGCTGTCACGAAGGACAAGGATGTAAATGCTGGTTCTC ATGGGAAAATTGTGCCGCGTCTTTCGAAGATAACAAAG AAGATGTCACTGCCACGCGTGAAAGGAAATGTGATACT CGACATTGATCACTTGCTGGAGTATAAGCCGGATCAAA TTGAGTTATACAACACACGAGCGTCTCATCAGCAATTCG CCTCTTGGTTCAACCAAGTTAAAACTGAATATGATCTGA ATGAACAACAGATGGGAGTTGTAATGAATGGTTTCATG GTTTGGTGCATTGAAAATGGCACGTCACCCGACATTAAC GGAGTATGGGTTATGATGGACGGTAATGAGCAGGTTGA ATATCCTTTGAAACCAATAGTCGAAAATGCAAAGCCAA CGCTGCGACAAATAATGCATCACTTTTCAGATGCAGCG GAGGCATATATAGAGATGAGAAATGCAGAGGCACCATA CATGCCGAGGTATGGTTTGCTTCGAAACTTACGGGATAG GAGTTTGGCACGATATGCTTTCGACTTCTACGAAGTCAA TTCCAAAACTCCGGAGAGAGCCCGTGAAGCTGTTGCGC AGATGAAAGCAGCAGCCCTTAGCAATGTTTCTTCAAGG TTGTTTGGCCTTGATGGAAATGTTGCCACCACTAGCGAA GACACTGAACGGCACACTGCACGTGATGTTAATAGGAA CATGCACACCTTGCTAGGTGTGAATACAATGCAG
Bursa_ZYMV	TCAGGCACTCAGCCAACTGTGGCAGACGCTGGAGCCAC AAAGAAAAACAACGAAGATGACAAAGGGAAAAACAAG GATGCTACAGGCTCCGGCTCAGGTGAGAAAACAATGGC AGCTGTCACGAAGGACAAGGATGTAAATGCTGGTTCTC ATGGGAAAATTGTGCCGCGTCTTTCGAAGATAACAAAG AAGATGTCACTGCCACGCGTGAAAGGAAATGTGATACT CGACATTGATCACTTGCTGGAGTATAAGCCGGATCAAA TTGAGTTATACAACACACGAGCGTCTCATCAGCAATTCG CCTCTTGGTTCAACCAAGTTAAAACTGAATATGATCTGA ATGAACAACAGATGGGAGTTGTAATGAATGGTTTCATG GTTTGGTGCATTGAAAATGGCACGTCACCCGACATTAAC GGAGTATGGGTTATGATGGACGGTAATGAGCAGGTTGA ATATCCTTTGAAACCAATAGTCGAAAATGCAAAGCCAA CGCTGCGACAAATAATGCATCACTTTTCAGATGCAGCG GAGGCATATATAGAGATGAGAAATGCAGAGGCACCATA CATGCCGAGGTATGGTTTGCTTCGAAACTTACGGGATAG GAGTTTGGCACGATATGCTTTCGACTTCTACGAAGTCAA TTCCAAAACTCCGGAGAGAGCCCGTGAAGCTGTTGCGC AGATGAAAGCAGCAGCCCTTAGCAATGTTTCTTCAAGG TTGTTTGGCCTTGATGGAAATGTTGCCACCACTAGCGAA GACACTGAACGGCACACTGCACGTGATGTTAATAGGAA CATGCACACCTTGCTAGGTGTGAATACAATGCAG

EK 4

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ ZUCCHINI YELLOW MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Amino Asit Dizisi
Çanakkale_ZYMV	SGTQPTVADAGATKKNNEDDKGKNKDATGSGSGEKTMA AVTKDKDVNAGSHGKIVPRLSKITKKMSLPRVKGNVILDI DHLLEYKPDQIELYNTRASHQQFASWFNQVKTEYDLNEQ QMGVVMNGFMVWCIENGTSPDINGVWVMMDGNEQVEY PLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNAEAPYMPR YGLLRNLRDRSLARYAFDFYEVNSKTPERAREAVAQMKA AALSNVSSRLFGLDGNVATTSEDTERHTARDVNRNMHTL LGVNTMQ
Balıkesir_ZYMV	SGTQPTVADAGATKKNNEDDKGKNKDATGSGSGEKTMA AVTKDKDVNAGSHGKIVPRLSKITKKMSLPRVKGNVILDI DHLLEYKPDQIELYNTRASHQQFASWFNQVKTEYDLNEQ QMGVVMNGFMVWCIENGTSPDINGVWVMMDGNEQVEY PLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNAEAPYMPR YGLLRNLRDRSLARYAFDFYEVNSKTPERAREAVAQMKA AALSNVSSRLFGLDGNVATTSEDTERHTARDVNRNMHTL LGVNTMQ
Bursa_ZYMV	SGTQPTVADAGATKKNNEDDKGKNKDATGSGSGEKTMA AVTKDKDVNAGSHGKIVPRLSKITKKMSLPRVKGNVILDI DHLLEYKPDQIELYNTRASHQQFASWFNQVKTEYDLNEQ QMGVVMNGFMVWCIENGTSPDINGVWVMMDGNEQVEY PLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNAEAPYMPR YGLLRNLRDRSLARYAFDFYEVNSKTPERAREAVAQMKA AALSNVSSRLFGLDGNVATTSEDTERHTARDVNRNMHTL LGVNTMQ

EK 5

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ WATERMELON MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ NÜKLEOTİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Nükleotit Dizisi
Çanakkale_WMV	CTGCAATCAGGAAAAGAAAAAGAAACAGTGGAAAATTT GGATGCAGGAAAGGACTCGAAGAAAGACACCAGTGGTA AAGGTGATAAGCCGCAAAACTCGCAAACTGGGCAGGGTA GCAAGGAACCAGCAAAAACTGGCACAGTCAGCAAAGAT GTGGATGCTGGGTCAAAAGGAAAAGTAGTCCCACGACTG CAAAAGATAACAAAGAAGATGAACCTTCCAACAGTCGGT GGGAAAATCATTCTTAGCTTAGACCATTTGCTCGAGTACA AACCAAATCCAGTTGATCTGTTCAACACTCGAGCAACAA AGACACAGTTTGAGTCATGGTATAGTGCAGTTAAAACTG AATATGATCTTAATGATGAGCAAATGGGTGTGATTATGA ATGGTTTCATGGTTTGGTGCATCGATAATGGTACATCTCC AGATGTTAATGGAGTATGGGTGATGATGGATGGGGAAGA GCAAGTTGAGTACCCATTAAAGCCAATTGTTGAGAATGC AAAGCCGACTTTAAGGCAAATCATGCACCATTTTTCAGA CGCAGCAGAAGCATATATTGAAATGAGAAACTCTGAAAG TCCGTATATGCCTAGATACGGATTATTAAGAAATTTGAGA GACAGGGAATTAGCACGCTATGCTTTTGACTTCTATGAGG TCACTTCCAAAACACCAAATAGGGCAAGAGAAGCAATAG CACAAATGAAGGCCGCAGCTCTCGCGGGAACTAACAGCA GGTTATTTGGACTTGATGGTAATATCTCGACCAATTCCGA AAATACTGAGAGGCACACTGCAAGGGACGTGAATCAGA ATATGCATACTTTGTTGGGTATGGGTCCACCGCAGTAA

Balıkesir_WMV	CTGCAATCAGGAAAAGGAAAAGAACCAGTAGAAAATTT GGGTGCAGGAAAGGATTCGAAGAAAGACACCAGTGGCA AAGGGGATAAGCCACAAAACTTGCAAACTGGCCAGGGTA GCAAGGAACCGACAAAAGCTGGCACAGTCAGCAAAGAT GTGAACGTGGGATCTAAAGGAAAAGAAGTCCCACGACTA CAGAAGATACCAAAGAAAATGAACCTTCCAACAGTTGGT GGGAAAATCATTCTCAGCTTAGATCATTTACTCGAGTATA AACCTAATCAAGTTGATCTGTTTAACACTCGAGCAACAA AAACACAGTTTGAAGCATGGTACAGCGCAGTTAAAGTTG AATATGATCTTAACGATGAGCAAATGGGTGTGATTATGA ATGGTTTTATGGTTTGGTGTATCGATAACGGTACATCTCC AGATGTCAATGGAGTATGGGTGATGATGGATGGGGAAGA GCAAGTTGAGTATCCATTAAAGCCAATTGTTGAAAATGC AAAACCAACTTTAAGGCAAATCATGCATCATTTCTCAGA CGCAGCAGAAGCATATATTGAAATGAGAAACTCTGAAAG TCCGTATATGCCTAGATACGGATTACTAAGAAATTTGAG AGACAGGGAATTAGCACGCTATGCTTTCGACTTTTATGAG GTTACTTCCAAGACACCTAATAGGGCAAGAGAAGCAATA GCACAAATGAAGGCCGCAGCTCTCGCGGGAATTAACAGC AGGTTATTTGGGCTTGATGGTAATATCTCGACCAATTCCG AAAATACTGAGAGGCACACTGCAAGGGACGTGAATCAG AATATGCATACTTTGTTGGGTATGGGTCCACCGCAGTAA
Bursa_WMV	CTGCAATCAGGAAAAGAAAAAGAAACAGTAGAAAATTT GGATGCAGGAAAGGATTCGAAGAAAGACACGAGTGGCA AAGGTGACAAGCCACAAAACCTGCAAACTGGGCAGGGT AGCAAGGAACCAACAAAAGCTGGCGCAGTCAGCAAAGA TGTGAACGTTGGATCAAAAGGAAAAGAAGTCCCACGACT ACAGAAGATAACAAAGAAAATGAACCTTCCAACAGTTGG TGGGAAAATCATTCTCAGTTTAGACCATTTGCTCGAATAC AAGCCTAATCAAGTTGATTTGTTTAACACTCGAGCAACA AAAACCCAGTTTGAATCATGGTACAGCGCAGTTAAAGTT GAATATGATCTTAATGATGAGCAGATGGGTGTGATTATG AATGGTTTTATGGTTTGGTGCATCGATAATGGTACATCTC CAGATGTCAATGGAGTATGGGTGATGATGGATGGGGAAG AGCAAGTTGAGTACCCACTAAAGCCAATTGTTGAAAATG CAAAGCCAACTTTGAGACAAATCATGCATCATTTCTCAG ACGCAGCAGAGGCATATATTGAAATGAGAAACTCTGAAA GTCCGTATATGCCTAGATACGGATTACTAAGAAATTTGA GAGACAGGGAATTAGCACGCTATGCTTTTGACTTCTATGA GGTTACTTCCAAAACACCAAACAGGGCAAGAGAAGCAAT AGCACAGATGAAGGCCGCAGCTCTCGCGGGAATTAACAG CAGGTTATTTGGACTTGATGGCAATATCTCGACCAATTCC GAAAATACTGAGAGGCACACTGCAAGGGACGTTAATCAG AATATGCATACTTTGTTGGGTATGGGTCCACCGCAGTAA

EK 6

GÜNEY MARMARA BÖLGESİ WATERMELON MOSAIC VIRUS İZOLATLARININ KILIF PROTEİN GENİ AMİNO ASİT DİZİLİMLERİ

İzolat İsmi	Amino Asit Dizisi
Çanakkale_WMV	LQSGKEKETVENLDAGKDSKKDTSGKGDKPQNLQTGQGSK EPTKAGAVSKDVNVGSKGKEVPRLQKITKKMNLPTVGGKII LSLDHLLEYKPNQVDLFNTRATKTQFESWYSAVKVEYDLN DEQMGVIMNGFMVWCIDNGTSPDVNGVWVMMDGEEQVE YPLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNSESPYMPR YGLLRNLRDRELARYAFDFYEVTSKTPNRAREAIAQMKAA ALAGINSRLFGLDGNISTNSENTERHTARDVNQNMHTLLGM GPPQ
Balıkesir_WMV	LQSGKGKEPVENLGAGKDSKKDTSGKGDKPQNLQTGQGSK EPTKAGTVSKDVNVGSKGKEVPRLQKIPKKMNLPTVGGKII LSLDHLLEYKPNQVDLFNTRATKTQFEAWYSAVKVEYDLN DEQMGVIMNGFMVWCIDNGTSPDVNGVWVMMDGEEQVE YPLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNSESPYMPR YGLLRNLRDRELARYAFDFYEVTSKTPNRAREAIAQMKAA ALAGINSRLFGLDGNISTNSENTERHTARDVNQNMHTLLGM GPPQ
Bursa_WMV	LQSGKEKETVENLDAGKDSKKDTSGKGDKPQNLQTGQGSK EPTKAGAVSKDVNVGSKGKEVPRLQKITKKMNLPTVGGKII LSLDHLLEYKPNQVDLFNTRATKTQFESWYSAVKVEYDLN DEQMGVIMNGFMVWCIDNGTSPDVNGVWVMMDGEEQVE YPLKPIVENAKPTLRQIMHHFSDAAEAYIEMRNSESPYMPR YGLLRNLRDRELARYAFDFYEVTSKTPNRAREAIAQMKAA ALAGINSRLFGLDGNISTNSENTERHTARDVNQNMHTLLGM GPPQ