

Araştırma Makalesi
(Research Article)

Ege Üniv. Ziraat Fak. Derg., 2021, 58 (2):239-246

<https://doi.org/10.20289/zfdergi.682293>

Ali KARANFİL¹ 

Savaş KORKMAZ^{1*} 

¹ Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi,
Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü,
Çanakkale/Türkiye

*İletişim (correspondence) e-posta:

skorkmaz@comu.edu.tr

Güney Marmara Bölgesi kabakgöl üretim alanlarında cucumber mosaic virus enfeksiyonunun tespiti ve kılıf protein gen diziliminin filogenetik analizi

Detection and phylogenetic analysis of coat protein gene region of cucumber mosaic virus Infecting cucurbit plants in South Marmara Region of Turkey

Alınış (Received): 30.01.2020

Kabul Tarihi (Accepted): 02. 07.2020

ÖZ

Amaç: Güney Marmara Bölgesi (GMB) kabakgöl üretim alanlarında cucumber mosaic virus (CMV) enfeksiyonunun tespiti ve elde edilen CMV izolatlarının moleküler karakterizasyonu amacı ile bu çalışma yürütülmüştür.

Materyal ve Yöntem: GMB'yi oluşturan Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illerinde arazi çalışmaları gerçekleştirilerek virüs ve virüs-benzeri semptom gösteren bitkilerden örnekler alınmış ve DAS-ELISA yöntemi ile CMV enfeksiyonu açısından testlenmiştir. İleri analizler için toplanan örnekler içerisinde 3 tanesi elde edildikleri coğrafik orijine göre seçilerek, RT-PCR ile kılıf protein genlerinin tamamı çoğaltılarak klonlanmış ve sekanslanmıştır.

Araştırma Bulguları: Arazi çalışmaları sonucunda 72 bitkiden örnek alınmıştır. Virüs tanılama çalışmaları sonucunda ise 10 bitkide CMV enfeksiyonu tespit edilmiştir. Gerçekleştirilen sekans analizleri sonucunda GMB CMV izolatları birbirleri ile nükleotit düzeyinde %93.15-99.70 oranında, amino asit düzeyinde ise bu izolatların %97.71-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Dünya izolatları ile gerçekleştirilen karşılaştırmalar sonucunda ise GMB izolatlarının nükleotit ve aminoasit düzeyinde %76-100 benzerlikler gösterdiği tespit edilmiştir. Gerçekleştirilen filogenetik analizler sonucunda ise GMB CMV izolatlarının ikisinin altgrup IA, birinin ise altgrup IB'de olduğu belirlenmiştir.

Sonuç: Gerçekleştirilen bu çalışma ile GMB kabakgöl üretim alanlarında CMV enfeksiyonu tespit edilerek ülkemizden ilk kabakgöl CMV izolatlarının kılıf protein gen dizilimlerinin genbankasında yer alması sağlanmıştır.

Anahtar Kelimeler: CMV, DAS-ELISA, RT-PCR, sekanslama

ABSTRACT

Objective: This study was carried out for the detection and molecular characterization of cucumber mosaic virus (CMV) infecting cucurbit plants in the Southern Marmara Region (SMR) of Turkey.

Material and Methods: Surveys were performed in the SMR (Çanakkale, Balıkesir and Bursa provinces) and, samples showing virus and virus-like symptoms were collected. The samples were tested by DAS-ELISA to detect CMV infection. For further analysis, three isolates were selected according to the geographic origin which they were obtained from. Their complete coat protein genes were amplified by RT-PCR, cloned and sequenced.

Results: While seventy-two samples were collected, CMV infection was found in 10 plants. As a result of sequence analysis, SMR CMV isolates were 93.15-99.70% and 97.71-100% similar to each other at nucleotide (nt) and amino acid (aa) levels, respectively. And, it was determined that 76-100% similarities with world isolates at nt and aa levels. Moreover, based on the phylogenetic analysis, it was determined that two of the GMB CMV isolates were in subgroup IA and remaining was in subgroup IB.

Conclusion: CMV infections were detected in cucurbit plant production areas of SMR. And, for the first time, complete coat protein gene sequences of Turkish cucurbit CMV isolates were deposited in Genbank.

Keywords: CMV, DAS-ELISA, RT-PCR, sequencing

GİRİŞ

Hıyar mozaik virüsü (cucumber mosaic virus; CMV), dünyada ilk kez 1934 yılında Amerika'da Price tarafından hıyar (*Cucumis sativus* L.) bitkisi üzerinde bildirilmiştir. CMV, Bromoviridae familyasından Cucumovirus cinsine ait bir virüs hastalığıdır. Etmenin konukçu genişliği muhtemelen bitki virüsleri içinde en fazla olandır. CMV, 100 familyadan 500 cinsine ait olan 1200'ün üzerinde bitkide enfeksiyon meydana getirebilmektedir (Zitter and Murphy, 2009; Jacquemond, 2012). Etmen, bitki özsuyla mekanik, yaprak bitleri ile non-persistent olarak ve tohum ile taşınabilmektedir (Palukaitis et al., 1992; Palukaitis and Garcia-Arenal, 2003).

CMV, pozitif duyarlılıkta tek sarmal ve üç segmentli bir RNA genomuna sahiptir. Bu RNA segmentlerinden RNA1 ve RNA2 replikaz ve hareket ile ilgili kompleks genleri içerirken, RNA3 ise hareket (MP) ve kılıf (CP) protein genlerini kodlamaktadır (Palukaitis and Garcia-Arenal, 2003; Zitter and Murphy, 2009). Etmenin taşınmasının ise 75'den fazla aphid türü ile olduğu da bildirilmiştir (Palukaitis et al., 1992).

Kabakgillerin en önemli virüs hastalıklarından bir tanesi olan CMV'nin; sahip oldukları serolojik ilişkiler ve genetik çeşitlilik oranları temel alınarak 2 gruba ayrıldığı bildirilmiştir. Ayrıca bu iki grup I ve II olarak sembolize edilmektedir (Palukaitis et al., 1992). Dünyada son yıllarda gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda etmenin CP geni ve 5' ucunda protein kodlamayan bölgelerinin analizi ile alt grup I'in IA ve IB olarak 2'ye ayrıldığı belirtilmiştir (Roossinck et al., 1999).

Ülkemizde daha önceden farklı konukçularda CMV enfeksiyonlarının tespit edildiği bildirilmiştir (Gümüş ve ark., 2004; Beler ve Açıköz, 2005; Köklü ve Yılmaz, 2006; Buzkan ve ark., 2013; Ergün ve ark., 2013; Erkan ve ark., 2013). Gerçekleştirilen sınırlı sayıda çalışmada ise CMV'nin altgrup IA izolatlarının yaygın olarak görüldüğü belirtilmiştir (Çağlar, 2006; Ergün ve ark., 2013). Son yıllarda gerçekleştirilen çalışmalar ile de grup II ve alt grup IB'nin varlığı ülkemizde bildirilmiştir (Sarı, 2015; Karanfil ve Korkmaz, 2017). Ancak ülkemiz kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyonunun varlığı sıklıkla bildirilmesine rağmen bu izolatların genetik çeşitlilikleri hakkında bir bilgi bulunmamaktadır.

Bu bağlamda ülkemizin Güney Marmara Bölgesi (GMB)'ni oluşturan Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illeri kabakgil üretim alanlarında şimdiye kadar CMV'nin tanısı ve genetik çeşitliliği üzerine bir araştırma yapılmamıştır. Bu amaçla belirlenen alanlardan virüs ve virüs-benzeri simptom gösteren bitkilerden örnekler alınarak CMV'nin varlığı ve kılıf protein (CP) gen diziliminin filogenetik ilişkileri belirlenmeye çalışılmıştır.

MATERYAL ve YÖNTEM

Arazi ve virüs tanılama çalışmaları

Arazi çalışmaları Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illeri ve ilçeleri kabakgil üretim alanlarında yürütülmüştür. Üretim sezonu boyunca kabakgil üretim alanlarına arazi çıkışları yapılarak bitkiler görsel olarak incelenmiş, viral hastalık benzeri belirti gösteren bitkilerden örnekler alınmıştır. Üretim alanlarının seçimi tesadüfi olarak yapılmıştır. Toplanan örnekler silika jeller içerisinde soğuk zincirde laboratuara getirilmiş ve ileri analizlerin yapılması için 4°C'de saklanmıştır.

Toplanan örneklerdeki CMV varlığı DAS-ELISA testi ile belirlenmiştir. Bu amaçla Clark ve Adams (1977)'in belirttiği yöntem temel alınarak, ELISA kitlerinin alındığı firmanın önerileri doğrultusunda testler gerçekleştirilmiştir (Bioreba, İsviçre).

Moleküler karakterizasyon çalışmaları

DAS-ELISA testleri sonucunda CMV ile enfekteli olarak bulunan izolatlar arasından elde edildikleri coğrafik orijinler göz önünde bulundurularak her bir il için birer izolat olmak üzere toplamda 3 izolat seçilmiş ve moleküler karakterizasyon çalışmaları kapsamında kullanılmıştır. Seçilen örnekler Çanakkale ili için CAN54, Balıkesir ili için BAL136 ve Bursa ili için BUR152 olarak adlandırılmıştır.

RNA izolasyonu, cDNA sentezi ve PCR çalışmaları

CMV ile enfekteli olarak bulunan örneklerden ilk olarak CTAB metodu ile total RNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir (Li et al., 2008). Elde edilen total RNA'lar ilk olarak RevertAid First Strand cDNA

Synthesis Kit (Thermo Scientific, USA) kullanılarak PCR çalışmaları için complimentary DNA (cDNA)'lar sentezlenmiştir. Elde edilen cDNA'lar çalışma kapsamında tasarlanan CMV CP geninin tamamını çoğaltabilen primer çifti (CMV_CP_F_5'_AGG TTC AAT TCC TCT TRC TCC_3' ve CMV_CP_R_5' AAC GGG TTG TCC ATC CAG_3') kullanılarak 2X Emerald Master Mix (Takara, Japonya) ile 915 bp uzunluğunda gen bölgesi amplifiye edilmiştir.

Klonlama ve Sekanslama Çalışmaları

Amplifiye edilen CP genleri T-A klonlama yöntemi ile Promega (ABD) firmasından sağlanan kitler ile klonlanmıştır. Klonlanan hedef gen bölgesi Bio Basic plazmid purifikasyon kit (Kanada) kullanılarak saflaştırılmıştır. Elde edilen plazmidler sekanslarak seçilen CMV izolatlarının CP genlerinin nükleotit (nt) dizimleri belirlenmiş ve gen bankasına kaydı CAN54, BAL136 ve BUR 152 izolatları için sırasıyla MN985117, MN985118 ve MN985119 erişim numaraları ile gerçekleştirilmiştir. Gen bankasına dünyanın farklı bölgelerinden elde edilerek yüklenen CMV izolatlarının ilgili gen bölgesine karşılık gelen sekans verileri de kullanılarak (Çizelge 1), GMB CMV izolatlarının kendi içinde ve dünya izolatları ile göstermiş olduğu filogenetik ilişkileri CLC Main Workbench V. 20 ve Sequence Demarcation Tool V 1.2 programı ile belirlenmiştir (Muhire et al., 2014).

Çizelge 1. Moleküler karakterizasyon çalışmalarında kullanılan cucumber mosaic virus izolatlarına ait bilgiler

Table 1. Information for cucumber mosaic virus isolates used in molecular characterization studies

Erişim Numarası	Izolate Kodu	Orijin
KC407999	Hnt	Çin
AJ304397	LBO	Hollanda
AB189917	MT	Japonya
AF268598	Xb	Çin
HE583224	Palampur	Hindistan
AJ511990	NS	Macaristan
D10538	Fny	ABD
KP455737	Ka16	İran
AJ276479	Mf	Güney Kore
AB004781	D8	Japonya
AF103991	pepo	Japonya
AJ810259	KS44	Tayland
KJ746022	YB6	Çin
U20219	Ixora	ABD

ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

Gerçekleştirilen arazi çalışmaları sonucunda GMB kabakgil üretim alanlarından virüs ve virüs-benzeri belirti gösteren Çanakkale'den 25, Bursa'dan 21 ve Balıkesir'den 26 örnek olmak üzere toplam 72 örnek toplanmıştır (Şekil 1).

Toplanan örneklerin kabakgil türü düzeyinde dağılımı incelendiğinde ise en fazla toplanan kabakgil türü 29 örnekle kavun olmuştur. En az toplanan tür ise 3 bitki ile acur olmuştur. Toplanan diğer türler ve sayıları ise kabak (20), karpuz (14) ve hıyar (6) olmuştur (Çizelge 2).

Toplanan 72 örneğin DAS-ELISA testi ile analizi sonucunda 10 örneğin CMV ile enfekteli olduğu tespit edilmiştir. Çanakkale ilinden toplanan 25 örneğin 7'si, Balıkesir ilinden toplanan 21 örneğin 1'i ve Bursa'dan toplanan 26 örneğin 2'si CMV ile enfekteli olarak belirlenmiştir. Toplanan örneklerdeki enfeksiyon oranı %13.8 olarak gerçekleşmiştir. En fazla CMV enfeksiyon sayısı 4 bitki ile kavunda tespit edilirken en az enfeksiyon birer örnek ile karpuz ve hıyar bitkilerinden elde edilmiştir. Oransal olarak ise en yüksek enfeksiyon oranı acur örneklerinden elde edilmiştir. Toplanan 3 acur bitkisinin 2'sinde (%66.6) CMV enfeksiyonu tespit edilmiştir (Çizelge 2).



Şekil 1. Çalışma kapsamında arazi çalışmalarının gerçekleştirildiği Güney Marmara Bölgesi'ni oluşturan iller (Parantez içindeki sayılar o ilden toplanan örnek sayılarını ifade etmektedir).

Figure 1. The provinces that constitute the South Marmara region where the field studies are carried out (the numbers in parentheses represent the number of samples collected from that province).

Çizelge 2. Güney Marmara Bölgesi kabakgil üretim alanlarından toplanan ve cucumber mosaic virus ile enfekteli örnek sayıları

Table 2. Numbers of samples collected from cucurbit production areas in South Marmara region and infected with cucumber mosaic virus

Kabakgil Türleri	İller			Toplam
	Çanakkale	Balıkesir	Bursa	
	Enf/Top*	Enf/Top	Enf/Top	Enf/Top
Kavun	3/8	0/6	1/15	4/29
Karpuz	0/5	0/5	1/4	1/14
Kabak	1/7	1/7	0/6	2/20
Hıyar	1/2	0/3	0/1	1/6
Acur	2/3	-/-	-/-	2/3
Toplam	7/25	1/21	2/26	10/72

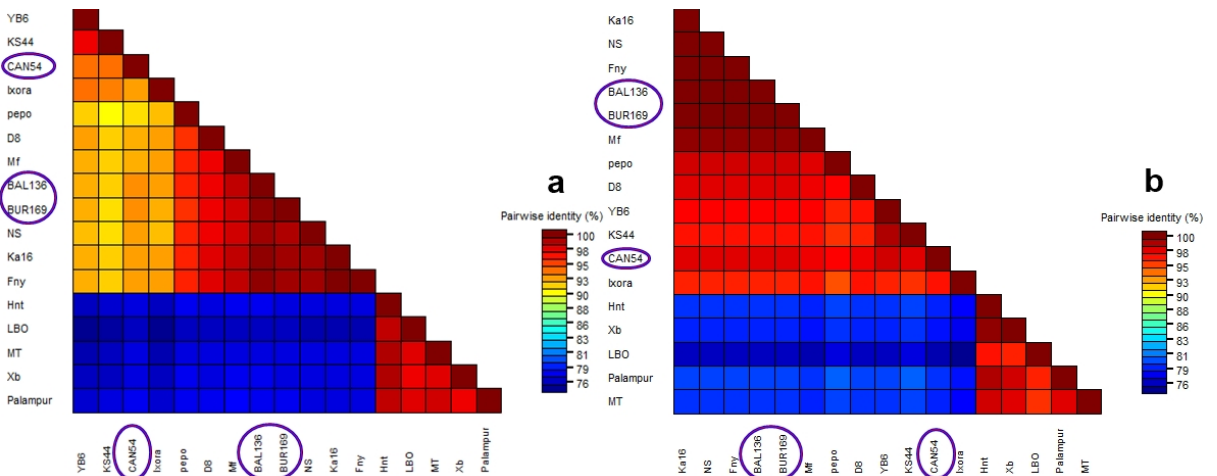
*Top: Toplanan; Enf: Enfekteli

Tekirdağ ilinde kabakgil virüsleri ile ilgili yapılan bir çalışmada toplanan 300 bitkinin %4.6'sında CMV enfeksiyonu bulunduğu bildirilmiştir (Altınay, 2017). Kızmaz ve ark. (2016), Diyarbakır ve Mardin illeri kabakgil üretim alanlarında gerçekleştirdiği çalışmalar sonucunda CMV enfeksiyon oranını % 43.13 olarak bulmuştur. Gümüş ve ark. (2004)'nın bazı kabakgil tohumlarındaki virüs enfeksiyonlarını araştırdıkları çalışmanın sonucunda ise kabakgil tohumlarının % 36.8'inde CMV enfeksiyonu bulduklarını belirtmişlerdir. Yukarıda verilen ve ülkemizde kabakgil üretim alanlarında gerçekleştirilen daha birçok çalışmada da CMV enfeksiyon oranlarının birbirine paralel olmadığı görülmektedir (Kaya ve Erkan, 2011; Korkmaz ve ark., 2018). Bu sonuçlar kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyon oranının yıldan yıla ve/veya bölgelere göre değişkenlik gösterdiğini ortaya koymaktadır.

Gerçekleştirilen bu çalışma kapsamında toplanan tüm örneklerin, oldukça tipik virüs ve virüs benzeri semptom göstermesine rağmen % 86.7'sinde CMV enfeksiyonunun bulunması, CMV açısından sağlıklı olduğu tespit edilen ancak tipik virüs belirtisi gösteren diğer örneklerin farklı bir veya birden çok virüs ile enfekteli olma ihtimalini de güçlendirmektedir.

Nitekim ülkemiz kabakgil üretim alanlarında son yıllarda yapılan çalışmalar neticesinde özellikle Potyvirus cinsine ait virüs hastalıklarının enfeksiyonlarının ön planda olduğu rapor edilmiştir. Örneğin Topkaya et al. (2019), Ankara ve Antalya illeri kabakgil üretim alanlarında yoğun olarak *zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) ve *watermelon mosaic virus* (WMV) enfeksiyonlarını bildirmişlerdir. Tokat ili kabakgil üretim alanlarında gerçekleştirilen bir başka çalışmada ise araştırmacılar araziden aldıkları örneklerde en fazla enfeksiyon oranına sahip viral etmeni WMV olarak rapor etmişlerdir (Korkmaz ve ark., 2018). Doğu Akdeniz Bölgesi kabakgil üretim alanlarında gerçekleştirilen bir çalışmada ise bölgede WMV enfeksiyon oranı %46.7 olarak bildirilmiştir (Keçe ve Kamberoğlu, 2016). Ülkemizin farklı bölgelerinde gerçekleştirilen ve bu çalışmadan elde edilen enfeksiyon oranları dikkate alındığında ülkemiz kabakgil üretim alanlarında CMV'nin kabakgillerin majör viral hastalıkları içerisinde bulunmadığı sonucuna ulaşılmaktadır. Bu bağlamda ülkemiz kabakgil üretim alanlarındaki viral etmenlerin geniş alanlarda gerçekleştirilecek arazi çalışmaları sonucunda mümkün olduğunca fazla virüs hastalığı dikkate alınarak belirlenmesinin faydalı sonuçlar vereceği düşünülmektedir.

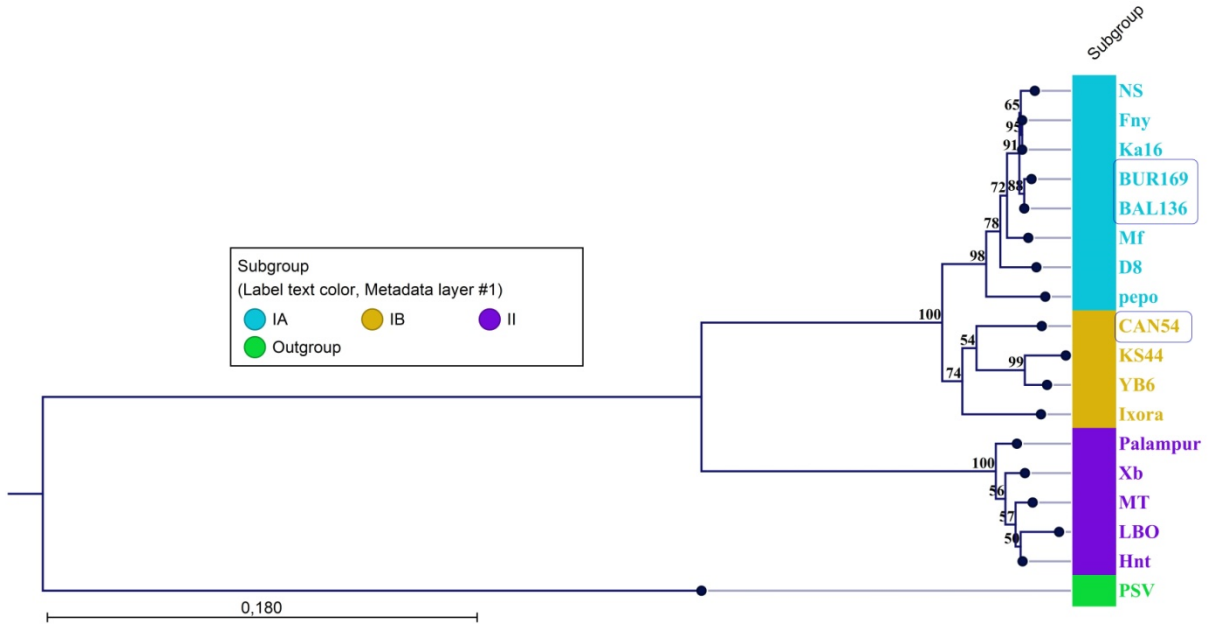
CMV'nin kılıf proteini (CP) gen bölgesine ile gerçekleştirilen moleküler karakterizasyon çalışmaları sonucu GMB CMV izolatlarının bir birleri ile nükleotit düzeyinde %93,15-99,70 oranında, amino asit düzeyinde ise bu izolatların %97,71-100 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Seçilen dünya izolatları ile gerçekleştirilen karşılaştırmalar sonucunda ise GMB izolatlarının nükleotit ve amino asit düzeyinde %76-100 benzerlikler gösterdiği tespit edilmiştir (Şekil 2). Ülkemizde daha önceden CMV izolatlarının moleküler karakterizasyonu ile ilgili olarak gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda da ülkemiz CMV izolatlarının dünya izolatları ile yüksek oranda sekans homolojisine sahip olduğu bildirilmiştir (Karanfil ve Korkmaz, 2017; Güneş and Gümüş; 2019). Genel olarak nükleotit düzeyindeki benzerlik matrislerinde 3 rengin, amino asit temelli benzerlik matrislerinde ise 2 rengin baskın olduğu görülmektedir. Nükleotit temelli benzerlik matrisinde CMV altgrupları olan IA, IB ve II'nin belirgin olarak ayrıldığı görülürken, amino asit temelli benzerlik matrisinde IA ve IB'nin birbirleri ile artan benzerlik oranları sebebiyle sekans benzerliği yönünden birbirine yaklaştığı ve matrisin I ve II olarak ayrıldığı görülmektedir.



Şekil 2. Güney Marmara Bölgesi cucumber mosaic virus izolatlarının birbirleri ve dünya izolatları ile nükleotit (a) ve amino asit (b) düzeyinde göstermiş oldukları benzerlik oranları.

Figure 2. Similarity rates of South Marmara region and world cucumber mosaic virus isolates at nucleotide (a) and amino acid (b) levels.

Gerçekleştirilen filogenetik analizler sonucunda ise GMB izolatlarının altgrup I içinde olduğu bulunmuştur. BUR169 ve BAL136 CMV izolatları altgrup IA'da bulunurken, CAN54 izolatının ise altgrup IB'de olduğu bulunmuştur (Şekil 3). Ülkemizde daha önceden CMV ile gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda da altgrup IA izolatlarının yaygın olarak bulunduğu rapor edilmiştir (Çağlar, 2006; Ohshima et al., 2016). Bununla birlikte Çanakkale ili börülce üretim alanlarında CMV enfeksiyonu ile ilgili olarak gerçekleştirilen başka bir çalışma da altgrup IB varlığı saptanmıştır (Karanfil ve Korkmaz, 2017). Bu bağlamda CMV izolatlarının coğrafik orijinlerinin filogenetik grupları etkileyebileceği düşünülmektedir (Ohshima et al., 2016). Bununla birlikte Doğu Akdeniz Bölgesi'nde gerçekleştirilen bir çalışmada kavun CMV izolatının IA alt grubunda olduğunun bulunması da genel olarak ülkemiz kabakgil üretim alanlarında altgrup IA'nın daha yaygın olduğu sonucunu ortaya çıkarmaktadır (Çağlar, 2006).



Şekil 3. Güney Marmara Bölgesi cucumber mosaik virus izolatlarının filogenetik ilişkileri (Filogenetik ağaç neighbor-joining metodu ile kiamura 80 parametresi uygulanarak 1000 tekrarlı bootstrap analizi ile oluşturulmuştur. Ayrıca filogenetik ağaçta %50 bootstrap eşiği uygulanmıştır. Peanut stunt virus; PSV dış grup olarak kullanılmıştır).

Figure 3. Phylogenetic relationships of cucumber mosaic virus isolates of South Marmara region (The phylogenetic tree was created by the neighbor-joining method by applying kimura 80 parameters with 1000 repetitive bootstrap analysis. Also, 50% bootstrap threshold was applied in the phylogenetic tree. Peanut stunt virus; PSV was used as an outgroup group).

SONUÇ

Gerçekleştirilen bu çalışma ile ülkemizde ilk kez GMB kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyonu tespit edilerek kılıf proteini (CP) gen bölgesinin moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Ayrıca GMB CMV izolatlarının CP genlerine ait sekansların gen bankasına kaydı yapılarak NCBI'da ülkemiz orijinli kabakgil CMV izolatlarının olması sağlanmıştır. Genel olarak çalışma bölgesi kabakgil üretim alanlarında CMV enfeksiyon oranının düşük bulunmasına rağmen daha geniş kabakgil alanlarında gerçekleştirilecek CMV sörveyleri ile elde edilecek izolatların tüm genom bilgileri kullanılarak genetik çeşitliliğinin belirlenmesi gerektiği düşünülmektedir. Böylelikle ülkemiz kabakgil üretim alanlarında CMV izolatlarının moleküler olarak popülasyon yapıları ve coğrafi dinamikleri tam anlamıyla ortaya çıkarılabilecektir.

TEŞEKKÜR

Bu çalışma Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimince Desteklenmiştir. Proje Numarası: FBA-2019-2873.

KAYNAKLAR

- Altınay, N. 2017. Tekirdağ ilinde bazı kabakgil türlerinde virüs enfeksiyonlarının belirlenmesi. NKÜ. Fen Bil. Ens., Bitki Koruma ABD, Yüksek Lisans Tezi, 73 s.
- Belser, Ö. & S. Açıkgöz, 2005. Ege ve Marmara bölgelerindeki zeytin fidanlıkları ve ağaçlarında görülen bazı virüs hastalıklarının ELISA testi ile saptanması. Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi 2(1): 79-84.
- Buzkan, N., B.B. Arpacı, V. Simon, H. Fakhfakh & B. Moury, 2013. High prevalence of poleroviruses in field-grown pepper in Turkey and Tunisia. Archives of Virology, 158(4): 881-885.
- Clark, M.F. & A.N. Adams, 1977. Characteristics of the Microplate Method of Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay for the Detection of Plant Viruses. Journal of General Virology, 34(3): 475-483.
- Çağlar, B.K. 2006. Hıyar mozaik virüsü (CMV)'nün kavun (CMV-K), domates (CMV-D), biber (CMV-B) izolatlarının biyolojik, serolojik, moleküler yöntemlerle karakterizasyonu ve satellit RNA'lerin virüs üzerindeki etkisi. ÇU. Fen Bil. Ens., Bitki Koruma ABD, Doktora Tezi, 89 s.
- Ergün, M., S. Erkan & İ.C. Paylan, 2013. Cucumber mosaic virus in globe artichoke in Turkey. Canadian Journal of Plant Pathology, 35(4): 514-517.
- Erkan, S., M. Gümüş, İ.C. Paylan, İ. Duman & M. Ergün, 2013. İzmir ili ve çevresindeki bazı kışlık sebzelerde görülen viral etmenlerin saptanması. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 50(3): 311-322.
- Gümüş, M., S. Erkan & S. Tok, 2004. Bazı kabakgil türlerinin tohumlarındaki viral etmenlerin saptanması üzerinde araştırmalar. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 41(1): 49-56.
- Güneş, N. & M. Gümüş, 2019. Detection and characterization of tomato spotted wilt virus and cucumber mosaic virus on pepper growing areas in Antalya. Journal of Agricultural Sciences, 25(3): 259-271.
- Jacquemond, M. 2012. Cucumber mosaic virus. Advances in Virus Research, 84: 439-504.
- Karanfil, A., & S. Korkmaz, 2017. Çanakkale ili börülce üretim alanlarında hıyar mozaik virüsü (cucumber mosaic virus; CMV)'nün tespiti ve kılıf protein genine göre moleküler karakterizasyonu. Bitki Koruma Bülteni, 57(3): 293-304.
- Kaya, A., & S. Erkan, 2011. Detection and incidence of viruses in cucurbits grown in Izmir, Aydın, Manisa and Balıkesir provinces. Bitki Koruma Bülteni, 51(4): 387-405.
- Keçe, M.A. & M.A. Kameroğlu, 2016. Doğu Akdeniz Bölgesi'nde karpuz yetiştirilen alanlarda karpuz mozaik virüsü (WMV-2)'nün biyolojik, serolojik ve moleküler olarak belirlenmesi. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 13(3): 156-164.
- Kızmaz, M.Z., A. Sağır & S. Baloğlu, 2016. Diyarbakır ve Mardin illeri kabakgil üretim alanlarında görülen viral hastalıkların yaygınlıklarının ve etmenlerinin belirlenmesi. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 53(4): 397-406.
- Korkmaz, F., Ş. Topkaya & Y. Yanar, 2018. Tokat kabakgil üretim alanlarında enfeksiyon oluşturan virüslerin belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi, 7(2): 46-56.
- Köklü, G. & Ö. Yılmaz, 2006. Occurrence of cucurbit viruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey. Phytoprotection, 87(3): 123-130.
- Li, R., R. Mock, Q. Huang, J. Abad, J. Hartung & G. Kinard, 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.
- Muhire, B.M., A. Varsani & D.P. Martin, 2014. SDT: A virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. PLoS One, 9, 0108277.
- Ohshima, K., K. Matsumoto, R. Yasaka, M. Nishiyama, K. Soejima, S. Korkmaz, S.Y.W. Ho, A.J. Gibbs & M. Takeshita, 2016. Temporal analysis of reassortment and molecular evolution of cucumber mosaic virus: Extra clues from its segmented genome. Virology, 487, 188-197.
- Palukaitis, P. & F. Garcia-Arenal, 2003. Cucumoviruses. Advances in Virus Research, 62: 241-323.
- Palukaitis, P., M.J. Roossinck, R.G. Dietzgen & R.I. Francki, 1992. Cucumber mosaic virus. Advances in Virus Research, 41, 281-348.

- Price, W.C. 1934. Isolation and study of some yellow strains of cucumber mosaic virus. *Phytopathology*, 24, 743–761.
- Roossinck, M.J., L. Zhang & K.H. Hellwald, 1999. Rearrangements in the 5' nontranslated region and phylogenetic analyses of Cucumber mosaic virus RNA 3 indicate radial evolution of three subgroups. *Journal of Virology*, 73(8), 6752-6758.
- Sarı, S., 2015. Samsun ilinde yetiştirilen yazlık sebzelerde enfeksiyon oluşturan Cucumber mosaic virus (CMV) izolatlarının karakterizasyonu ve konukçu-simptom-satellit RNA ilişkilerinin araştırılması. OMÜ. Fen Bil. Ens., Bitki Koruma ABD, Yüksek Lisans Tezi, 89 s.
- Topkaya, S., C. Desbiez & F. Ertunc, 2019. Presence of cucurbit viruses in Ankara and Antalya province and molecular characterization of coat protein gene of zucchini yellow mosaic virus Turkish isolates. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(4): 2442-2449.
- Zitter, T.A. & J.F. Murphy, 2009. Cucumber mosaic. *Plant Health Instructor*, DOI: 10.1094. PHI-I-2009-0518-01.