TÜRKİYE SEBZE ÜRETİM ALANLARINDA YAYGIN VİRÜSLER



Editör:
Prof. Dr. Savaş KORKMAZ
Doç. Dr. Filiz RANDA-ZELYÜT

BİDGE Yayınları

BİDGE Yayınları

Türkiye Sebze Üretim Alanlarında Yaygın Virüsler

Editör: PROF. DR. SAVAŞ KORKMAZ VE DOÇ. DR. FİLİZ RANDA-ZELYÜT

ISBN: 978-625-8821-70-3

1. Baskı
Sayfa Düzeni: Gözde YÜCEL
Yayınlama Tarihi: 2026-07-20
BİDGE Yayınları

Bu eserin bütün hakları saklıdır. Kaynak gösterilerek tanıtım için yapılacak kısa alıntılar dışında yayıncının ve editörün yazılı izni olmaksızın hiçbir yolla çoğaltılamaz.

Sertifika No: 71374
Yayın hakları © BİDGE Yayınları
www.bidgeyayinlari.com.tr - bidgeyayinlari@gmail.com
Krc Bilişim Ticaret ve Organizasyon Ltd. Şti.
Güzeltepe Mahallesi Abidin Daver Sokak Sefer Apartmanı No: 7/9 Çankaya / Ankara

İÇİNDEKİLER

Ülkemizde Sebze Yetiştiriciliğinin Önemi 1
GAMZE KAYA

Begomovirus coheni (Tomato yellow leaf curl virus, TYLCV) .. 32
SELİN CEREN BALSAK

Cucumovirus CMV (Cucumber mosaic virus, CMV) 61
NEVİN AKDURA

Potyvirus rapae (Turnip mosaic virus, TuMV) 113
SAVAŞ KORKMAZ

Potyvirus phaseovulgaris (Bean common mosaic virus, BCMV) 163
ALİ ÇELİK, HANDAN ÇULAL KILIÇ

Potyvirus cucurbitaflavitesselati (Zucchini yellow mosaic virus, ZYMV) 183
ŞERİFE TOPKAYA

Polerovirus CABYV (Cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV) 206
SERKAN YEŞİL

Potyvirus Citrulli (Watermelon mosaic virus, WMV) 232
SERKAN ÖNDER

Potyvirus lactucae (Lettuce mosaic virus, LMV) 325
FİLİZ ERTUNÇ, FİLİZ RANDA-ZELYÜT

Crinivirus tomatichlorosis (Tomato chlorosis virus, ToCV) 345
NİHAN GÜNEŞ, BAYRAM ÇEVİK

Tobamovirus fructirugosum (Tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV) 381
ABDULLAH GÜLLER, MUSTAFA USTA

İÇİNDEKİLER

Tobamovirus tabaci (Tobacco mosaic virus, TMV) 423
HATİCE DİĞDEM OKSAL

Caulimovirus tessellobrassicae (Cauliflower mosaic virus; CaMV) 460
ALİ KARANFİL

Marul İri Damar Hastalığı 480
NEVİN AKDURA, MELİSA SEHER SÜNGÜLÜ, HANDAN ÇULAL KILIÇ

Orthotospovirus tomatomaculae (Tomato spotted wilt virus, TSWV) 502
SEVDİYE YORGANCI, YUNUS EMRE USLU

Potyvirus yituberosi (Potato virus Y, PVY) 546
ALİ FERHAN MORCA, SEVGİ COŞKAN

Bio-herbisit Olarak Virüsler 597
AHMET TANSEL SERİM

BÖLÜM 1

ÜLKEMİZDE SEBZE YETİŞTİRİCİLİĞİNİN ÖNEMİ

GAMZE KAYA[1]

Giriş

Sebzeler, taze, kurutulmuş, pişirilmiş veya çok farklı şekillerde insanların günlük beslenmelerinde kullanıldıkları için son derece önemlidir. Ayrıca, içerdikleri zengin vitaminler, mineraller ve lifler nedeniyle insanların sağlıklı beslenmesinde önemli rol oynamaktadır. Ancak, artan nüfus ve şehirleşme ile azalan tarım alanları sürdürülebilir gıda güvenliğinde sorunlara neden olarak sebze üretiminde baskılar oluşturmaktadır.

Sebzecilik sektörünün ülkemiz ekonomisine ve istihdamına çok büyük katkıları bulunmaktadır (Şeniz vd., 2005). Birim alandan elde edilen gelir açısından değerlendirildiğinde, tarla bitkilerine oranla daha yüksek ekonomik getiri sağlamaktadır. Sebzeler açık tarla koşullarına ek olarak alçak tünel, yüksek tünel ve sera gibi örtü altı yapılarında da yetiştirilmektedir. Ayrıca modern tarım tekniklerinin gelişmesiyle birlikte topraksız tarım teknikleri kullanılarak yıl boyunca sebze üretimine olanak sağlanmaktadır.

[1] Doç. Dr., Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Orcid: 0000-0002-9815-2672

Büyük ölçekli ticari sebze üretim işletmelerinin yanı sıra küçük aile işletmelerinde ailenin tüm fertleri üretim sürecinde yer alabilmektedir. Düşük gelir seviyesine sahip küçük aile işletmeleri kendilerine yetecek kadar ürünü üretirken, yüksek getirileri nedeniyle de gelir kaynağı sağlamaktadır.

Sebzeler dünya çapında yaklaşık 200 ülkede yetiştirilmekte olup, dünyanın birçok bölgesinde insanların beslenme düzeninin önemli bir kısmını oluşturmaktadır. Sebze olarak değerlendirilen yaklaşık 10.000 bitki türü bulunmakta ve bunlardan 50 bitki türü ticari açıdan önem arz etmektedir (Kaya, 2025). Dünya nüfusu, kentleşme oranları ve sağlıklı beslenme bilincindeki artış sebze üretimi ve tüketiminin önemini daha da artırmaktadır. Dünyada üretimi yapılan bitki grupları Tablo 1'de verilmiştir.

Tablo 1. Dünyada tarımsal ürün grupların üretim miktarları

Sıra	Tarımsal Ürün	Üretim Miktarı (Ton)
1	Tahıllar	3.133.222.741
2	Şeker Bitkileri	2.234.297.780
3	**Sebzeler**	**1.182.101.393**
4	Meyveler	953.826.807
5	Kök ve Yumru Bitkileri	944.095.845
6	Yağlı Tohumlar	726.479.132
7	Turunçgiller	165.627.078
8	Baklagiller	97.073.210
9	Lif Bitkileri	32.273.052
10	Sert Kabuklular	18.402.193
	Toplam	9.487.399.231

Kaynak: FAO, 2026.

Tarımsal üretimin stratejik ve katma değeri yüksek kollarından biri olan sebzeler, gıda güvenliğini sağlamayı ve sürdürülebilir bir ekosistem oluşturmayı amaçlamaktadır. Dünya genelinde 9,48 milyar tonluk toplam tarımsal üretim arasında ilk sırayı yaklaşık olarak %33'lük bir pay ile tahıllar alırken, ikinci sırayı %24 ile şeker bitkileri, üçüncü sırayı ise %12'lik pay ile sebzeler üçüncü sırada yer almaktadır (FAO, 2026). Tarımsal üretimin ve insan beslenmesinin en temel alanlarından biri olan sebze üretimi sırasıyla meyvelerin (%10), kök ve yumru bitkilerin (%10), yağlı tohumların (%7), turunçgillerin (%1), baklagillerin (%1) ve lif bitkilerinin (%0,34) önünde yer almaktadır (Tablo 1).

Üretim bakımından dünyada 3. sırada bulunan sebze türleri de kullanılan kısımlarına göre 9 grup altında (Şekil 1) toplanmaktadır (Ağaoğlu vd., 2010).

Bu gruplandırmaya göre üretim miktarı bakımından en çok üretilen sebzeler sıralandığında, ilk sırada meyvesi yenen sebzeler, ikinci sırada kök, yumru ve soğanları yenen sebzeler, üçüncü sırada yaprakları yenen sebzeler, dördüncü sırada kuru veya taze tohumları yenen sebzeler ile beşinci sırada çiçek veya çiçek tablası yenen sebzeler gelmektedir (Şekil 1).

Kullanıldıkları bitki kısımlarına göre sınıflandırılan sebzeler aynı zamanda çok farklı familyalara ait bitki türlerinden oluşmaktadır. Bu nedenle her sebze türünün farklı ekolojik istekleri, ekim, dikim, bakım, hasat, depolama ve muhafaza gibi özel uzmanlık gerektiren uygulamaları mevcuttur. Bu sayede her agroekolojik bölgeye adapte olabilen farklı sebze türleri bulunabilmektedir.

Şekil 1. Kullanılan kısımlarına göre sebze grupları



Kaynak: Ağaoğlu vd., 2010.

Son yıllarda tüm dünyada yaşanan iklim değişikliği, su kaynaklarının azalması, yağışların düzensiz gerçekleşmesi, üretimde girdi maliyetlerinin artması, tarım işletmelerinin küçük ve parçalı yapısı, hastalık ve zararlılar gibi biyotik ve abiyotik stres faktörleri ile pazarlamada yaşanan problemler sebze üretimini olumsuz etkilemiştir. Bu çalışmanın amacı sebzelerin insan sağlığı, kırsal

kalkınma ve gıda güvenliği vb. açılardan önemini vurgulamak, Türkiye'de sebze yetiştiriciliğinin mevcut durumunu ve potansiyelini ortaya koymak, sektörde karşılaşılan temel sorunları incelemek ve sürdürülebilir bir üretime yönelik çözüm önerileri sunmaktır.

Sebzelerin Beslenmedeki Yeri ve Önemi

Geçmişten günümüze kadar bitkiler ile tıp ve sağlık arasında kadim bir bağlantı bulunmaktadır. İnsanlar sebze ve diğer bitkileri binlerce yıl önce kültüre almaya başlamışlardır. Mısır, Roma ve Yunan medeniyetlerinden beri sebzeler hastalıkları önlemek veya tedavi etmek amacıyla kullanılmışlardır. Örneğin, domates sinir ve kan sağlığının korunmasında, göz hastalıklarının ve bazı cilt rahatsızlıklarının tedavi edilmesinde (Sesso ve ark., 2004), soğan ve sarımsak ise sindirim rahatsızlıklarında, bağırsak hareketlerini düzenlemek için kullanılmıştır (Lawson, 1996). Fitokimyasallar gibi biyoaktif bileşiklerin varlığı sebzelere tıbbi değerler kazandırmaktadır. Sebzelerde bulunan fitokimyasallar arasında karotenoidler, fenolik bileşikler (flavonoidler, fitoöstrojenler, fenolik asitler), fitosteroller ve fitostanoller, tokotrienoller, organik kükürt bileşikleri (Allium bileşikleri ve glukozinolatlar) ve sindirilemeyen karbonhidratlar (diyet lifi ve prebiyotikler) bulunmaktadır. Bu fitokimyasallar antioksidan, antibakteriyel bileşik, enzim uyarıcı vb. olarak işlev görürler. Sağlığı iyileştirmesinin yanında, bağışıklığı düzenlemekte ve böylece gastrointestinal bozuklukları, kardiyovasküler hastalıkları, kanseri, diyabeti ve diğer kronik hastalıkları önlemeye ve tedavi etmeye yardımcı olmaktadır (Park vd., 2007). Örneğin, *Allium* türleri, domates, kabakgiller, havuç, marul, tatlı patates, yer elması ve fasulye gibi sebzeler iyi birer biyoaktif bileşik kaynağıdır. Son yıllarda hem gelişmekte olan hem de gelişmiş ülkelerde bitki bazlı sağlık ürünlerinin kullanımında önemli miktarda bir artış olmuş ve bu da küresel olarak sebze ürünlerinin katlanarak artmasına neden olmuştur (Poobalan, 2019).

Özellikle yaprağı tüketilen yeşil yapraklı sebzeler zengin antioksidan içerikleri nedeniyle serbest radikallerin yol açtığı hücresel hasarların azaltılmasında önemli rol oynamaktadır. Dengesiz beslenme düzenlerinde sebze tüketiminin yetersiz olmasının, dünya genelinde kalp hastalıklarına ve felç vakalarına neden olduğu tahmin edilmektedir (Silva-Dias, 2010). Lif kaynağı olarak değerlendirilmesi (Suhrcke vd., 2006; Slavin & Llyod, 2012), yüksek vitamin ve az kaloriye sahip olması, dengeli ve sağlıklı beslenmede insan sağlığını koruması gibi nedenlerle sebzelerin üretiminin ve tüketiminin artırılması yalnızca tarımsal üretim açısından değil, halk sağlığı açısından da büyük önem taşımaktadır.

Sebzeler, düşük yağ içermeleri ve kalorili olmaları ve yüksek miktarda vitamin ve mineral içermeleri nedeniyle koruyucu gıdalar olarak kabul edilmektedir (Günay, 1992; Vural vd., 2000). Özellikle vitamin (A, B1, B6, B9, C, E), folik asit, potasyum, kalsiyum, demir gibi birçok besin elementi, mineral, diyet lifi ve fitokimyasalların kaynağı olarak insan beslenmesinde önemli bir rol oynamaktadır (Wargovich, 2000; Liua vd., 2001; Pallazola vd., 2019). Tüm yeşil-sarı-turuncu sebzeler kalsiyum, magnezyum, potasyum, demir ve beta-karoten açısından da zengindir. Ayrıca sebzeler birçok antioksidanı da içermektedir. Sağlığa faydalı bu fitokimyasal bileşikler, insan vücudunu oksidatif strese, hastalıklara ve kansere karşı korumakta, bağışıklığı güçlendirerek vücudun bunlarla mücadele etme kapasitesini geliştirmektedir. Ayrıca sebzeler, selüloz, müsilaj, hemiselüloz, sakızlar ve pektin gibi nişasta içermeyen polisakkaritler (NSP) olarak bilinen hem çözünür hem de çözünmez diyet lifi bulundururlar. Bu maddeler bağırsaklardaki fazla suyu emmekte, dışkıdaki nemi iyi bir oranda tutarak vücuttan sorunsuz bir şekilde atılmasına yardımcı olmaktadır (Slavin & Llyod, 2012).

Toprak altında yetişen kök, soğan veya yumru sebzeleri ise temel besin maddeleri açısından zengin olduğu ve çeşitli sağlık

yararları sağladığı bildirilmektedir (Günay, 1992). Kök sebzeler bütün olarak veya parçalanarak kullanılabilmekte, çiğ veya işlenmiş olarak tüketilmektedir. Çok çeşitli biyoaktif fitokimyasal içermeleri nedeniyle tıbbi ve besleyici özelliklere sahiptirler. Kök sebzelerin farmakolojik etkilerini ortaya çıkarmak için bazı araştırmalar yapılmış olsa da, potansiyelleri henüz tam olarak değerlendirilmemiştir. Glukosinolatlar, izotiyosiyanatlar, fenolik bileşikler, flavonoidler, organik asitler vb. dahil olmak üzere kök sebzelerde bulunan çok sayıda biyoaktif elementin çeşitli sağlık yararları sağlayan etkilere, bulaşıcı olmayan hastalık riskinin azalmasına ve yaşa bağlı rahatsızlıkların başlangıcının gecikmesine katkıda bulunduğu belirtilmektedir (Siddiqui vd., 2022).

Ülkemizde Sebze Yetiştiriciliği ve Önemi

Ülkemiz iklim çeşitliliği ve coğrafi avantajları sayesinde sebze üretiminde dünya ölçeğinde Çin ve Hindistan'dan sonra 3. sırada yer alan önemli ülkelerden biridir. Dünya sıralamasında domates, biber, hıyar, patlıcan, karpuz, kavun, hıyar ve fasulye gibi birçok sebze türünün üretiminde önemli bir yerimiz bulunmaktadır. Ülkemiz sahip olduğu coğrafi konumu ve farklı agroekolojik bölgeleri sayesinde birçok farklı sebze türünün yetiştiriciliği açısından önemli avantajlara sahiptir. Her mevsimde ve neredeyse her bölgede sebze üretimi yapılabilmektedir. Ancak bu ürünlerin üretiminde belirli bölgelerin payı daha fazladır (Akbay vd., 2005). Ülkemiz sebze yetiştiriciliği açısından Orta Kuzey, Ege, Marmara, Akdeniz, Kuzeydoğu, Güneydoğu, Karadeniz, Orta Doğu ve Orta Güney gibi farklı ekolojik bölgelere ayrılmaktadır. Özellikle Antalya, İçel, Adana ve Hatay illerinin yer aldığı Akdeniz Bölgesi'nde yoğunlaşan örtü altı yetiştiricilik sistemleri sayesinde iç pazar ihtiyacının büyük bir kısmı karşılanmakta, ayrıca önemli miktarda ihracat da yapılmaktadır. Türkiye 1,9 milyon ton ile en çok sebze ihracatı yapan ülkeler arasında 8. sırada yer almaktadır (FAO, 2026).

Sebze yetiştiriciliği insan beslenmesi ve sağlığından ekonomik ve kırsal kalkınmaya, istihdamdan çevresel sürdürülebilirliğe kadar çok yönlü etkileri bulunan stratejik bir tarımsal faaliyet alanıdır. Sebzelerin ilaç, besin takviyesi, baharat, salça, kurutmalık, konservelik, dondurulmuş, püre, sebze suları, turşu, sofra süsleme, garnitür ve taze tüketim olmak üzere birçok kullanım alanı olması nedeniyle tarıma dayalı sanayileşme üzerinde de çok büyük bir rolü bulunmaktadır. Ayrıca, ilaç endüstrisi tıbbi özelliklere sahip çeşitli sağlık destekleyici bitkisel formülasyonlar geliştirmeye devam etmektedir. Gıda endüstrisi ise besin değerlerini korumak ve işleme sırasında fitokimyasalların bozulmasını önlemek veya gıda ürünlerine değer katmak için yeni işleme teknolojileri kullanmaktadır.

Sebzecilik, tarımsal üretim kolları arasında yüksek katma değere sahip temel yetiştiricilik alanlarından biridir. Türkiye'de ve dünyada sebzecilik sektörü birçok alt sektörle ilişkilidir. Bunlar, sebze tohumculuğu, fide üretimi, gübre ve ilaç sektörü, tarım alet ve makinaları sanayi, işleme ve paketleme tesisleri, muhafaza ve soğuk hava depoları, taşıma ve lojistik hizmetleri ile gıda sanayi gibi ekonomiye geniş ölçüde katkıda bulunan sektörlerdir.

Ülkemizde en çok üretimi yapılan sebzelerden olan domates ve biber, özellikle salça sanayisinin hammaddesini; bezelye, hıyar, tatlı mısır ve fasulye gibi sebzeler ise konserve sanayinin büyük bir bölümünü oluşturmaktadır. Ispanak, brokoli, domates, biber, fasulye ve soğan gibi birçok sebze türü dondurulmuş olarak da değerlendirilmektedir. Kurutulmuş, baharat, sos, kuruyemiş ve daha birçok farklı tüketim alanı bulunan sebzeler, çok farklı sanayi kollarına hammadde kaynağı sağlamaktadır (Gürbüzer, 2008; Güvenç, 2019). Ayrıca insanların kaliteli ve güvenli gıdaya sürekli erişebilmeleri açısından gıda güvenliği konusu stratejik öneme sahiptir. Farklı agroekolojik bölgelere sahip olması nedeniyle ülkemizde yıl boyu yazlık ve kışlık sebze türlerinin üretimi

yapılabilmektedir. Açıkta ve örtü altında üretimi yapılan sebze türlerine özellikle modern seraların ve topraksız tarım tekniklerinin de gelişmesiyle mevsimi dışında da erişim sağlanmaktadır. Dolayısıyla toplumun sebze ihtiyacı yıl boyu kesintisiz karşılanabilmektedir. Bununla birlikte, işlenmiş ve tüketime hazır paketli sebze ürünlerine (salata, doğranmış, ayıklanmış, yıkanmış vb.) olan talebin artması katma değeri yüksek olan ürünlerin üretilmesi sayesinde uzun süre muhafazasını sağlayarak sebzelerin yıl boyu tüketilmesine önemli katkılar sağlamaktadır.

Sebzelerin çoğunlukla generatif olarak çoğaltıldıkları için kaliteli tohumluk üretimi son derece önemlidir. Tohumculuk sektörü içerisinde sebzelerin farklı bir yeri ve önemi vardır. 2025 yılında ülkemizde 3.255 ton sebze tohumluk üretimi yapılmıştır (Anonim, 2026). Bu üretimin de neredeyse tamamı özel sektör tohumculuk firmaları tarafından gerçekleştirilmiştir. Aynı yıl içerisinde 522 ton ihracat yapılmış ve karşılığında yaklaşık olarak 57 milyon dolar gelir elde edilmiştir. Bununla birlikte, üretilen yüksek kalitede tohumluk üretimi ve tohumların kalitesini bozmadan koruyabilmeleri açısından uygun koşullarda muhafaza edilmeleri gerekmektedir. Sebze tohumları üretildikleri sezonu takiben hemen ekilmeyecekse ya da elde kalan tohumların bir sonraki ekim sezonuna kadar bekletilmesi durumunda uygun paketleme ve muhafaza koşullarında saklanmaları gerekmektedir (Kaya, 2024). Bu durum tohumculuk sektörünün hem üretim hem de hasat sonrası teknolojileri ile sebzecilik açısından birbirinden ayrılamaz bir bütün olduğunu göstermektedir.

Kaliteli ve sağlıklı sebze üretiminin en temel bileşenini tohum oluşturmakta ve bunu sağlıklı fide ve bitki üretimi takip etmektedir (Şehirali, 1997; Kaya, 2024). Gerek örtüaltı gerekse açıkta üretimde doğrudan tohum ile üretim yerine fide ile üretim tercih edilmektedir. Bu nedenle ülkemizin hemen her bölgesinde gelişmiş fide üretim tesisleri bulunmaktadır. Ülkemizde küçük çapta

yetiştiricilik yapan çiftçiler fidelerini kendi koşullarında geleneksel yöntemlerle fide yastıklarında, viyollerde, alçak plastik tünellerde, ısıtmasız seralarda çıplak köklü ya da plastik saksı ve torbalarda üretmektedir. Ancak büyük çaplı işletmelerde ise sağlıklı ve birörnek bitki elde etmek, çeşit karışıklığını önlemek, hastalık ve zararlıların oluşturduğu sorunları en aza indirebilmek, erkencilik sağlamak, tohumdan tasarruf etmek gibi çeşitli nedenlerle hazır sebze fidesine olan talep giderek artmaktadır. Ayrıca çeşitli stres faktörlerine ve hastalık etmenlerine dayanıklı bitkiler elde etmek amacıyla da dayanıklı anaçlar üzerine aşılı sebze fideleri tercih edilmektedir.

Ülkemizde yetiştirilen sebzelerin ihracatı da ekonomiye önemli miktarda gelir sağlamaktadır. Türkiye'de iç pazar talebini karşılayan sebzeler ihracatımıza önemli bir katkıları bulunmaktadır (Ataseven & Güneş, 2008). Tablo 2'de görüldüğü gibi, dünyada sebze ihracatı yapan ülkeler arasında Türkiye 1,9 milyon ton ihracat ile 8. sırada yer almaktadır (FAO, 2026). Özellikle uygun iklim koşulları, ürün çeşitliliği ve coğrafi konumu sayesinde sebze ihracatında ciddi bir potansiyele sahiptir.

Tablo 2. Dünya sebze ihracatında önemli ülkeler ve ihracat miktarları

Sıra	Ülkeler	İhracat Miktarı (Ton)
1	Çin	13.255.612
2	Meksika	9.109.626
3	İspanya	7.458.981
4	Hollanda	6.924.243
5	İtalya	3.981.582
6	Amerika Birleşik Devletleri	3.247.876
7	Belçika	2.381.729
8	**Türkiye**	**1.921.185**
9	Hindistan	1.893.568

Kaynak: FAO, 2026.

Dünya sebze ihracatında özellikle yüksek üretim kapasitesine, uygun ekolojik koşullara, düşük girdi ve işçilik maliyetine, güçlü ulaşım ve lojistik altyapısına sahip ülkeler büyük rol oynamaktadır. Modern tarım teknolojileri yanında küresel pazarlara erişim kolaylığı da kaliteli ürün yetiştiriciliği ve dolayısıyla bu ürünlerin hızlı bir şekilde ulaştırılmasını sağlaması bakımından sebze ihracatının başarısını önemli ölçüde etkilemektedir. 13,2 milyon ton ile Çin dünya sebze ihracatında ilk sırada yer almakta ve bunu sırasıyla Meksika, İspanya ve Hollanda takip etmektedir (Tablo 2).

Sebze yetiştiriciliği toprak hazırlığından tohum ekimine veya fide dikimine, sulama, budama, çapalama gibi bakım iş ve işlemlerinden hasada kadar yoğun iş ve işçilik gerektirmektedir. Bunlara hasat sonrası temizlik, ayıklama, sınıflandırma ve paketleme işlemleri de eklendiğinde, oldukça zahmetli, yoğun iş gücü ve mesai gerektiren bir sektör olduğu ortaya çıkmaktadır. Dolayısıyla sebzecilikte yoğun işgücüne olan gereksinim, özellikle küçük aile işletmelerinin gelir seviyelerinin yükselmesine, tarımla uğraşan nüfusun üretimde kalarak kentlere olan göçün önlenmesine, kadın istihdamının artırılmasına, mevsimsel işgücü olanaklarının gelişmesine ve kırsal kesimde işsizliğin azalmasına katkıda bulunmaktadır. Ayrıca sebzecilikle bağlantılı olan gıda, tohum, fide, ilaç, tarım alet ve makineleri gibi birçok tarıma dayalı sanayi için de istihdam kaynağı oluşturmaktadır. Kırsal alanda küçük ölçekli sebze işletmelerinin kooperatifleşme ve üretici birlikleri yoluyla ürünlerini pazarlama olanaklarının artırılması üreticilere önemli avantajlar sağlamaktadır. Bu nedenlerle sebzecilik sektörü istihdam ve kırsal kalkınma üzerinde büyük bir paya sahiptir.

Modern tarım teknolojilerinin gelişmesi, yapay zekâ uygulamalarının tarımda kullanılması, dijitalleşme ve hassas tarım teknolojileri sayesinde daha sürdürülebilir ve çevre dostu yetiştiricilik söz konusudur. Günümüzde klasik yetiştirme teknikleri her ne kadar devam etse de, modern sürdürülebilir tarım uygulamaları, teknik bilgiye erişimin kolaylaşması, eğitim çalışmalarının yaygınlaşması, sebzelerin sağlık üzerindeki önemi, çevre ve toprak kirliliği konusunda bilincin ve hassasiyetin de artmasıyla organik tarım, iyi tarım uygulamaları, biyolojik mücadele yöntemleri gibi çevre dostu üretim sistemlerinin kullanımı yaygınlaşmaktadır. Ayrıca, biyolojik çeşitlilik üzerine ekolojinin de etkisi büyüktür.

Sebze yetiştiriciliğinde kullanılan bitki rotasyonu uygulaması ile aynı parselde üst üste aynı bitki türüne ait sebzeler yetiştirilmediğinden toprak yorgunluğu engellenmekte, toprak verimliliği korunmakta, toprağın organik madde miktarı ve su tutma kapasitesi artırılmakta, aynı türe ait hastalık ve zararlılar azalmakta, gereksiz ilaç ve gübre kullanımı engellenerek kimyasal girdi maliyeti azaltılmaktadır. Ülkemizde kullanılan gübre miktarı Avrupa ülkelerinde kullanılan miktarın oldukça altında olmasına rağmen, sebze tarımında gübre kullanım oranı diğer bitki gruplarına göre daha yüksektir ve bu durum gereksiz gübre tüketimini artırmaktadır (Abak, 2010).

Organik tarım, iyi tarım uygulamaları, biyolojik mücadele, hassas tarım teknikleri ve bu konudaki mevzuatlar ekolojik dengenin korunarak, organik tarımsal faaliyetlerin yürütülmesini, organik tarımsal üretimin ve pazarlamanın düzenlenmesini, geliştirilmesini ve yaygınlaştırılmasını esas almaktadır. Dolayısıyla organik sebze üretimi ve iyi tarım uygulamaları sayesinde bitki ve toprakta kalıntı yapan ve insan sağlığı üzerine olumsuz etkileri olan yanlış ve aşırı dozda pestisit kullanımının önüne geçilmektedir. Bu iyi tarım uygulamalarında kimyasal girdi kullanımı söz konusu olmadığından,

insan ve çevre sağlığına zararsız uygulamalar olduğu belirtilmiştir (Eryılmaz Aydın ve Kılıç, 2018). Ayrıca küresel anlamda yaşanan kuraklığın etkisiyle su kaynakları giderek azalmaktadır. Sebze üretiminde basınçlı ve damla sulama sistemlerinin kullanılması sayesinde sınırlı ve kontrollü su tüketimi sağlanarak su kaynakları korunmakta ve su kullanım etkinliği artırılmaktadır (Ebert, 2020).

Türkiye'de Sebze Yetiştiriciliğinin Mevcut Durumu

Tarımsal üretimin katma değeri en yüksek dallarından biri olan sebze yetiştiriciliği dinamik bir yapıdır ve sürekli gelişim içerisindedir. Ülkemizin 1961-2025 yılları arasında sebze ekiliş, üretim ve verim değerleri Tablo 3'te verilmiştir.

Tablo 3. Türkiye'de sebze üretiminin 1961-2024 yılları arasındaki değişim

Yıllar	Ekiliş alanı (da)	Üretim miktarı (ton)	Verim (kg/da)
1961	3.187.100	3.785.315	1.188*
1981	5.705.290	8.836.520	1.549*
2001	6.902.820	18.296.062	2.651*
2014	8.453.110	28.487.476	3.370
2015	8.485.429	29.552.290	3.482
2016	8.474.592	30.266.897	3.571
2017	8.396.392	30.869.967	3.676
2018	8.206.680	30.032.827	3.659
2019	8.278.709	31.089.644	3.755
2020	8.217.586	31.177.124	3.794
2021	8.165.866	31.753.466	3.888
2022	7.789.447	31.589.309	4.055
2023	7.725.444	31.787.928	4.114
2024	8.035.874	33.572.553	4.177
2025	8.222.778	33.299.407	4.049

*Kaynak: TÜİK, 2026. *: FAO, 2026.*

Ülkemizin 1961 yılında 3,2 milyon dekar olan sebze üretim alanı 2025 yılında 8,2 milyon dekara yükselmiştir. Bu dönemde verim yaklaşık 4 kat artmıştır (Tablo 3). Üretim miktarları incelendiğinde, 10 kat artış gerçekleşmiş ve son 10 yıl içerisinde bile 3,7 milyon ton artmıştır. Üretimdeki bu artış yeni geliştirilen yüksek verimli çeşitlerin yanında modern tarım tekniklerinin yaygınlaşması ve erişilebilir olması sayesinde gerçekleşmiştir.

Türkiye'de en çok üretimi yapılan sebze türlerinin başında domates gelmektedir. Son beş yıllık değerler incelendiğinde, domates üretim miktarı yaklaşık 13 milyon ton olarak gerçekleşmiştir. Karpuz ise yaklaşık olarak 3,3 milyon ton ile ikinci sırada yer almaktadır. Ülkemizin önemli türlerinden biri olan biber ise salçalık-kapya, dolmalık, sivri ve çarliston olmak üzere toplamda 3,2 milyon ton üretim hacmine sahiptir. Türkiye'nin kavun üretimi ise son beş yıl içerisinde giderek azalmış ve 2025 yılı verilerine göre 1.428 bin ton olarak gerçekleşmiştir. Aynı şekilde hıyar üretimi de önceki yıllara göre azalma eğilimi göstermiştir. Kabak üretimi incelendiğinde; sakız, balkabağı ve çerezlik kabağın toplam üretim miktarı 2023 yılından itibaren artış göstererek 771 bin tona ulaşmıştır. 2025 yılı verileri değerlendirildiğinde meyvesi yenen sebzeler grubu ürünlerinden bamyada %10, kuru soğanda %9,8, karpuzda %6,7, patlıcanda %6,2 ve kabakta %4 oranında üretim artışı yaşanırken, domateste %7,6, kavunda %3,4, hıyarda %1,9 ve biberde %1,2 oranında üretim azalışı gerçekleşmiştir (Tablo 4). Bu dalgalanmalar çoğunlukla ürünlerin bir önceki yılın pazar fiyatı koşullarına göre değişmiştir.

Yumruları, kökleri, soğan ve sürgünleri yenen sebzeler grubunda ise 2,6 milyon ton ile kuru soğan üretim miktarı açısından ilk sırada yer almaktadır. Bu grupta yer alan diğer bazı sebze türleri ise tatlı patates, turp, havuç, pancar, sarımsak ve kerevizdir. Soğan ve sürgünleri yenen sebzeler grubunda yer alan soğan ülkemiz için stratejik bir öneme sahipken, havuç, kereviz, turp ve sarımsak gibi

sebzeler taze tüketim ve işleme sanayisi için önemli bir yer tutmaktadır. Sarımsak iç tüketim ve ihracat bakımından, kereviz ise aromatik yapısı bakımından öne çıkan ürünler arasında yer almaktadır. Bu gruptaki sebzelerden soğan Ankara, Amasya, Çorum, Eskişehir ve Adana, sarımsak Kastamonu, Gaziantep ve Kahramanmaraş, havuç Konya, Ankara ve Hatay, turp Hatay, Adana ve Mersin, kereviz Bursa, Sakarya ve İzmir, pancar Konya, Ankara ve Nevşehir illerinde yaygın olarak üretilmektedir. 2025 yılında bir önceki yıla göre bu gruba giren sebzelerin üretiminde taze soğan %22,4, kuru soğan %9,7, sarımsak %7,6 ve havuç %0,6 oranında artış gerçekleşirken, turpta %7,5 azalmıştır (Tablo 4).

Tablo 4. Sebze üretiminde bazı türlerin 2021-2025 yılları arasın üretim miktarındaki (ton) değişim

Türler	2021	2022	2023	2024	2025
Meyvesi yenen sebzeler	**24.821.080**	**24.525.843**	**24.377.163**	**26.062.046**	**25.115.051**
Domates	13.095.258	13.030.484	13.300.000	14.617.000	13.500.000
Biber	3.091.295	3.018.775	3.081.010	3.428.038	3.384.500
Patlıcan	832.938	781.242	817.591	827.004	878.830
Karpuz	3.468.717	3.394.783	3.147.921	3.198.000	3.411.915
Kavun	1.638.638	1.587.230	1.403.214	1.479.000	1.428.252
Hıyar	1.890.160	1.938.545	1.871.712	1.742.900	1.708.700
Kabak	771.651	744.300	726.595	741.952	771.854
Bamya	32.423	30.484	29.120	28.152	31.000
Kuru veya taze tohumları yenen sebzeler	**753.799**	**768.936**	**768.028**	**757.636**	**714.297**
Taze fasulye	510.366	519.713	505.203	507.061	464.850
Taze barbunya	76.245	75.961	70.021	67.374	63.810
Taze bezelye	111.625	120.455	147.344	138.687	143.105
Diğer baklagil sebzeleri	55.563	52.807	45.460	44.514	42.532
Çiçek veya çiçek tablası yenen sebzeler	**379.445**	**387.464**	**404.039**	**431.291**	**547.639**
Karnabahar	234.717	239.857	251.484	261.452	332.900
Brokoli	104.614	106.792	116.082	131.762	173.487

Enginar	40.114	40.815	36.473	38.077	41.252
Kök, yumru veya soğanları yenen sebzeler	**3.578.051**	**3.592.335**	**3.818.182**	**3.938.792**	**4.222.537**
Kuru soğan	2.500.000	2.350.000	2.600.000	2.632.000	2.889.931
Taze soğan	126.185	124.631	115.702	108.184	132.430
Havuç	590.483	788.578	777.908	892.155	897.838
Turp	228.766	188.662	182.405	181.453	167.754
Kuru sarımsak	132.617	140.464	142.167	125.000	134.584
Yaprakları yenen sebzeler	**1.364.462**	**1.466.449**	**1.515.296**	**1.508.779**	**1.797.733**
Lahana beyaz	597.810	666.959	695.472	660.357	634.900
Salata-marul	540.569	561.990	577.773	602.848	897.800
Ispanak	218.355	230.071	232.699	237.216	256.809
Pazı	7.728	7.429	9.352	8.358	8.224
Diğer sebzeler	**856.629**	**848.282**	**905.220**	**874.009**	**902.150**
Toplam	**31.753.466**	**31.589.309**	**31.787.928**	**33.572.553**	**33.299.407**

Kaynak: TÜİK, 2026.

Yaprağı yenen sebzeler arasında üretim miktarı bakımından en yüksek paya sahip tür lahanadır. 2025 yılı verilerine göre marul ve salata grubu sebzelerin üretimi son beş yılda düzenli olarak artış göstermiş ve 897 bin ton ile ilk sırada yer almıştır (Tablo 4). Yaprağı yenen sebzelerin üretimindeki bu artış üretim tekniklerindeki gelişmeler ve tarımsal üretim planlamasıyla yakından ilişkilidir.

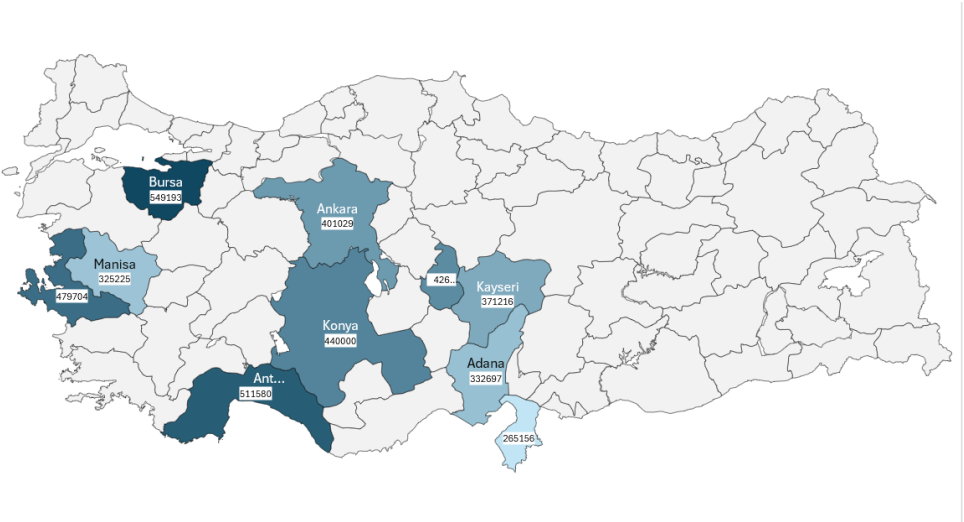
Kuru veya taze tohumları yenen sebzeler baklagil grubu sebzeleri içermektedir. Taze fasulye, taze barbunya, taze bezelye, taze börülce ve taze bakla bu gruba giren sebzelerdendir. Taze fasulye üretimi son beş yıllık dönemde azalarak 2025 yılında 464 bin tona gerilemiştir. Aynı şekilde taze barbunya üretimi ise bir önceki yıla göre %5,3 oranında azalmıştır. Bu gruba giren sebzelerden taze bezelye ise 2021 yılından itibaren kademeli bir şekilde artarak 2025 yılında bir önceki yıla göre %5,3 oranında üretim artışı gerçekleşmiştir (Tablo 4).

Çiçek veya çiçek tablası yenen sebzeler Türkiye'de özellikle serin iklim sebzeciliğinde önemli bir üretim grubunu oluşturmaktadır. Özellikle karnabahar, brokoli ve enginar, içerdikleri yüksek besin değeri, yüksek tüketici talebi ve ihracat potansiyeli nedeniyle sürdürülebilir sebze üretiminde önemli ürünlerdir. Bu grupta değerlendirilen sebzelerden üretim miktarı bakımından karnabahar ilk sırada yer almaktadır ve 2021 yılından günümüze kadar geçen son beş yıl içerisinde düzenli olarak artış göstermiştir. İkinci sırada yer alan brokolide ise 173 bin ton üretim ile 2025 yılında bir önceki yıla göre %31,6 oranında artış gerçekleşmiştir. Enginar üretimi daha düşük seviyede olmakla birlikte, 2021 yılı ile karşılaştırıldığında 2025 yılında %2,8'lik bir artış gerçekleşmiştir (Tablo 4).

Sebze üretimi bölgeler bazında değerlendirildiğinde ise Akdeniz Bölgesi ilk sırada yer almaktadır. Ekolojik avantajları nedeniyle kış aylarında da sebze yetiştiriciliği için uygun konumdadır. Antalya, Mersin, Adana ve Hatay hem açıkta hem örtü altında yetiştiriciliğin yoğun olarak yürütüldüğü illerdir. Bu illeri Gaziantep ve Kahramanmaraş takip etmektedir. Karpuz, kavun, domates, biber, patlıcan, sakız kabağı, hıyar, fasulye ve bezelye yetiştiriciliği yapılan önemli sebze türleri arasında yer almaktadır. İzmir, Manisa, Muğla ve Aydın illerini içine alan Ege Bölgesi'nde yazlık türler ağırlıkta olmakla birlikte domates, biber, patlıcan, kavun, karpuz, enginar ile özellikle konservelik fasulye ve bezelye üretimi gerçekleştirilmektedir. Marmara Bölgesi'nde Bursa, Kocaeli, Sakarya ve Edirne; Karadeniz Bölgesi'nde ise Samsun ve Ordu önemli sebze üretim merkezleri arasında bulunmaktadır.

Türkiye'de 2025 yılında toplam 8.222.778 dekar alanda sebze üretimi gerçekleşmiştir. En fazla sebze ekimi yapılan 10 ilin ülkemiz haritasındaki yerleri Şekil 2'de gösterilmiştir. Buna göre Bursa, Antalya, İzmir, Konya ve Nevşehir en fazla ekim alanı olan iller olmuştur.

Şekil 2. Ülkemizde en fazla sebze üretimi yapılan iller



Kaynak: TÜİK, 2026.

Sebzeciliğin yoğun olarak yapıldığı iller içerisinde en çok ekimi yapılan ürünler Bursa ve İzmir illerinde salçalık domates, Antalya ilinde sofralık domates, Konya ve Nevşehir illerinde ise çerezlik kabak olarak gerçekleşmiştir.

Ülkemiz ürün çeşitliliği bakımından oldukça zengin bir potansiyele sahiptir. Üretim faaliyetleri açıkta ve örtü altında olmak üzere doğrudan tohum ekimi ya da fide dikimi şeklinde yürütülmektedir. Özellikle teknolojinin tarımda kullanımının yaygınlaşması, örtü altı yapıları ve modern sera işletmelerinde artışa neden olmaktadır. Bu durum sebze üretim miktarlarının artmasına ve yıl boyu ürün talebinin karşılanmasına olanak sağlamaktadır. Ülkemizde en fazla üretimi yapılan sebze türleri ve üretim miktarları Tablo 6'da özetlenmiştir.

Tablo 6. Türkiye'de en fazla üretimi yapılan başlıca sebze türleri ve üretim miktarları

Sıra	Ürün	Üretim miktarı (ton)
1	Domates (Sofralık)	8.085.000
2	Domates (Salçalık)	5.415.000
3	Karpuz	3.411.915
4	Soğan (Kuru)	2.889.931
5	Biber (Salçalık, Kapya)	1.850.164
6	Hıyar (Sofralık)	1.472.756
7	Kavun	1.428.252
8	Biber (Sivri)	980.159
9	Havuç	897.838
10	Patlıcan	878.830
11	Lahana (Beyaz)	634.900
12	Kabak (Sakız)	590.550
13	Fasulye, Taze	464.850
14	Biber (Dolmalık)	424.915
15	Marul (Kıvırcık)	393.000
16	Karnabahar	332.900
17	Marul (Göbekli)	307.700
18	Ispanak	256.809
19	Hıyar (Turşuluk)	235.944
20	Lahana (Kırmızı)	211.769

Kaynak: TÜİK, 2026.

Türkiye'de en fazla üretimi yapılan sebze türlerinin başında 8 milyon ton ile sofralık domates gelmektedir. Toplam sebze üretimi içerisinde salçalık domates %16, karpuz %10, kuru soğan %8,6, salçalık biber %5,5 ve hıyar %4,4'lük payla ön plana çıkmaktadır (Tablo 6). Üretim miktarı bakımından öne çıkan illerimizin durumu Tablo 7'de verilmiştir.

Ülkemiz 2025 yılı sebze üretim miktarları iller bazında değerlendirildiğinde, toplam sebze üretiminin %15'lik kısmını Antalya karşılamaktadır. Bununla birlikte Antalya ilinde en çok üretimi yapılan tür 2,6 milyon ton ile sofralık domatestir. Bursa 2,5 milyon ton sebze üretimi ile ikinci sırada yer almaktadır. Bursa

özellikle 1,1 milyon tonluk üretimle salçalık domateste lider konumundadır (Tablo 7). Ege Bölgesi'nde İzmir toplam sebze üretimi içerisinde %6,15'lik payla üçüncü sıradadır. İzmir toplam sebze üretimi bakımından üçüncü sırada yer almaktadır. Ancak önemli bir salçalık domates tedarikçisi olsa da, 868 bin tonluk üretim ile altıncı sırada yer alan Manisa ilinden sonra gelmektedir. Havuç üretiminde ilk sırada yer alan Konya'nın ülkemizin toplam sebze üretiminde 2 milyon ton ile dördüncü sırada yer aldığı görülmektedir.

Tablo 7. Türkiye'de en fazla sebze üretimi yapan iller ve ürün miktarları (ton)

Sıra	İller	Üretim miktarı (ton)	Ürün ve miktarı (ton)
1	Antalya	5.069.077	Domates sofralık (2.679.808)
2	Bursa	2.562.551	Domates salçalık (1.163.769)
3	İzmir	2.048.588	Domates salçalık (868.897)
4	Konya	2.045.338	Havuç (584.886)
5	Mersin	2.026.068	Domates sofralık (725.007)
6	Manisa	1.808.293	Domates salçalık (1.039.008)
7	Adana	1.577.880	Karpuz (647.634)
8	Ankara	1.530.881	Kuru soğan (786.937)
9	Balıkesir	1.053.010	Domates salçalık (600.526)
10	Samsun	841.712	Lahana beyaz (179.442)

Kaynak: TÜİK, 2026.

Karpuz üretiminde ilk sırada yer alan Adana 1,57 milyon ton ile toplam sebze üretimi bakımından yedinci sırada gelmektedir. 2025 yılında en fazla sebze üretimi yapan iller arasında sekizinci sırada bulunan Ankara, yaklaşık 787 bin ton ile kuru soğan üretiminde ilk sırada yer almaktadır. Yaprakları yenen sebzeler grubunda bulunan beyaz lahana 179 bin ton üretim ile Samsun ilinde en fazla üretilen sebze olmuştur (Tablo 7).

Sebze Yetiştiriciliğinde Karşılaşılan Sorunlar

Türkiye sebze üretiminde önemli bir potansiyele sahiptir. Ancak diğer sektörlerde olduğu gibi sebzecilik sektörünün de sürdürülebilirliğini kısıtlayan çeşitli ekonomik ve çevresel sorunlar bulunmaktadır. Tüm dünyada yaşanan küresel iklim değişikliği, doğal afetler, hastalık ve zararlılar ile pandemi ve savaş gibi faktörler sebze üretimini olumsuz etkilemektedir. İklim ve çevre faktörlerinin yanında, sebze üretim süreci üzerine direkt veya dolaylı olarak katkısı bulunan diğer sektörlerde yaşanacak en ufak bir aksaklık üretimi olumsuz yönde etkileyecektir.

İklim Değişikliği

İklim koşulları açıkta ve örtü altında da yapılan tarımsal üretimi etkilemektedir. Açıkta yapılan sebze üretiminde tohum ekim/fide dikim zamanından, fide çıkışı, çiçeklenme ve hasada kadar olan dönemde yaşanacak kuraklık, düşük sıcaklık, yüksek sıcaklık, dolu, aşırı ve düzensiz yağışlar bitkilerin gelişimini olumsuz etkileyerek verim kayıplarına yol açacaktır. Çimlenme ve çıkışta düzensizlikler, tozlanma ve döllenmede yetersizlikler, meyve tutmama veya lahana grubu sebzelerde baş bağlamama, anormal bitki gelişimi gibi üretim sürecini kısıtlayan aksaklıklar meydana gelecektir. Sebzeler bünyesinde %90'a yakın su içermeleri nedeniyle yüksek sıcaklıklara ve kuraklığa karşı hassastır. Aynı zamanda özellikle büyüme ve gelişme döneminde düzenli suya ihtiyaç duymaktadır. Su kaynaklarının azalması, yağışların düzensiz olması,

uzun süren kuraklığın ardından ani ve şiddetli yağışların olması, yağışların yağmur şeklinde düşmemesi gibi nedenlerle bitkiler ihtiyaç duydukları zamanda suyu uygun şekilde alamamaktadır. Bu duruma maruz kalan bitkiler strese girdiklerinden bir takım fizyolojik ve biyokimyasal tepkiler oluşturmaktadır. Stres altında bitkiler geliştirdikleri savunma mekanizması nedeniyle büyümede yavaşlama ve durma, boğum aralarında kısalma, yapraklarda büzüşme, kıvrılma ve kuruma, erken çiçeklenme, meyve ve çiçek dökümü gibi tepkiler vermektedir. Dolayısıyla iklim değişikliği, sebze üretiminde verim ve kalite kayıplarına, üretim planlamasında zorluklara, hastalık ve zararlı popülasyonlarının yayılış alanlarını değiştirerek bitki koruma problemlerinin artmasına yol açmaktadır.

İklim değişikliğinin neden olduğu sıcaklık ve yağış rejimindeki değişimler örtü altı tarımını da etkilemektedir. Sıcaklıklar yükseldikçe sera içi sıcaklığının sürekli artmaması için ekstra soğutma ve havalandırma sistemlerinin kurulması ve eklenmesi gerekmektedir. Sera içerisinde yeterli havalandırma sağlanmadığında hastalık ve zararlı yoğunluğu artmaktadır. Buna bağlı olarak da verim kayıpları yaşanmaktadır. Bunların tam aksine, bitkilerin en hassas olduğu fide ve ilk gelişim döneminde hava sıcaklıkların ani düşmesi (don) sera iç sıcaklığını da düşürmektedir. Bu nedenle sera içi sıcaklığını artırmak ve bitkilerin ihtiyaç duyduğu optimum ısı değerine ulaşabilmek için ısıtma sistemleri kurulmaktadır. Ayrıca şiddetli yağışlar, kar yükü ve dolu yağışı gibi etkenler de sera örtü malzemesinin zarar görmesine, ısı ve enerji kayıplarına yol açmaktadır.

Tarımsal Girdi Maliyetleri

Sebze yetiştiriciliği dünyada ve ülkemizde yoğun girdi gerektiren sektörlerden biridir. Toprak hazırlığından hasat ve pazarlama sürecine kadar her aşamasının planlı yürütülmesi gereken bir üretim koludur. Üretim aşamasının tüm kademelerinde kullanılan

her bir maliyette yaşanan artış üreticilerin kârlılığını önemli düzeyde etkilemektedir. Küresel çapta yaşanan salgın hastalıklar, doğal afetler, savaşlar ve ekonomik düzensizlikler girdi maliyetlerinde fiyat dalgalanmalarına neden olmaktadır. Özellikle enerji ve akaryakıt fiyatlarındaki yükseliş hem açıkta üretim için sulama, toprak işleme, ekim vb. tarımsal mekanizasyon maliyetlerini hem de örtü altında ısıtma maliyetlerini artırmaktadır. Kimyasal gübre, zirai ilaç, hormon ve büyüme düzenleyicilerin fiyatlarındaki yükseliş üreticilerin daha az gübre kullanmasına, zirai mücadeleyi gerektiği gibi yapamamasına, dolayısıyla verimde azalmalara neden olmaktadır. Fiyatlardaki yükselmeye bağlı olarak işçilik maliyeti de artış göstermektedir. Özellikle fide dikimi, sulama, budama ve çapa gibi bakım işlerinin yoğun kullanımını gerektiren sebzecilik sektörü işçilik maliyetlerinin artmasıyla birlikte giderek yapılması zor bir üretim grubu haline gelmiştir. Bu durum en çok küçük ölçekli aile işletmelerini etkilemekte ve üreticileri çoğu sebze yetiştiriciliğini bırakmak durumunda kalmaktadır. Dolayısıyla girdi maliyetlerinin artması uzun vadede sebzecilik sektöründe büyük kayıplara ve üretimin azalmasına neden olmaktadır.

Bitki Hastalık ve Zararlıları

İklim değişikliği ve tarımsal girdi maliyetlerindeki artış kadar bitki hastalıkları ve zararlıları da sebze yetiştiriciliğini kısıtlayan en önemli faktörler arasında yer almaktadır. Sebzelerde abiyotik faktörlerin dışında verim ve kaliteyi düşüren biyotik faktörler hastalık ve zararlılardır. Bu hastalıklar mantar (fungal), bakteri ve virüs kaynaklı olabilmektedir. Sebzelerde sıklıkla rastlanan hastalıklar arasında külleme, mildiyö, *Fusarium* solgunluğu, domates mozaik virüsü, bakteriyel leke, yaprak yanıklığı, kök boğazı çürüklüğü, hıyar mozaik virüsü gelmektedir. Bu hastalıkların kökeni toprak veya tohum kaynaklı olabildiği gibi, böceklerle de taşınabilmektedir. Böcekler ve sinekler hem hastalık etmeni taşırken hem de bitkilere zarar vermektedir. Sebzelerde en sık

karşılaşılan zararlılar arasında beyaz sinek, yaprak biti, kırmızı örümcek, trips, yeşil kurt, danaburnu ve yaprak galeri sineği gelmektedir. Hastalık ve zararlılarla mücadelede mekanik, biyolojik ve kimyasal yöntemler kullanılmaktadır. Ancak yoğun kimyasal kullanımı zararlılarda ilaca karşı direnç geliştirmeye, bitki ve toprakta ilaç kalıntısına, insan sağlığında risklere, su ve çevre kirliliğine, üretimde kullanılan maliyetin artmasına yol açmaktadır. Dolayısıyla sebze yetiştiriciliğinde biyolojik ve entegre mücadele programları üreticiler tarafından giderek daha fazla tercih edilmektedir.

Tarımsal İşletmelerin Küçük ve Parçalı Yapısı

Türkiye'de sebze işletmelerinin büyük çoğunluğunun küçük ve parçalı arazi yapısına sahip olmasının yanında, miras yoluyla bölünerek giderek küçülmesi de alanların kullanımını zorlaştırmaktadır (Şeniz vd., 2005). Bu durum sebze yetiştiriciliğinde modern tarım tekniklerinin uygulanmasını daha zor bir hale getirirken üretim maliyetlerinin de artmasına neden olmaktadır. Ayrıca küçük aile işletmelerinin ekonomik imkânlarının ve finansman kaynaklarına erişiminin sınırlı olması modern tarım tekniklerine yapılacak yatırımı engellemekte, dolayısıyla işgücü yükünü artırmaktadır. Dağınık ve parçalı işletme yapısı üretim planlaması ve kontrolünü güçleştirmekte, tarımsal mekanizasyon olanaklarını kısıtlamakta, dolayısıyla işçilik maliyetini yükseltmekte, sonuç olarak verim, kalite ve rekabette azalışa neden olmaktadır. Bu durum üretimi direkt olarak etkilediğinden, ithalat, ihracat ve tüketim gibi diğer sektörlere de olumsuz olarak yansımaktadır.

Pazarlanma Sorunları ve Fiyat Dalgalanmaları

Tarım işletmelerinde pazarlama maliyeti önemli işletme sorunlarından biridir. Ambalaj, taşıma ve satış masrafları ürün tipine göre değişiklik göstermektedir (Özkan vd., 1999). Bazı sebze türleri

plastik kasalarda satışa gönderilirken, bazıları plastik torbalarda, demet halinde ya da strafor ambalajlarda pazarlanmaktadır. Pazarlama giderlerinin artmasının temel nedeni ambalaj ve nakliye masraflarının yanı sıra üreticilerin ürünlerini çoğu zaman aracılar vasıtasıyla pazarlıyor olmasıdır. Bu durum üreticinin ürettiği ürün değerinden yeterli payı alamamasına neden olmaktadır. Hal üzerinden yapılan satışlarda ise komisyon bedeli (%1-8), hal rüsumu (hal içinde satılan mallardan %1, hal dışında satılan mallardan %2), stopaj (gelir vergisi) ve KDV (%18) standart kesinti kalemleridir. Ürünün satış tutarı arz ve talebe göre hallerde günlük olarak belirlenmektedir (Özkan vd., 1999). Pazarlama zincirinde yaşanan sorunlar tüketici fiyatlarında yükselişe ve üretici fiyatlarında ise azalışa neden olmaktadır. Ayrıca sebze fiyatları üretim sezonu boyunca yaşanan iklim koşullarından etkilenen üretim miktarına bağlı olarak değişim göstermektedir. Bu durum fiyat dalgalanmalarına ve piyasa istikrarsızlıklarına neden olmaktadır. Üretim planlamasındaki eksiklikler ve düzensizlikler bazı yıllarda arz fazlasına, bazı yıllarda ise ürün yetersizliğine neden olmaktadır.

Hasat Sonrası Kayıplar ve Depolama Problemleri

Doğru bir ürün planlaması ve üretim aşamasının ardından sebzeler hasat sonrasında pazarlanıncaya kadar uygun yöntemlerle muhafaza edilmelidir. Sebzeler su içeriği yüksek ürünler olduğundan bozulmaya ve hasar görmeye oldukça yatkındır. Yüksek kalitede ürettiğimiz ürünlerin hasat sonrasında pazarlama değerini kaybetmemeleri ve uzun süre kalitelerini korumaları amacıyla uygun depolama ve nakliye koşullarının sağlanması büyük önem taşımaktadır. Sebzelerde hasat sonrası yaşanan kayıplar birçok nedene bağlıdır. Bunlardan bazıları hasattan sonra soğuk zincir altyapısının yetersizliği nedeniyle sebzelerin ortam sıcaklığında veya tarlada güneş altında bekletilerek hızla su kaybetmeleri, ürüne uygun ambalajlama tekniklerinin kullanılmaması, hasat ve nakliye sırasında meydana gelen mekanik zararlanmalar, ambalajlama

öncesinde ayıklama, temizleme ve sınıflandırma işlemlerinin yetersiz olmasıdır.

Kaliteli Tohum ve Fide Temininde Yaşanan Problemler

Başarılı bir üretimin en temel unsuru kaliteli tohum kullanımıdır. Tohumun kalitesi, tıpkı sebze üretiminde olduğu gibi, üretiminden hasat, kurutma, temizleme ve paketleme aşamalarına kadar yaşanan süreçte maruz kaldığı koşullara bağlı olarak değişmektedir. Tohumdaki canlılık ve güç kayıplarına bağlı olarak fide üretimi ve sağlıklı bitki eldesi de etkilenmektedir. Doğrudan tohum ekimi yapılarak üretilen sebze türlerinin tohumlarının tarla ve arazi çıkış performanslarının düşük olması durumunda düzensiz bitki çıkışları elde edileceğinden, verim olumsuz etkilenecektir. Bunula birlikte fide ile yetiştiricilik yapılan sebze türlerinde ise fidelerin birörnek ve aynı zamanda dikim aşamasına gelebilmeleri için güçlü ve kaliteli tohumlara gereksinim bulunmaktadır. Üreticiler açısından girdi maliyetlerinin yüksek olduğu günümüzde, tarla ve ekim hazırlığı uygun yapılsa bile kaliteli tohum kullanılmadığında ürün kayıpları yaşanacak ve masraflar boşa gidecektir. Dolayısıyla tohum hem sebze fidesi üreticileri hem de doğrudan ekim yapan sebze üreticileri açısından en önemli maliyet kalemlerinden birini oluşturmaktadır. Ancak günümüzde tohum fiyatlarındaki artışlar göz önüne alındığında, özellikle hibrit tohumların üreticiye maliyeti oldukça yüksektir. Özellikle küçük aile işletmeleri genellikle kendi tohumlarını bir önceki sezon üretim parsellerindeki tohumluk olarak ayırdıkları sebzelerden temin etmektedir. Bu durum tarlada belirli bir miktar ürünün tohumluk olarak ayrılmasından dolayı hem arazi üzerinde alan kaplamasına hem de üründe azalmaya, çeşit karışımına, ayrıca farklı olgunluk zamanında hasat edilmiş sebzelerden toplanan tohumlarda kalite farklılıklarına yol açmaktadır. Sebze üreticilerinin karşılaştığı en önemli problemler arasında yüksek tohum maliyeti, sertifikalı tohum kullanımının yetersizliği, çeşitlerde genetik safiyetin bozulması yer almaktadır.

Uluslararası Rekabet Problemleri

Küresel anlamda ticarette yüksek kalite standartları, pestisit kalıntı limitleri, izlenebilirlik, sertifikasyon, etiket ve ambalajlama prosedürleri ihracatta belirleyici etmenler arasında yer almaktadır. Özellikle gelişmiş ülkeleri içeren uluslararası pazarlarda ürün güvenliği ve izlenebilirliği, kalite standartlarına ve mevzuata uygunluğu, ulaşım maliyeti, ambalaj ve depolama imkânları gibi konular rekabeti etkileyen başlıca faktörler arasında yer almaktadır. Deniz yoluyla yapılan ticarette liman ücretleri ve nakliye geçiş belgesi ile karayolu taşımacılığında nakliye geçiş belgesinin getirmiş olduğu maliyet yükü ihracatçılar için önemli bir engel teşkil etmektedir (Özkan vd., 1999; Şeniz vd., 2005).

Sonuç ve Öneriler

Teknolojinin hızla geliştiği günümüzde uzaktan algılama, yapay zekâ ve makine öğrenmesi, akıllı ve dijital tarım uygulamaları, otomatik dümenleme sistemleri, erken uyarı ve tahmin sistemleri, bilgisayar kontrollü seralar, robotik hasat makineleri, otomatik gübreleme ve ilaçlama sistemleri gibi birçok uygulama ve modern cihazlar tarım sektöründe yerini almaya başlamıştır. Sebze yetiştiriciliğinde bu modern tekniklerin kullanımının yaygınlaştırılması geleneksel tarım sistemlerine kıyasla üretim maliyetini düşürecektir.

İklim değişikliğine bağlı olarak yaşanan kuraklık sorunu karşısında basınçlı ve damla sulama sistemleri, toprak su kapasitesi ve sulama zamanının doğru belirlenmesi, kurak alanlarda az su tüketen sebzelerin yetiştirilmesi, kuraga dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, atık suların tekrar kullanıma kazandırılması gibi önlemler su kullanım etkinliğini artırarak sebze üretim maliyetini düşürecektir.

Sebze üretiminde entegre mücadelenin yaygınlaştırılması ile yüksek dozda veya ürüne uygun ruhsatı bulunmayan zirai ilaç

kullanımının önüne geçilerek insan ve çevre sağlığı korunurken üretim maliyeti de azaltılmış olacaktır. Bu kapsamda biyolojik mücadele etmenleri, faydalı böcekler, feromon tuzakları, kültürel önlemler, aşılı fide ve dayanıklı çeşit kullanımı ön plana çıkmaktadır.

Üretilen ürünlerin hızlı ve kârlı pazarlanabilmesi ve karşılaşılan problemlerin çözüme kavuşturulabilmesi açısından üreticilerin örgütlenmesi oldukça önemlidir. Kurulacak olan kooperatifler ve birlikler aracılığıyla pazar olanakları geliştirilebilir, üretim maliyeti azaltılabilir, kooperatife alınacak alet ve ekipmanlar ortaklaşa kullanılarak girdi masrafları düşürülebilir. Ayrıca hasat sonrası yaş sebze işleme, kurutma, paketleme ya da depolama gibi tesisler kurularak ortaklaşa kullanılabilir. Dolayısıyla örgütlenme sayesinde sebze üretim sürecinde karşılaşılabilecek birçok sorun kolay ve hızlı bir şekilde çözülebilir.

Sonuç olarak, yapılan tüm açıklamalar ışığında ülkemizin güçlü sebze üretim potansiyelini korumak ve giderek artırmak amacıyla modern tarım teknolojilerine hızla yönelinmeli, sebze yetiştiriciliği konusunda üreticilerimizin teknik bilgi eksiklikleri giderilmeli, pazar fiyat istikrarını sağlayacak tedbirler alınmalı, sebzecilik sektörü ile bağlantılı olan diğer tüm sektörlerde yaşanan sıkıntı ve sorunlar giderilerek üretim üzerinde olabilecek olumsuz etkileri en aza indirmek hedeflenmelidir.

KAYNAKÇA

Abak, K., Düzyaman, E., Şeniz, V., Gülen, H., Pekşen, A., & Kaymak, H. Ç. (2010). Sebze üretimini geliştirme yöntem ve hedefleri. *VII. Ziraat Kongresi*, 11-15.

Ağaoğlu, S., Çelik, H., Çelik, M., Fidan, Y., Gülşen, Y., Günay, A., Halloran, N., Köksal, A.İ., Yanmaz, R. 2010. Genel

Bahçe Bitkileri. Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Ders Kitabı 531.

Akbay, C. Candemir, S., Orhan, E. (2005). Fresh Fruit and Vegetables Production and Marketing in Turkey, KSU. Journal of Science and Engineering 8(2), 96-107.

Anonim (2026). https://www.tarimorman.gov.tr/Konular/Bitkisel-Uretim/Tohumculuk/Tohumculuk-Istatistikleri. Erişim: 09.07.2026

Ataseven, Y., Güneş, E. (2008). The Production of Processed Organic Agricultural Products and Development in its Trade in Turkey, Journal of Agricultural Faculty of Uludag University, 22 (2), 25-33.

Ebert, A. W. (2020). The role of vegetable genetic resources in nutrition security and vegetable breeding. *Plants*, *9*(6), 736.

Eryılmaz, G. A., Kılıç, O. 2018. Türkiye'de sürdürülebilir tarım ve iyi tarım uygulamaları. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi*, *21*(4), 624-631.

FAO, 2026. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

Günay, A. 1992. Genel Sebze Yetiştiriciliği, Cilt 1., p:94.

Gürbüzer, A. 2008. Fresh Fruit and Vegetable Production and Exportation in Turkey, Problems Faced and Solution Proposals. Msc thesis, Selçuk University, Graduate School of Natural and Applied Sciences Department of Horticulture, Konya.

Güvenç, İ., Kaymak, H.Ç. 2008. The Evaluation of Production (Submit) and Consumption (Demand) in Vegetables in Turkey. Alinteri Journal of Agricultural Sciences, 15(8), 40-45, ISSN: 1307-3311.

Kaya, 2024. Priming Uygulamalarında Yeni Teknikler Ve Güncel Yaklaşımlar. Tarla Bitkilerinde Güncel Yaklaşımlar. İksad Yayınevi. p.161-190

Kaya, 2024. Tohum, Güç Testleri 1. Klasik Yöntemler. I. Bölüm. Ziraat Orman ve Su Ürünleri Alanında Uluslararası Akademik Çalışmalar, Serüven Yayınevi, p. 1-18.

Kaya, 2025. *Brassıcaceae* Familyasında Yer Alan Bazı Minör Sebzeler. Botanik Biliminde Güncel Yaklaşımlar, İksad yayınevi, p. 201-227.

Liua, S., Leea, I.M., Ajania, U., Colea, S.R., Buring, J.E. and Mansona, J.A. 2001. Intake of vegetables rich in carotenoids and risk of coronary heart disease in men: the physicians' health study. Intl. J. Epidemiol. 30:130-135.

Özkan, B., Yılmaz, S., and Yılmaz, İ. 1999. Türkiye'de Yaş Meyve ve Sebze Pazarlaması: Sorunlar ve Çözüm Önerileri. *Akdeniz University Journal of the Faculty of Agriculture*, *12*(1), 157-168.

Pallazola, V.A., Davis, D.M., Whelton, S.P., Cardoso, R., Latina, J.M., Michos, E.D. 2019. A clinician's guide to healthy eating for cardiovascular disease prevention. *Mayo Clin. Proc. Innov. Qual. Outcomes, 3,* 251–267.

Sesso J, E Buring, EP Norkus, JM Gaziano. 2004. Plasma Lycopene, Other Carotenoids, and Retinol and the Risk of Cardiovascular Disease in Women. The American Journal of Clinical Nutrition. 79(1):47-53.

Park, Y., Subar, A. F., Kipnis, V., Thompson, F. E., Mouw, T., Hollenbeck, A., Leitzmann, M.F., Schatzkin, A. 2007. Fruit and vegetable intakes and risk of colorectal cancer in the NIH–AARP diet and health study. *American journal of epidemiology*, *166*(2), 170-180.

Poobalan, V., Praneetha, S., Arumugam, T., Kumaravadivel, N., and Jeyakumar, P. 2019. Medicinal properties of vegetable crops. *International Journal of Chemical Studies*, *7*, 1538-1542.

Siddiqui, S., Ahmed, N., Devi, C. A., Singh, P. R., & Lalramhlimi, B. 2022. Root vegetables having medicinal properties: their possible use in pharmaceutical and food industries. In *Advances in Root Vegetables Research*. IntechOpen.

Silva Dias, J. 2010. World importance, marketing and trading of vegetables. In *XXVIII International Horticultural Congress on Science and Horticulture for People (IHC2010):* August *International Symposium on 921* (pp. 153-169).

Slavin, J. L. and Lloyd, B. 2012. Health benefits of fruits and vegetables. *Advances in Nutrition*, *3*(4), 506-516.

Suhrcke, M., McKee, M., Stuckler, D., Arce, R.S., Tsolova, S. & Mortensen, J. 2006. The contribution of health to the economy in the European Union. *Pub. Health*, *120*, 994–1001.

Şehirali, S. (1997). Tohumluk ve Teknolojisi. 422s. Fakülteler Matbaası, İstanbul.

Şeniz, V., Eser, B., Daşgan, Y., Akbudak, N., İlbi, H., Sürmeli, N., and Başay, S. 2005. Sebze üretiminde gelişme ve hedefler. *Türkiye Ziraat Mühendisliği VI. Teknik Kongresi*, 3-7.

TÜİK. 2026. https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?locale=tr

Vural, H., Eşiyok, D., Duman, I. 2000. Kültür Sebzeleri (Sebze Yetiştirme), Ege University, printing Office, İzmir.

Wargovich, M.J. 2000. Anticancer properties of fruits and vegetables. HortScience 35:573-575.

BÖLÜM 2

Begomovirus coheni (Tomato yellow leaf curl virus, TYLCV)

SELİN CEREN BALSAK[1]

Giriş

Bitki virüsleri, tarımsal üretimi sınırlayan en önemli biyotik etmenler arasında yer almakta olup, dünya genelinde ekonomik açıdan büyük kayıplara yol açmaktadır. Bu virüsler içerisinde *Geminiviridae* familyası, hem tür çeşitliliği hem de neden olduğu hastalıkların yaygınlığı bakımından önemli bir konuma sahiptir. Güncel ICTV Master Species List (2025) verilerine göre *Geminiviridae* familyası toplam 549 tür içermekte olup, bu türler *Becurtovirus*, *Begomovirus*, *Capulavirus*, *Curtovirus*, *Eragrovirus*, *Grablovirus*, *Mastrevirus*, *Topocuvirus*, *Turncurtovirus*, *Citlodavirus*, *Maldovirus*, *Mulcrilevirus*, *Opunvirus, Topilevirus* ve *Welwivirus* olmak üzere 15 farklı cinste sınıflandırılmaktadır (Fiallo-Olivé vd., 2021; ICTV, 2025). Bu cinsler arasında *Begomovirus*, tür sayısı bakımından en geniş grubu oluşturmakta olup 445 tür ile familyadaki toplam türlerin yaklaşık %86'sını oluşturur.

[1] Dr.Öğr.Üyesi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-2326-7520

Begomovirüsler genom yapılarına göre iki ana gruba ayrılmaktadır: (i) Yaklaşık 2.7-2.8 kb büyüklüğünde DNA-A ve DNA-B olmak üzere iki genoma sahip olan bipartit begomovirüsler, ağırlıklı olarak Yeni Dünya (New World; ABD'nin güney eyaletleri, Meksika, Karayipler ve Güney Amerika) bölgelerinde yaygındır; (ii) yalnızca DNA-A genomuna sahip monopartit begomovirüsler ise çoğunlukla Eski Dünya (Old World; Avrupa, Afrika, Asya ve Avustralya) bölgelerinde görülmektedir (Seal vd., 2006; Briddon vd., 2010).

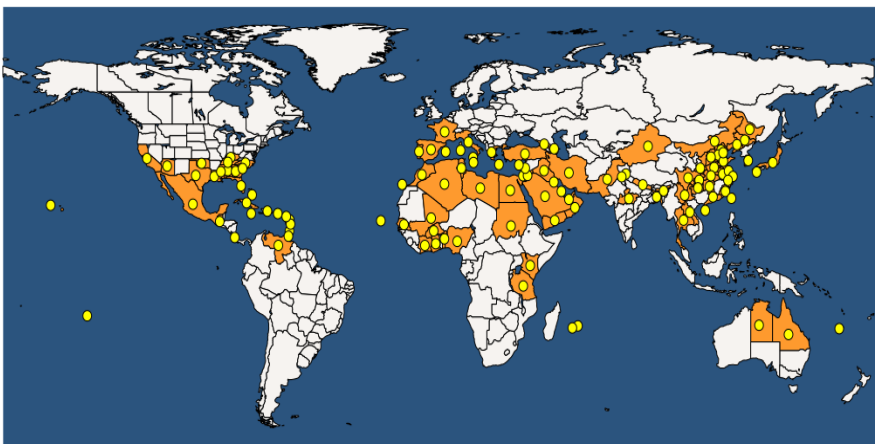
Tropikal, subtropikal ve ılıman bölgelerde yaygın olarak bulunan begomovirüsler, başta Cucurbitaceae (kabak, kabak, karpuz ve kavun), Solanaceae (tütün, petunya, biber, domates ve patates), Malvaceae (bamya, pamuk) ve Fabaceae (börülce, fasulye, soya fasulyesi) familyalarına ait önemli bitkiler olmak üzere, 420'den fazla bitki türünde hastalığa neden olmaktadır (Seal vd., 2006; Fortes vd., 2016; Malathi vd., 2017). Ancak, *Begomovirus* cinsi içerisinde yer alan çok sayıdaki tür arasında, küresel yaygınlıkları ve tarımsal üretim üzerindeki yıkıcı etkileri nedeniyle bazı virüsler özellikle öne çıkmaktadır. Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV, *Begomovirus coheni*), neden olduğu yüksek verim kayıpları ve milyarlarca doları bulan ekonomik zararlar nedeniyle en önemli ve en yıkıcı monopartit begomovirüslerden biri olarak kabul edilmektedir (Scholthof vd., 2011; Pan vd., 2012). TYLCV ile ilişkili hastalık ilk olarak 1959 yılında İsrail'in Ürdün Vadisi'nde domates (*Solanum lycopersicum*) üretim alanlarında meydana gelen salgın sırasında tanımlanmış, daha sonra virüs Prof. I. Harpaz tarafından tomato yellow leaf curl virus olarak adlandırılmıştır (Cohen ve Harpaz, 1964). TYLCV'nin ortaya çıkışı ve dünya geneline yayılışı son derece hızlı gerçekleşmiştir (Czosnek & Laterrot, 1997). Etmen 1960'lı yılların başlarında Orta Doğu'dan bildirilmiş; 1970'li yılların ortaları ve sonlarında Ürdün ve Lübnan'da (Makkouk, 1978) ve 1983 yılında ise Tunus'ta (Cherif & Russo, 1983) rapor edilmiştir. Doğu Afrika'da ise ilk kez 1965

yılının sonlarında Sudan'dan bildirilmiştir (Yassin & Nour, 1965). Bunu izleyen süreçte 1980'li yılların başlarında Mısır'da (Czosnek vd., 1990); 1990'lı yılların başlarında İtalya, İspanya ve Portekiz ve Türkiye'de yayılış gösterdiği rapor edilmiştir (Czosnek vd., 1990; Yılmaz, 1994; Navas-Castillo vd., 1999; Font vd., 2000). Daha sonraki yıllarda Yunanistan'da rapor edilmiştir (Avgelis vd., 2001). Etmen yeni alanlara yayılmayı sürdürmekte olup hatta ABD'de Kaliforniya (Rojas vd., 2007) ve Hawaii'de (Melzer vd., 2010) ve Çin'de (Zhang vd., 2009) salgınlara neden olduğu bilinmektedir.

TYLCV, oldukça geniş konukçu dizisine sahip olup, özellikle Solanaceae familyasına ait bitkilerde şiddetli epidemilere neden olmaktadır (Navas-Castillo vd., 1999; Navas-Castillo vd., 2011). Enfeksiyonunun tipik belirtileri arasında yapraklarda kıvrılma ve buruşma; damarların kalınlaşması ve şişmesi, internod ve yaprak saplarında kısalma ve bitkide genel olarak bodurlaşma yer almaktadır (Senanayake vd., 2012). Şiddetli enfeksiyon sonucunda ise verim kaybı %100'e kadar ulaşabilmektedir (Moriones & Navas-Castillo, 2000). Filogenetik ve popülasyon genetiği çalışmaları sonucunda şu ana kadar TYLCV'nin altı ırkı tanımlanmıştır. Bunlar TYLCV-IL (Israel), TYLCV-Mld (Mild), TYLCV-Bou (Boushehr), TYLCV-Gez (Gezira), TYLCV-IR (İran), ve TYLCV-Ker (Kerman)'dır (ICTV, 2024). Bilinen tüm TYLCV ırkları arasında, TYLCV-IL ve TYLCV-Mld coğrafi yayılımı en geniş olanlarıdır (Glick vd., 2009). TYLCV, domates sarı yaprak kıvırcıklık hastalığı (tomato yellow leaf curl disease, TYLCD) ile ilişkili begomovirüsler arasında en geniş yayılışa sahip ve en ayrıntılı şekilde incelenmiş türdür. TYLCV'nin yanı sıra TYLCD ile ilişkili virüsler arasında tomato yellow leaf curl Sudan virus (TYLCSDV, *Begomovirus solanumsudanense*), tomato yellow leaf curl Axarquia virus (TYLCAxV, *Begomovirus solanumflavusaxarquiaense*), tomato yellow leaf curl Malaga virus (TYLCMLV, *Begomovirus solanumflavusmalacitanum*), tomato yellow leaf curl Sardinia virus

(TYLCSV, *Begomovirus solanumflavusardiniaense*) ve tomato yellow leaf curl Mali virus (TYLCMalV, *Begomovirus solanumflavusmaliense*) da yer almaktadır (Abhary vd., 2007). TYLCV-benzeri virüsler olarak adlandırılan bu etmenlerin tamamı monopartit tek sarmallı DNA genomuna sahiptir (Navas-Castillo vd., 2011). Hastalık etmenlerinin küresel ölçekte yayılımı büyük ölçüde vektörleri olan beyazsinek *B. tabaci* ile ilişkili olup, özellikle MEAM1 (Middle East Asia Minor 1) olarak da bilinen biyotip B ve MED (Mediterranean) olarak bilinen biyotip Q'nun dünya genelinde yayılması, bu virüslerin hızlı bir şekilde yeni bölgelere taşınmasında önemli rol oynamıştır (Gilbertson vd., 2015).

Şekil 1. Tomato yellow leaf curl virus'un (TYLCV) mevcut yayılış durumu



Kaynak: https://gd.eppo.int/taxon/TYLCV0/distribution (Erişim tarihi: 20.03.2026)

Taksonomi ve Genomik Yapı

Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi'ne (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) göre, Geminiviridae familyası güncel sınıflandırmada 549 tür içermekte olup bu türler 15

farklı cins altında toplanmıştır (ICTV, 2025). Bu familya içerisinde yer alan *Begomovirus* cinsi, yaklaşık 464 tür ile toplam tür sayısının büyük çoğunluğunu oluşturmakta ve bitkileri enfekte eden geminivirüsler arasında en geniş ve en önemli grubu temsil etmektedir (ICTV Master Species List, 2025). Begomovirüslerin genomu, yaklaşık 22 nm × 38 nm boyutunda yarı ikozahedral ikiz partiküller içinde paketlenmiş dairesel tek sarmallı DNA'dan (ssDNA) oluşmaktadır. DNA bileşenlerinin sayısına göre begomovirüsler; tek DNA bileşeni taşıyan monopartit türler ile DNA-A ve DNA-B olmak üzere iki ayrı DNA bileşeni içeren bipartit türler şeklinde sınıflandırılmaktadır (Fauquet vd., 2003). Her iki genom bileşeni de çift yönlü olarak düzenlenmiş, kısmen örtüşen açık okuma çerçevelerine (Open Reading Frame, ORF) sahiptir. Monopartit begomovirüslerin genomundaki genlerin veya ORF'lerin organizasyonu, bipartit begomovirüslerin DNA-A bileşenine benzerlik göstermektedir. DNA-A ve DNA-B bileşenleri büyüklük bakımından birbirine benzer olup yaklaşık 2.7–2.8 kb uzunluğundadır. Ancak, ortak bölge (common region, CR) olarak adlandırılan ve yaklaşık 200–250 nt uzunluğunda yüksek dizi homolojisine sahip kısım dışında, nükleotid dizilimleri farklılık göstermektedir. DNA-A; replikasyon, kapsid oluşumu/paketlenme, vektörle taşınma ve viral baskılayıcı proteinlerin kodlandığı genleri taşırken, DNA-B hareket fonksiyonlarından sorumlu genleri içermektedir. Monopartit virüslerde ise hareket için gerekli olan DNA-B bulunmadığından, virüsün bitki içerisindeki hücreden hücreye ve sistemik taşınımı kapsid proteini (CP) ve öncül kapsid (pre-coat) proteini tarafından düzenlenmektedir (Priyadarshini vd., 2011). TYLCV, genomu monopartit yapıda, dairesel tek sarmallı DNA'ya sahip olup, protein kodlayan altı açık okuma çerçevesi (ORF) kodlamaktadır (Fondong, 2013). Bu proteinler üç ana grupta sınıflandırılmaktadır: (i) DNA replikasyonunun başlatılmasında görev alan proteinler; AC1/Rep ve AC3/REn, (ii) konukçu gen düzenlenmesi ve gen susturma baskılanmasında rol oynayan

proteinler; AC2/TrAP, AC4 ve AV2, (iii) viral partikül oluşumunda görev alan protein; AV1/CP (Bisarro, 2006; Fondong, 2013).

Ekonomik Önemi

Bitki patojenleri arasında en yaygın ve en yıkıcı etmenlerden biri olan virüsler, bitkilerin büyüme ve gelişimini olumsuz etkileyerek verimi azaltmakta; aynı zamanda ürün kalitesini düşürerek pazarlanabilir ürün miktarını sınırlandırmaktadır (Hanssen vd., 2010). Begomovirüsler, özellikle sebze bitkilerinin geniş bir bölümünü enfekte eden ve tür sayısı ile neden oldukları ekonomik kayıplar bakımından bitki virüsleri arasında en önemli gruplardan biri olarak kabul edilmektedir. Geniş konukçu dizileri nedeniyle bu virüslerin yol açtığı küresel ekonomik kayıpların kesin olarak hesaplanması güç olmakla birlikte, mevcut tahminler yıllık kayıpların milyarlarca dolar düzeyinde olduğunu göstermektedir. Nitekim Batı ve Orta Afrika'da domates ve biberde artan begomovirüs enfeksiyonlarının, küresel verim potansiyelinin oldukça altında gerçekleşmesine neden olduğu ve tarla koşullarında verim kayıplarının %20–100 arasında değiştiği bildirilmiştir (Leke vd., 2015). Dünya genelinde özellikle domates üretiminde önemli bir tehdit oluşturan TYLCV, ekonomik olarak önemli on virüs arasında üçüncü sırada yer almaktadır (Scholthof vd., 2011). Örneğin; Florida'da domateste TYLCV ve TYLCV-benzeri bir grup virüs neden olduğu TYLCD, yıllık ortalama 140 milyon ABD doları tutarında zarara neden olmuştur (Morales ve Anderson, 2001; Hillocks vd., 2002). Bu nedenle Çin, İtalya, Mısır, İran, İspanya, Hindistan, Amerika Birleşik Devletleri ve Türkiye gibi önde gelen domates üreticisi ülkelerde hastalık büyük ekonomik önem taşımaktadır. TYLCV, domatesin yanı sıra biber (*Capsicum annuum*), fasülye (*Phaseolus vulgaris*) ve kabakgil (*Cucurbita* spp.) gibi ekonomik açıdan önemli diğer konukçularda da enfeksiyon oluşturabilmekte ve önemli düzeyde ürün kayıplarına neden olabilmektedir (Morales ve Anderson, 2001; Hillocks vd., 2002).

Enfeksiyonun gerçekleştiği bitki gelişme dönemine bağlı olarak meyve oluşumunun azalması veya tamamen engellenmesi sonucunda verim kayıpları %100'e kadar ulaşabilmektedir (Pan vd., 2012; Yan vd., 2021). Özellikle taze tüketime yönelik yetiştirilen fasülye bitkisinde TYLCV enfeksiyonu, fasülye yaprak buruşukluğu hastalığına (bean leaf crumple disease, BLCD) neden olmakta ve hastalığın şiddetli seyrettiği koşullarda verim kayıpları %100'e kadar ulaşabilmektedir (Navas-Castillo vd., 1999). Buna karşılık, Akdeniz Havzası'nda biber üretim alanlarında TYLCV'nin yaygın olarak saptanmasına rağmen, bu enfeksiyonların ekonomik kayıplar üzerindeki etkisinin sınırlı olduğu bildirilmektedir (Morilla vd., 2005).

Türkiye'de TYLCV Enfeksiyon Durumu

Türkiye'de TYLCV enfeksiyonuna ilişkin ilk bulgular, domates yetiştiriciliğinin yoğun olarak yapıldığı Çukurova Bölgesi'nde 1974 yılında hastalığa benzer simptomların gözlenmesine dayanmakta olup enfeksiyon Yılmaz (1994) tarafından bildirilmiş ve Avrupa ve Akdeniz Bitki Koruma Örgütü (EPPO) tarafından 1995 raporlarında Türkiye'nin hastalık etmeni ile enfekte ülkeler arasında yer aldığının belirtilmesiyle literatüre girmiştir (EPPO, 1995). Etmen daha sonra 1990'lı yılların başında Ege Bölgesi'nde yeniden ortaya çıkarak daha geniş üretim alanlarına yayılmıştır. 2000'li yıllara gelindiğinde yapılan sörvey ve epidemiyolojik çalışmalar virüsün Doğu Akdeniz üretim alanlarında hızla yayıldığını ortaya koymuş; Hatay ilindeki açık alan ve sera domates bitkilerinde yapılan DAS-ELISA yöntemi ile TYLCV enfeksiyon oranlarının farklı ilçelerde %10–49 arasında değiştiği belirlenmiştir (Sertkaya ve Sertkaya, 2005). Moleküler temelli çalışmalar ise Türkiye'deki domates üretim alanlarında TYLCV-IL ve TYLCV-Mld ırklarının oldukça yaygın olduğunu göstermiştir (Fidan vd., 2019; Balsak, 2025). Daha sonraki yıllarda Antalya ilinde patlıcan üretim alanlarında sorun olan virüs hastalıklarının tespiti

için yürütülen çalışmada; test edilen örneklerin %19'unun TYLCV ile enfekteli olduğu tespit edilmiştir, bu da etmenin diğer Solanaceae türlerinde de yayılım gösterebildiğini ortaya koymuştur (Fidan ve Sarıkaya, 2020). Genel olarak değerlendirildiğinde, Türkiye'de özellikle Akdeniz ve Ege bölgelerinde hem açık alan hem de örtü altı sebze üretim sistemlerinde TYLCV'nin uzun yıllardır düzenli olarak tespit edildiği ve yoğun beyazsinek popülasyonlarıyla ilişkili olarak yaygınlaştığını ve yüksek enfeksiyon oranlarına ulaştığı anlaşılmaktadır (Ürgen, 2014; Gül-Şeker vd., 2015; Çulal-Kılıç vd., 2017).

Taşınma Yolları ve Epidemiyoloji

Begomovirüsler, doğal koşullar altında beyazsinek (*B. tabaci*) tarafından taşınmakta olup, bu vektör virüslerin epidemik yayılımında temel rol oynamaktadır. Bunun yanı sıra, son yıllarda yapılan çalışmalar bazı begomovirüs türlerinin sınırlı da olsa tohumla taşınabildiğini ortaya koymuştur. Deneysel koşullarda ise begomovirüsler, aşılama, enfekteli bitki özsuyunun mekanik inokulasyonu, biyolistik DNA aktarımı ve enfeksiyöz klonlar kullanılarak gerçekleştirilen agro-inokulasyon gibi yöntemlerle bulaştırılabilmektedir.

Beyazsinek ile taşınma

Dünya çapında 1500'den fazla beyazsinek türü belirlenmiş olup, bunlar arasında *B. tabaci* (Gennadius) (*Hemiptera*: *Aleyrodidae*) en önemli bitki virüs vektörü olarak kabul edilmektedir (Duffus, 1987; Martin & Mound, 2007). *B. tabaci,* polifag bir zararlı olup, 63 familyaya ait yaklaşık 300 bitki türünde enfeksiyon oluşturan 100'den fazla virüsün taşınmasında vektör olarak rol oynamaktadır (Navas-Castillo vd., 2011; Kanakala & Ghanim, 2018). Güncel olarak, yapılan çalışmalar sonucunda *B. tabaci*'nin en az 46 kriptik türden oluştuğu belirtilmiştir (Rehman vd., 2021). Bunlar arasında MEAM1 (Middle East Asia Minor 1)

olarak da bilinen biyotip B ve MED (Mediterranean) olarak bilinen biyotip Q beyazsineği popülasyonları en yaygın dağılım gösteren tür kompleksleridir (Pan vd., 2011; Liu vd., 2013). *B. tabaci*'nin B ve Q biyotipleri, begomovirüslerin taşınmasında oldukça önemli rol oynamaktadır. Begomovirüsler, *B. tabaci* ile kalıcı (persistent) ve dolaşımsal (circulative) yolla taşınır (Brown vd., 2015). Begomovirüslerin beyazsinekler aracılığıyla taşınması sırasında, virüs partikülleri vektörün sindirim sistemi, hemolenf dolaşımı ve tükürük bezlerini içeren karmaşık bir biyolojik yol boyunca ilerlerken çok sayıda böcek proteiniyle etkileşime girmekte ve çeşitli fizyolojik bariyerleri aşmaktadır.

B. tabaci, enfekte bitkilerin floeminden beslenirken viryonları stiletleri aracılığıyla alır; virüs, beslenmenin başlamasından yaklaşık 10 dakika sonra özofagusa ve 40 dakika sonra orta bağırsağa ulaşır. Yaklaşık 90 dakika içinde virüs hemolenfe geçer ve burada dolaşımına başlar. Hemolenf dolaşımına katılan virüs partikülleri, seçici taşınma mekanizmaları yoluyla tükürük bezlerine yönlendirilir ve burada birikir. Tükürük bezlerinde lokalize olan virüsler, beslenme sırasında salgılanan tükürük ile birlikte bitkinin floem dokusuna aktarılır ve böylece inokulasyon süreci gerçekleşmiş olur (Czosnek, 2007). Bu yol boyunca virüsün dolaşımı "latent dönem" olarak tanımlanan bir sürece tabidir; TYLCV için bu dönem yaklaşık 8 saat olarak raporlanmıştır. Virüs ergin böceğin vücudunda yaşamı boyunca tutulmakta olup, zaman ilerledikçe virüsü bulaştırma etkinliğinin azaldığı görülmektedir. Ayrıca, dişi *B. tabaci* bireylerinin virüs taşınmasında erkeklere kıyasla daha etkili olduğu belirlenmiştir (Cohen & Nitzany, 1966). Bununla birlikte, begomovirüslerin vektör bünyesinde kalıcı olarak bulunmaları sırasında çoğalıp çoğalmadıkları ve transovaryal (yumurta yoluyla) aktarımının gerçekleşip gerçekleşmediği konusu henüz netlik kazanmamıştır (Ghosh vd., 2021). Farklı *B. tabaci* türlerinin virüs taşıma yeteneklerindeki farklılık; yaşam öyküsü

parametreleri, beslenme alışkanlıkları, konukçu bitki tercihleri, beyazsineklerin barındırdığı bakteriyel endosimbiyoz ortaklarına ve böcek popülasyonunun genetik geçmişiyle ilişkili olduğu bilinmektedir (Kliot vd., 2014). Örneğin, TYLCV'nin taşınması, vektörün endosimbiyotik bakterileri tarafından üretilen 63-kDa GroEL proteinine bağlıdır (Morin vd., 1999). TYLCV'nin *B. tabaci* tarafından taşınmasında, vektörün endosimbiyotik bakterileri tarafından üretilen GroEL proteini, virüs partikülleri ile etkileşime girerek virüs partiküllerine bağlandığı ve partikül stabilitesini desteklediği düşünülmektedir (Brown & Czosnek, 2002). Gottlieb vd., (2010)'da yaptıkları çalışmada İsrail'deki B ve Q biyotiplerinin TYLCV'yi taşıma etkinliklerinin spesifik simbiyontlara bağlı olarak değiştiğini belirtmiştir. Kilot vd., (2014) *Rickettsia* ile enfekte beyazsineklerin beslenme esnasında daha fazla viryon edindiği ve bu durumun da TYLCV bulaşmasını neredeyse iki katına çıkmasına neden olduğunu belirtmişlerdir.

Tohumla taşınma

Tohumlar primer inokulum kaynağı olmaları ve hastalığın başlangıcında rol oynamaları nedeniyle virüs epidemiyolojisinde büyük önem taşımaktadır. Tohumla taşınan 200'den fazla bitki virüsü bulunmakta olup, bu virüsler çoğunlukla *Potyvirus*, *Potexvirus*, *Nepovirus*, *Ilarvirus*, *Tobamovirus*, *Potexvirus*, *Cucumovirus* ve *Bromovirus* cinslerinde yer almaktadır (Davino vd., 2020). DNA virüsleri arasında yer alan *Caulimovirus* ve *Badnavirus* cinslerine ait bazı türlerin, enfekteli bitkilerin tohumları aracılığıyla taşınabildiği bilinmektedir. Buna karşın, uzun yıllar boyunca *Begomovirus* cinsine ait virüslerin tohumla taşınmadığı kabul edilmiştir. Ancak son yıllarda yürütülen çalışmalar, bazı begomovirüs türlerinin tohum kaynaklı olabileceğini ve sınırlı da olsa tohumla taşınabildiğini ortaya koymuştur. Tohumla taşınabildiği ilk rapor edilen begomovirüs, tatlı patateste sweet potato leaf curl virus (SPLCV, *Begomovirus ipomoeae*) olmuştur

(Kim vd., 2015). Bu çalışmayı takiben yürütülen araştırmalar; TYLCV (Kil vd., 2016), tomato leaf curl New Delhi virus (ToLCNDV, *Begomovirus solanumdelhiense*) (Sangeetha vd., 2018), bitter gourd yellow mosaic virus (BgYMV, *Begomovirus momordicae*) (Manivannan vd., 2019), mungbean yellow mosaic virus (MYMV, *Begomovirus vignaradiatae*) (Kothandaraman vd., 2016), bhendi yellow vein mosaic virus (BYVMV, *Begomovirus abelmoschusflavi*) (Sisodia & Mahatma, 2020) ve mungbean yellow mosaic India virus (MYMIV, *Begomovirus vignaradiataindiaense*) (Mulyadi vd., 2021) gibi bazı begomovirüslerin tohumlarda tespit edilebildiğini ve fideye aktarılabildiğini ortaya koymuştur.

Güney Kore'de gerçekleştirilen çalışmalarda TYLCV-IL izolatının enfekteli domates bitkilerinden elde edilen tohumlarda ve bu tohumlardan gelişen fidelerde yüksek oranlarda (yaklaşık %80) saptanması, virüsün tohumla taşınabileceğini göstermiştir (Kil vd., 2016). Bunu takiben, Just vd. (2017) TYLCV-IL'yi domates tohumlarının embriyo dokusunda lokalize olduklarını bildirmişlerdir. Domates dışında, TYLCV'nin biber ve soya fasulyesi gibi farklı konukçular türlerde de tohumla taşınabildiğine dair bulgular mevcuttur (Kil vd., 2017; 2018). Bununla birlikte, İspanya'da farklı TYLCV-IL izolatlarıyla yürütülen bir çalışmada, virüsün domates ve *Nicotiana benthamiana* tohumlarında tespit edilebildiği, ancak fideye sistemik olarak aktarılmadığı rapor edilmiştir (Pérez-Padilla vd., 2020). Sonuç olarak, farklı konukçu türler ve coğrafi bölgelerde elde edilen bulgular, TYLCV'nin tohumla taşınmasının konukçu genotipi, virüs izolatı ve çevresel koşullara bağlı olarak değişkenlik gösterdiğini; dolayısıyla bu özelliğin evrensel ve stabil olmadığını ortaya koymaktadır.

Alternatif Konukçular ve Rezervuar Bitkiler

Yabancı otlar, dünya genelinde geniş bir yayılış göstermekte ve ana ürün bitkilerinin bulunmadığı dönemlerde virüslerin varlığını

sürdürebilmesi ve yayılabilmesi için rezervuar veya alternatif konukçu görevi üstlenmektedir (Maliano vd., 2021; Wang vd., 2021). Ayrıca bu bitkiler, rekombinasyon ile mutasyon yoluyla yeni varyantların ortaya çıkmasını teşvik eden uygun bir ekolojik ortam oluşturmaktadır (Maliano vd., 2021). TYLCV'nin konukçusu olarak belirlenen bitki türleri oldukça geniş bir taksonomik dağılım göstermekte olup, başlıca Amaranthaceae, Asclepiadaceae, Chenopodiaceae, Convolvulaceae, Euphorbiaceae, Solanaceae, Asteraceae, Malvaceae, Plantaginaceae, Fabaceae ve Apiaceae familyaları içerisinde yer almaktadır (Jorda vd., 2001; Tabassum vd., 2025). Bu familyalara ait konukçular arasında *Asteriscus aquaticus*, *Calendula arvensis*, *Urospermum picroides*, *Lens esculenta*, *Lotus halophilus*, *Malva nicaeensis*, *Plantago lagopus*, *Datura stramonium*, *D. inoxia*, *Convolvulus arvensis*, *Solanum nigrum*, *S. villosum*, *Amaranthus* sp., *Chrysanthemum* sp., *Conyza bonariensis*, *Sonchus* sp., *Hirschfeldia incana*, *Raphanus* sp., *Sinapis* sp., *Chrozophora tinctoria*, *Erodium* sp., *Scorpiurus muricatus* ve *Lavatera cretica* gibi türler bulunmaktadır (Papayiannis vd., 2011; Tabassum vd., 2025). Dünya genelinde birçok yabancı ot türünün TYLCV ile enfekteli olmasına rağmen belirgin bir simptom göstermediği bilinmektedir. Bununla birlikte, özellikle *Solanum*, *Datura*, *Sinapis* ve *Sonchus* cinslerine ait bazı türlerde TYLCV enfeksiyonu ile ilişkili olarak sararma, yaprak kıvrılması ve damar arası kloroz gibi tipik belirtilerin ortaya çıkabildiği bildirilmektedir (Papayiannis vd., 2011).

Simptomatoloji

TYLCV, domates sarı yaprak kıvırcıklığı hastalığının (TYLCD) başlıca etmeni olup, begomovirüsler arasında hastalık şiddeti ve yayılış alanı bakımından en önemli etmen olarak kabul edilmektedir (Scholthof vd., 2011; Yan vd., 2021). Hastalık belirtileri genellikle enfeksiyondan birkaç hafta sonra ortaya çıkmaktadır. En karakteristik simptomlar arasında yaprak

kenarlarının yukarı doğru kıvrılması, yaprak alanında belirgin küçülme ve genç yapraklarda sararma yer almaktadır (Şekil 2). Bitkilerin erken gelişme döneminde enfekte olması durumunda, uç ve koltuk altı sürgünlerinde dikleşme gözlenmekte; yaprakçıklar ise küçülerek anormal şekilli bir görünüm kazanmaktadır (Cohen & Antignus, 1994). Hastalığın ilerleyen dönemlerinde çiçek ve meyve dökümü artmakta, bunu bitki büyümesinin durması izlemektedir (Cohen & Antignus, 1994). Enfekteli bitkilerde çiçeklerde solma, %90'a varan çiçek dökümü, meyve tutumunda azalma ve buna bağlı olarak önemli verim kayıpları meydana gelmektedir. Belirtilerin şiddeti, bitki üzerindeki dağılımı ve ortaya çıkış zamanı; yetiştirilen çeşide, virüs izolatına ve çevresel koşullara bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. Enfekteli bitkilerden elde edilen meyvelerde genellikle belirgin bir simptom gözlenmemektedir. TYLCV, domates dışında fasülye bitkisinde de enfeksiyon oluşturarak fasülye yaprak buruşukluğu hastalığına (bean leaf crumple disease, BLCD) neden olmaktadır. Bu hastalık; bitkide bodurlaşma, anormal sürgün gelişimi, internod uzunluğunda kısalma, enfekteli yapraklarda kalınlaşma ve buruşma, çiçek dökümü ve bakla deformasyonu ile karakterize edilmektedir (Navas-Castillo vd., 1999).

Şekil 2. TYLCV ile enfekteli domates bitkilerinde sararma, kıvrılma (A, B) ve bodurlaşma (C) simptomları



Kaynak: Fotoğraflar S.C. BALSAK'a aittir.

Tanılama Yöntemleri

Virüslerin zamanında ve doğru bir şekilde belirlenmesi, üreticiler için etkili yönetim stratejilerinin geliştirilmesinde büyük önem taşımaktadır. Ancak begomovirüslerin biyolojik özellikleri, tanı ve deneysel çalışmalar açısından çeşitli güçlükler ortaya çıkarmaktadır. Örneğin, begomovirüslerin çoğu mekanik inokulasyon (özsu ile bulaştırma) yoluyla aktarılamamaktadır. Ayrıca, bitki dokularından yeterli miktarda saflaştırılmış virüsün elde edilmesi oldukça güç olması begomovirüslere karşı poliklonal antikorların üretimindeki en önemli sınırlayıcı faktörlerden biridir. Spesifik antikor geliştirilmesindeki zorluklar ve virüsün düşük antijenik özellik göstermesi, begomovirüslerin tespitinde enzim bağlı immünosorbent analiz (enzyme-linked immunosorbent assay,

ELISA) yönteminin kullanımını sınırlandırmaktadır. Bu tekniğin en önemli sorunlarından biri de, bir begomovirüsün kapsid proteini (CP)'ne karşı üretilen antikorların diğer begomovirüslerle çapraz reaksiyon göstermesidir (Phaneendra vd., 2014). Her ne kadar TYLCV ve ToLCNDV gibi bazı begomovirüsler için serolojik testler geliştirilmiş olmasına rağmen bu yöntemler yaygın olarak kullanılmamaktadır (Xie vd., 2013; Seepiban vd., 2017). Bu sınırlılıklar nedeniyle, begomovirüslerin tanısında nükleik asit temelli yöntemler ön plana çıkmıştır. Başlangıçta, klonlanmış begomovirüs DNA'larının prob olarak kullanıldığı dot-blot hibridizasyon testi uygulanmıştır (Alfaro-Fernández vd., 2016). Bununla birlikte, DNA dizileme ile birlikte kullanılan polimeraz zincir reaksiyon (PCR) teknolojisi, günümüzde begomovirüslerin tespiti ve karakterizasyonunda en yaygın yöntem haline gelmiştir. Ayrıca, dairesel DNA moleküllerini seçici olmadan çoğaltan rolling circle amplification (RCA) yöntemi, karakterize edilmemiş ve yeni begomovirüslerin tespiti ve klonlanmasına olanak sağlamıştır (Inoue-Nagata vd., 2016). RCA'nın restriksiyon enzimleriyle birlikte kullanılması, begomovirüslerin karışık enfeksiyonlarının belirlenmesinde de etkili bir yöntem olarak kullanılmaktadır (Haible vd., 2006). Son yıllarda, Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) tekniğine dayalı gerçek zamanlı patojen tespiti, hem laboratuvar ortamında hem de tarla koşullarında hızlı ve güvenilir tanı yapılmasını mümkün kılmıştır (Wilisiani vd., 2019). Çok sayıda araştırmada, sebze bitkilerini enfekte eden begomovirüslerin tespitinde LAMP yönteminin başarıyla kullanıldığı bildirilmiştir (Herrera-Vasquez vd., 2018).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

TYLCV, yüksek mutasyon hızı ve sık rekombinasyon göstermesi nedeniyle tamamen kontrol altına alınması oldukça güç olan bir patojendir. Bu nedenle, hastalığın neden olduğu zararı azaltmaya yönelik mücadele stratejileri genellikle entegre

yaklaşımlara dayanmaktadır. TYLCV ile mücadelede en yaygın uygulamalar, virüsün vektörü olan beyazsineğin (*Bemisia tabaci*) kontrolüne yöneliktir. Bu kapsamda insektisit kullanımı ve fiziksel bariyerlerin (örneğin böcek tülleri) uygulanması temel yöntemler arasında yer almaktadır (Palumbo vd., 2001; Polston ve Lapidot, 2008). Bununla birlikte, insektisitler ve biyolojik mücadele etmenleri genellikle birincil enfeksiyonların önlenmesinde sınırlı etki göstermektedir. Ayrıca, vektör popülasyonlarının insektisitlere karşı direnç geliştirme potansiyeli ve yoğun kimyasal kullanımının çevresel etkileri önemli kısıtlayıcı faktörlerdir (Palumbo vd., 2001). Kültürel önlemler de hastalık yönetiminde önemli bir yer tutmaktadır. Enfekteli bitkilerin üretim sezonunun erken dönemlerinde ortamdan uzaklaştırılması ve yabancı ot mücadelesinin etkin şekilde yapılması, özellikle ikincil enfeksiyonların azaltılmasında etkili olmaktadır. Bunun yanı sıra, tohumla taşınabilen begomovirüslerin yönetiminde virüsten ari sertifikalı tohumluk kullanımı, birincil inokulum kaynaklarının azaltılması açısından kritik öneme sahiptir (Garcia-Arenal ve McDonald, 2003). Konukçu dayanıklılığı, günümüze kadar geliştirilen mücadele yöntemleri arasında en ekonomik ve etkili yaklaşım olarak kabul edilmektedir. Domateste, *S. peruvianum*, *S. chilense*, *S. pimpinellifolium* ve *S. habrochaites* olmak üzere bazı yabani türlerden aktarılan *Ty*-1, *Ty*-2, *Ty*-3, *Ty*-4, *ty*-5 ve *Ty*-6 olmak üzere altı farklı dayanıklılık geni genleri, TYLCV'ye karşı dayanıklılık ıslahında önemli başarılar sağlamıştır (Gill vd., 2019; Yan vd., 2014). Bu genlerden *Ty*-1/*Ty*-3, *Ty*-2 ve *ty*-5 klonlanmış ve moleküler düzeyde karakterize edilmiştir (Yan vd., 2014). Günümüzde özellikle *Ty*-1 ve *Ty*-3 genlerinin kültür domatesine aktarılması, dünya genelindeki ıslah programlarının temel odak noktalarından biri haline gelmiştir.

Son yıllarda biber gibi diğer sebze türlerinde de begomovirüslere karşı genetik dayanıklılığın geliştirilmesine

yönelik önemli ilerlemeler kaydedilmiştir. Ayrıca, geleneksel ıslah yöntemlerine alternatif olarak transgenik ve moleküler biyoteknolojik yaklaşımlar kullanılarak çeşitli sebze türlerinde begomovirüslere dayanıklı genotipler geliştirilmiştir. Bu kapsamda, bitkisel savunma genlerinin aşırı eksprese edilmesi (örneğin CchGLP) ve siRNA ile miRNA teknolojileri kullanılarak viral genomu hedefleyen genlerin (AC1, AC2 ve βC1) veya beyazsinek genomunda yer alan genlerin (v-ATPase ve P450 CYP6M1) susturulmasına yönelik stratejiler araştırılmıştır ve hastalığın gelişmesinin önlenmesinde etkili bulunmuştur (Devendran vd., 2022). Şimdiye kadar ele alınan her bir strateji, hastalıkların kontrolüne belirli ölçülerde katkı sağlamaktadır. Ancak, sebze üretiminde begomovirüslerin etkin, kalıcı ve sürdürülebilir bir şekilde yönetilebilmesi için bütüncül bir Entegre Zararlı ve Hastalık Yönetimi yaklaşımının benimsenmesi gerekmektedir.

Kaynaklar

Abhary, M., Patil, B., & Fauquet, C. (2007). Molecular biodiversity, taxonomy, and nomenclature of tomato yellow leaf curl-like viruses. In H. Czosnek (Ed.), *Tomato yellow leaf curl virus disease* (pp. 85–118).

Avgelis, A. D., Roditakis, N., Dovas, C. I., Katis, N. I., Varveri, C., Vassilakos, N., & Bem, F. (2001). First report of tomato yellow leaf curl virus on tomato crops in Greece. *Plant Disease, 85*(6), 678. https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.6.678C

Balsak, S. C. (2025). Investigation of begomovirus infections in greenhouse tomato production areas in the Eastern Mediterranean region. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 12(2), 433–440. https://doi.org/10.30910/turkjans.1603727

Bisaro, D. M. (2006). Silencing suppression by geminivirus proteins. *Virology, 344*(1), 158–168. https://doi.org/10.1016/j.virol.2005.09.041

Briddon, R. W., Patil, B. L., Bagewadi, B., Nawaz-ul-Rehman, M. S., & Fauquet, C. M. (2010). Distinct evolutionary histories of the DNA-A and DNA-B components of bipartite begomoviruses. *BMC Evolutionary Biology, 10*, 97. https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-97

Brown, J. K., & Czosnek, H. (2002). Whitefly transmitted viruses. In *Advances in Botanical Research* (pp. 65–100). Academic Press.

Brown, J. K., Zerbini, F. M., Navas-Castillo, J., Moriones, E., Ramos-Sobrinho, R., Silva, J. C., Fiallo-Olivé, E., Briddon, R. W., Hernández-Zepeda, C., & Idris, A. (2015). Revision of begomovirus taxonomy based on pairwise sequence comparisons. *Archives of Virology, 160*, 1593–1619.

Brown, J. K., Zerbini, F. M., Navas-Castillo, J., Moriones, E., Ramos-Sobrinho, R., Silva, J. C. F., et al. (2015). Revision of Begomovirus taxonomy based on pairwise sequence comparisons. *Springer.*

Cherif, C., & Russo, M. (1983). Cytological evidence of the association of a geminivirus with the tomato yellow leaf curl disease in Tunisia. *Journal of Phytopathology, 108*, 221–225. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1983.tb00582.x

Cohen, S. & Harpaz, I. (1964). Periodic rather than continual acquisition of new tomato virus by its vector, the tobacco whitefly (*Bemisia tabaci* Gennadius). *Entomol. Exp. Appl*. **7**, 155–166.

Cohen, S., & Antignus, Y. (1994). Tomato yellow leaf curl virus, a whitefly-borne geminivirus in tomato. *Advances in Disease Vector Research, 10*, 259–288.

Cohen, S., & Nitzany, F. E. (1966). Transmission and host range of the tomato yellow leaf curl virus. *Phytopathology, 56*, 1127–1131.

Czosnek, H. (2007). Interactions of tomato yellow leaf curl virus with its whitefly vector. In H. Czosnek (Ed.), *Tomato yellow leaf curl virus disease* (pp. 157–170). Springer.

Czosnek, H., & Laterrot, H. (1997). A worldwide survey of tomato yellow leaf curl viruses. *Archives of Virology, 142*(7), 1391–1406. https://doi.org/10.1007/s007050050168

Czosnek, H., Navot, N., & Laterrot, H. (1990). Geographical distribution of tomato yellow leaf curl virus: A first survey using a specific DNA probe. *Phytopathologia Mediterranea, 29*, 1–6.

Çulal-Kılıç, H., Ürgen, G., & Yardımcı, N. (2017). Greenhouse tomato crops affected by viruses in the west Mediterranean region of Turkey. *Bangladesh Journal of Botany, 46*(4), 1421–1424.

Davino, S., Caruso, A. G., Bertacca, S., Barone, S., & Panno, S. (2020). Tomato brown rugose fruit virus: Seed transmission rate and efficacy of different seed disinfection treatments. *Plants, 9*(11), 1615. https://doi.org/10.3390/plants9111615

Duffus, J. E. (1987). Whitefly transmission of plant viruses. In K. F. Harris (Ed.), *Current topics in vector research* (Vol. 4). Springer.

EPPO. (1995). *Tomato yellow leaf curl virus in Turkey*. EPPO Reporting Service, 95/024.

Fauquet, C. M., Bisaro, D. M., Briddon, R. W., Brown, J., Harrison, B. D., Rybicki, E. P., Stenger, D. C., & Stanley, J. (2003). Revision of taxonomic criteria for species demarcation in the Geminiviridae family, and a new updated list of begomovirus species. *Archives of Virology, 148*, 405–421.

Fiallo-Olivé, E., Lett, J. M., Martin, D. P., Roumagnac, P., Varsani, A., Zerbini, F.M., Navas-Castillo, J., & ICTV Report Consortium (2021). ICTV Virus Taxonomy Profile: Geminiviridae 2021, *Journal of General Virology,* 102:001696.

Fidan, H., & Sarıkaya, P. (2020). Antalya ili patlıcan (*Solanum melongena*) yetiştiriciliğinde sorun olan virüs hastalıkları. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 33(1), 27–35. https://doi.org/10.29136/mediterranean.642226

Fidan, H., Karacaoğlu, M., Koç, G., & Çağlar, B. K. (2019). Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) strains and epidemiological role of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotypes on tomato agroecology in Turkey. *Applied Ecology and Environmental Research*, 17(4), 9131–9144.

Fondong, V. N. (2013). Geminivirus protein structure and function. *Molecular Plant Pathology, 14*, 635–649. https://doi.org/10.1111/mpp.12032

Font, I., Martinez-Culebras, P., & Jorda, C. (2000). First report of tomato yellow leaf curl virus-Is (TYLCV-Is) in the Canary Islands. *Plant Disease, 84*(9), 1046. https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.9.1046C

Fortes, I. M., Pérez-Padilla, V., Romero-Rodríguez, B., Fernández-Muñoz, R., Moyano, C., Castillo, A. G., De León, L., & Moriones, E. (2023). Begomovirus Tomato leaf curl New Delhi virus is seedborne but not seed transmitted in melon. *Plant Disease, 107*, 473–479.

Garcia-Arenal, F., & McDonald, B. A. (2003). An analysis of the durability of resistance to plant viruses. *Phytopathology, 93*, 941–952. https://doi.org/10.1094/PHYTO.2003.93.8.941

Ghosh, A., Roy, B., Nekkanti, A., Das, A., Dhar, S., & Mukherjee, S. (2021). Transovarial transmission of dolichos yellow

mosaic virus by its vector, *Bemisia tabaci* Asia II 1. *Frontiers in Microbiology, 12*, 755155. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.755155

Gilbertson, R. L., Batuman, O., Webster, C. G., & Adkins, S. (2015). Role of the insect supervectors *Bemisia tabaci* and *Frankliniella occidentalis* in the emergence and global spread of plant viruses. *Annual Review of Virology, 2*, 67–93. https://doi.org/10.1146/annurev-virology-031413-085410

Gill, U., Scott, J. W., Shekasteband, R., Ogundiwin, E., Schuit, C., Francis, D. M., et al. (2019). Ty-6, a major begomovirus resistance gene on chromosome 10, is effective against tomato yellow leaf curl virus and tomato mottle virus. *Theoretical and Applied Genetics, 132*(5), 1543–1554.

Glick, E., Levy, Y., & Gafni, Y. (2009). The viral etiology of tomato yellow leafcurl disease: A review. *Plant Protection Science, 45*, 81–97.

Gul-Seker, M., Ekinci, H., Ozturk, C., & Elibuyuk, I. O. (2015). Current situation of tomato yellow leaf curl disease (TYLCD) in Antalya, Turkey. *Plant Protection Science, 51*(4), 208–213. https://doi.org/10.17221/95/2014-PPS

Haible, D., Kober, S., & Jeske, H. (2006). Rolling circle amplification revolutionizes diagnosis and genomics of geminiviruses. *Journal of Virological Methods, 135*, 9–16.

Hanssen, I. M., Lapidot, M., & Thomma, B. P. (2010). Emerging viral diseases of tomato crops. *Molecular Plant-Microbe Interactions, 23*, 539–548.

Herrera-Vasquez, J. A., Puchades, A. V., Elvira-Gonzalez, L., Jaen-Sanjur, J. N., Carpino, C., Rubio, L., & Galipienso, L. (2018). Fast detection by loop-mediated isothermal amplification (LAMP)

of the three begomovirus species infecting tomato in Panama. *European Journal of Plant Pathology, 151*, 243–250.

Hillocks, R. J., Thresh, J. M., Tomas, J., Botao, M., Macia, R., & Zavier, R. (2002). Cassava brown streak disease in northern Mozambique. *International Journal of Pest Management, 48*, 178–181. https://doi.org/10.1080/09670870110087376

Inoue-Nagata, A. K., Albuquerque, L. C., Rocha, W. B., & Nagata, T. A. (2004). Simple method for cloning the complete begomovirus genome using the bacteriophage φ29 DNA polymerase. *Journal of Virological Methods, 116*, 209–211.

International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) (2025). ICTV Master Species List 2025.v1. Available at: https://ictv.global/msl

International Committee on Taxonomy of Viruses. (10.02.2026). *ICTV .taxonomy*. Retrieved March 4, 2026, from https://talk.ictvonline.org/taxonomy

Jorda, C., Font, I., Martinez, P., Juarez, M., & Ortega, A. (2001). Current status and new natural hosts of tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in Spain. *Plant Disease, 85*, 445.

Just, K., Arif, U., Luik, A., & Kvarnheden, A. (2017). Monitoring infection of tomato fruit by tomato yellow leaf curl virus. *Plant Pathology, 66*, 522–528. https://doi.org/10.1111/ppa.12596

Kanakala, S., & Ghanim, M. (2018). Whitefly-transmitted begomoviruses and advances in the control of their vectors. In B. Patil (Ed.), *Genes, genetics and transgenics for virus resistance in plants* (pp. 201–220). Ciaster Academic Press.

Kil, E. J., Kim, S., Lee, Y. J., Byun, H. S., Park, J., Seo, H., Kim, C. S., Shim, J. K., Lee, J. H., Kim, J. K., Lee, K. Y., Choi, H. S., & Lee, S. (2016). Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV-IL): A

seed-transmissible geminivirus in tomatoes. *Scientific Reports, 6*, 19013. https://doi.org/10.1038/srep19013

Kil, E. J., Park, J., Choi, E. Y., Byun, H. S., Lee, K. Y., An, C. G., et al. (2018). Seed transmission of tomato yellow leaf curl virus in sweet pepper (*Capsicum annuum*). *European Journal of Plant Pathology, 150*, 759–764. https://doi.org/10.1007/s10658-017-1304-8

Kim, J., Kil, E. J., Kim, S., Seo, H., Byun, H. S., Park, J., Chung, M. N., Kwak, H. R., Kim, M. K., Kim, C. S., & Yang, J. W. (2015). Seed transmission of sweet potato leaf curl virus in sweet potato (*Ipomoea batatas*). *Plant Pathology, 64*, 1284–1291.

Kliot, A., Cilia, M. L., Czosnek, H., & Ghanim, M. (2014). Implication of the bacterial endosymbiont *Rickettsia* spp. in interactions of the whitefly *Bemisia tabaci* with tomato yellow leaf curl virus. *Journal of Virology, 10*, 5652–5660.

Kothandaraman, S. V., Devadason, A., & Ganesan, M. V. (2016). Seed-borne nature of a begomovirus, mung bean yellow mosaic virus in black gram. *Applied Microbiology and Biotechnology, 100*, 1925–1933. https://doi.org/10.1007/s00253-015-7188-7

Liu, B. M., Preisser, E. L., Chu, D., et al. (2013). Multiple forms of vector manipulation by a plant-infecting virus: *Bemisia tabaci* and tomato yellow leaf curl virus. *Journal of Virology, 87*(9), 4929–4937. https://doi.org/10.1128/JVI.03571-12

Makkouk, K. M. (1978). A study on tomato viruses in the Jordan Valley with special emphasis on tomato yellow leaf curl. *Plant Disease Reporter, 62*, 259–262.

Malathi, V. G., Renukadevi, P., Chakraborty, S., Biswas, K. K., Roy, A., Sivalingam, P. N., Venkataravanappa, V., & Mandal, B. (2017). Begomoviruses and their satellites occurring in India:

Distribution, diversity and pathogenesis. In B. Mandal, G. Rao, V. Baranwal, & R. Jain (Eds.), *A century of plant virology in India* (pp. 75–177). Springer.

Maliano, M. R., Macedo, M. A., Rojas, M. R., & Gilbertson, R. L. (2021). Weed-infecting viruses in a tropical agroecosystem present different threats to crops and evolutionary histories. *PLoS ONE, 16*(4), e0250066. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0250066

Manivannan, K., Renukadevi, P., Malathi, V. G., Karthikeyan, G., & Balakrishnan, N. A. (2019). New seed-transmissible begomovirus in bitter gourd (*Momordica charantia* L.). *Microbial Pathogenesis, 128*, 82–89. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.12.036

Martin, J. H., & Mound, L. A. (2007). An annotated check list of the world's whiteflies (Insecta: Hemiptera: Aleyrodidae). *Zootaxa, 1492*, 81–84.

Melzer, M. J., Ogata, D. Y., Fukuda, S. K., Shimabuku, R., Borth, W. B., Sether, D. M., & Hu, J. S. (2010). First report of tomato yellow leaf curl virus in Hawaii. *Plant Disease, 94*(5), 641. https://doi.org/10.1094/PDIS-94-5-0641B

Morales, F. J., & Anderson, P. K. (2001). The emergence and dissemination of whitefly-transmitted geminiviruses in Latin America. *Archives of Virology, 146*, 415–441. https://doi.org/10.1007/s007050170153

Morilla, G., Janssen, D., García-Andrés, S., Moriones, E., Cuadrado, I. M., & Bejarano, E. R. (2005). Pepper (*Capsicum annuum*) is a dead-end host for tomato yellow leaf curl virus. *Phytopathology, 95*, 1089–1097.

Morin, S., Ghanim, M., Zeidan, M., Czosnek, H., Verbeek, M., & van den Heuvel, J. F. (1999). A GroEL homologue from

endosymbiotic bacteria of the whitefly *Bemisia tabaci* is implicated in the circulative transmission of tomato yellow leaf curl virus. *Virology, 256*(1), 75–84. https://doi.org/10.1006/viro.1999.9631

Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2000). Tomato yellow leaf curl virus, an emerging virus complex causing epidemics worldwide. *Virus Research, 71*(1–2), 123–134. https://doi.org/10.1016/s0168-1702(00)00193-3

Mulyadi, D., Sulandari, S., Hartono, S., & Somowiyarjo, S. (2021). Distribution, host range and detection of seed-borne yellow mosaic disease on yardlong beans (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* L.) in the special region of Yogyakarta, Indonesia. *Biodiversity Journal, 22*, 3949–3957. https://doi.org/10.13057/biodiv/d220942

Navas-Castillo, J., Fiallo-Olivé, E., & Sánchez-Campos, S. (2011). Emerging virus diseases transmitted by whiteflies. *Annual Review of Phytopathology, 49*(1), 219–248. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-072910-095235

Navas-Castillo, J., Sánchez-Campos, S., Díaz, J. A., Saez-Alonso, E., & Moriones, E. (1999). Tomato yellow leaf curl virus-Is causes a novel disease of common bean and severe epidemics in tomato in Spain. *Plant Disease, 83*(1), 29–32. https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.1.29

Palumbo, J. C., Horowitz, A. R., & Prabhaker, N. (2001). Insecticidal control and resistance management for *Bemisia tabaci*. *Crop Protection, 20*, 739–766.

Pan, H., Chu, D., Yan, W., Su, Q., Liu, B., Wang, S., Wu, Q., Xie, W., Jiao, X., Li, R., Yang, N., Yang, X., Xu, B., Brown, J. K., Zhou, X., & Zhang, Y. (2012). Rapid spread of tomato yellow leaf curl virus in China is aided differentially by two invasive whiteflies.

PLoS ONE, 7, e34817. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0034817

Pan, L. L., Miao, H., Wang, Q., Walling, L. L., & Liu, S. S. (2021). Virus-induced phytohormone dynamics and their effects on plant–insect interactions. *New Phytologist, 230*, 1305–1320.

Papayiannis, L. C., Katis, N. I., Idris, A. M., & Brown, J. K. (2011). Identification of weed hosts of tomato yellow leaf curl virus in Cyprus. *Plant Disease, 95*(2), 120–125. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-10-0346

Perez-Padilla, V., Fortes, I. M., Rodriguez, B. R., Mateos, M. A., Castillo, A., Moyano, C., et al. (2020). Revisiting seed transmission of the type strain of tomato yellow leaf curl virus in tomato plants. *Phytopathology, 110*, 121–129. https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-19-0232-FI

Phaneendra, C., Rao, K. R. S. S., Kapoor, R., Jain, R. K., & Mandal, B. (2014). Fusion coat protein of pumpkin yellow vein mosaic virus with maltose binding protein: Applications in immunodiagnosis of begomoviruses. *Virus Diseases, 25*(3), 390–393.

Polston, J. E., & Lapidot, M. (2008). Tomato yellow leaf curl virus. In G. P. Rao, L. Kumar, & R. J. Holguin-Pena (Eds.), *Characterization, diagnosis & management of plant viruses* (Vol. 3, pp. 41–161). Studium Press LLC.

Priyadarshini, C. G. P., Ambika, M. V., Tippeswamy, R., & Savithri, H. S. (2011). Functional characterization of coat protein and V2 involved in cell-to-cell movement of cotton leaf curl Kokhran virus-Dabawali. *PLoS ONE, 6*(11), e26929. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0026929

Rehman, M., Chakraborty, P., Tanti, B., Mandal, B., & Ghosh, A. (2021). Occurrence of a new cryptic species of *Bemisia*

tabaci (Hemiptera: Aleyrodidae): An updated record of cryptic diversity in India. *Phytoparasitica, 49*(5), 869–882. https://doi.org/10.1007/s12600-021-00909-9

Rojas, M. R., Kon, T., Natwick, E. T., Polston, J. E., Akad, F., & Gilbertson, R. L. (2007). First report of tomato yellow leaf curl virus associated with tomato yellow leaf curl disease in California. *Plant Disease, 91*(8), 1056. https://doi.org/10.1094/PDIS-91-8-1056A

Sangeetha, B., Malathi, V. G., Alice, D., Suganthy, M., & Renukadevi, P. (2018). A distinct seed-transmissible strain of tomato leaf curl New Delhi virus infecting chayote in India. *Virus Research, 258*, 81–91. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2018.10.009

Scholthof, K. B. G., Adkins, S., Czosnek, H., Palukaitis, P., Jacquot, E., Hohn, T., Hohn, B., Saunders, K., Candresse, T., Ahlquist, P., et al. (2011). Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology, 12*, 938–954. https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00752.x

Seal, S. E., Jeger, M. J., & Van den Bosch, F. (2006). Begomovirus evolution and disease management. *Advances in Virus Research, 67*, 297–316. https://doi.org/10.1016/S0065-3527(06)67008-5

Seepiban, C., Charoenvilaisiri, S., Warin, N., Bhunchoth, A., Phironrit, N., Phuangrat, B., Chatchawankanphanich, O., Attathom, S., & Gajanandana, O. (2017). Development and application of triple antibody sandwich enzyme-linked immunosorbent assays for begomovirus detection using monoclonal antibodies against tomato yellow leaf curl Thailand virus. *Virology Journal, 14*, 99.

Senanayake, D. M. J. B., Varma, A., & Mandal, B. (2012). Virus–vector relationships, host range, detection and sequence comparison of chilli leaf curl virus associated with an epidemic of

leaf curl disease of chilli in Jodhpur. *Indian Phytopathology, 160*, 146–155. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2011.01876.x

Sertkaya, G., & Sertkaya, E. (2005). Incidence and insect transmission of tomato yellow leaf curl virus in Hatay province of Turkey. *Acta Horticulturae*, 695, 423–428.

Sisodia, P., & Mahatma, L. (2020). Detection of bhendi yellow vein mosaic virus (BYVMV) from the different parts of bhendi (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) plant, flower and seed. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 9*, 389–395. https://doi.org/10.20546/ijcmas

Tabassum, M., Vo, T. B. T., Lal, A., Ho, P. T., Hoang, P. T., Lee, K.-Y., Chung, Y., Jahan, S. M. H., Kil, E.-J., & Lee, S. (2025). Eco-pathological validation of weed preferences as reservoirs for tomato yellow leaf curl virus and whitefly. *Plant Disease*. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-25-1463-RE

Ürgen, G. (2014). *Fethiye yöresindeki domates seralarında önemli virüs hastalıklarının belirlenmesi* (Yüksek lisans tezi). Süleyman Demirel Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü.

Wilisiani, F., Tomiyama, A., Katoh, H., Hartono, S., Neriya, Y., Nishigawa, H., & Natsuaki, T. (2019). Development of a LAMP assay with a portable device for real-time detection of begomoviruses under field conditions. *Journal of Virological Methods, 265*, 71–76.

Xie, Y., Jiao, X., Zhou, X., Liu, H., Ni, Y., & Wu, J. (2013). Highly sensitive serological methods for detecting tomato yellow leaf curl virus in tomato plants and whiteflies. *Virology Journal, 10*, 142. https://doi.org/10.1186/1743-422X-10-142

Yan, Z., Wolters, A.-M. A., Navas-Castillo, J., & Bai, Y. (2021). The global dimension of tomato yellow leaf curl disease:

Current status and breeding perspectives. *Microorganisms, 9*(4), 740. https://doi.org/10.3390/microorganisms9040740

Yang, X., Caro, M., Hutton, S. F., Scott, J. W., Guo, Y., Wang, X., et al. (2014). Fine mapping of the tomato yellow leaf curl virus resistance gene. *Molecular Breeding, 34*, 749–760. https://doi.org/10.1007/s11032-014-0072-9

Yassin, A. M., & Nour, M. A. (1965). Tomato leaf curl diseases in the Sudan and their relation to tobacco leaf curl. *Annals of Applied Biology, 56*(2), 207–217. https://doi.org/10.1111/aab.1965.56.issue-2

Yılmaz, N. A. (1994). Tomato yellow leaf curl virus affects tomato production in Turkey. *Arab and Near East Plant Protection Newsletter*, (18), 31–33. Food and Agriculture Organization.

Zhang, H., Gong, H., & Zhou, X. (2009). Molecular characterization and pathogenicity of tomato yellow leaf curl virus in China. *Virus Genes, 39*, 249–255. https://doi.org/10.1007/s11262-009-0384-8

BÖLÜM 3

Cucumovirus CMV (Cucumber mosaic virus, CMV)

NEVİN AKDURA[1]

Giriş

Kabakgiller (*Cucurbitaceae*), farklı tarımsal ekosistemlerde yetiştirilebilen önemli kültür bitkilerini barındırmaktadır ve farklı tarımsal ekosistemlerde yetiştirilebilseler de üretimlerini kısıtlayan çeşitli biyotik etmenler mevcuttur. Bunlar arasında funguslar, bakteriler ve virüsler öne çıkmaktadır. Bitkilerde enfeksiyon oluşturan yaklaşık 11.000 hastalık etmeni bulunmaktadır (Agrios, 1997). Viral etmenler, kabakgil üretimini ciddi ölçüde tehdit etmektedir ve bu etmenlere karşı kimyasal mücadele yöntemlerinin bulunmaması nedeni ile nispeten diğer hastalık etmenlerine göre önem taşımaktadırlar.

Dünyada bitki hastalıklarından kaynaklanan verim kaybı yaklaşık %13 düzeyinde seyretmekte olup bitki patojeni virüsler bu kayıpların önemli bir kısmından sorumludur (Fauquet, 2005; Strange

[1]Dr. Öğr. Üyesi, Hakkari Üniversitesi, Eğitim Fakültesi, Matematik ve Fen Bilimleri Eğitimi, Orcid: 0000-0001-6162-0500

& Scott, 2005). Dünya nüfusunun hızla artması ile birlikte gıda maddelerine olan gereksinim de artmakta; bu durum sebze tarımının önemini giderek daha da artırmaktadır. İnsanlar için vazgeçilmez besinler olan sebzeler, kritik vitaminler, çeşitli mineraller ve antioksidan maddeler içermektedirler (Sönmez & Ellialtıoğlu, 2014).

Cucurbitaceae familyası, insan beslenmesinde yaygın olarak kullanılan pek çok bitki türünü bünyesinde barındırmaktadır (Lira Saade & Montes Hernández, 1994). Bu familyaya ait karpuz (*Citrullus lanatus* L.), kavun (*Cucumis melo* L.), hıyar (*Cucumis sativus* L.) ve kabak (*Cucurbita* sp.) dünya genelinde en çok yetiştirilen kültür bitkilerindendir **(**Andres, 2004). Kabakgiller yaklaşık 11.000 yıl önce Yeni Dünya ve Asya'da kültüre alınmaya başlanmıştır. Dünyanın tropik ve ılıman iklim bölgelerinde bu familyaya ait yaklaşık 125 cins ve 960 tür bulunmaktadır (Chomicki vd., 2020).

Hıyar mozaik virüsü (Cucumber mosaic virus: CMV), dünya genelinde ekonomik olarak önemli kültür bitkilerinde, başta kabakgiller olmak üzere domates, biber, ıspanak, kereviz ve birçok süs bitkisinde hastalıklara sebep olan bir etmendir. Günümüzde moleküler bitki patolojisinde "en önemli on" virüsten biri olarak dikkat çekmektedir (Jacquemond, 2012; EPPO, 2026). CMV, kozmopolit bir dağılım göstererek dünya çapında yaygındır (Roossinck, 2001). Hem tropikal hem de ılıman iklim bölgelerinde geniş bir yayılıma sahip olup çok sayıda bitki türünü enfekte edebilmektedir. Ekonomik önemi yüksek tarım, sebze, baklagiller, meyveler, tahıllar ve süs bitkilerinde ciddi hastalıklara neden olan yıkıcı bir bitki virüsüdür (Singh, 1995; Kumari vd., 2013; Meena vd., 2022).

Bu virüsün ilk kaydı 1916 yılında Amerika Birleşik Devletleri'nde hıyar ve kavun yetiştirme alanlarında yapılmış olup, o tarihten bu yana Arjantin, Hindistan, Kore ve Çin gibi birçok

ülkede çeşitli tarım ve süs bitkilerinde tespit edilmiştir (Doolittle, 1916; Rodríguez Pardina vd., 2013; Nagendran vd., 2018; Park vd., 2018). Yaklaşık 100 farklı familyadan 500'den fazla cinse ait 1200'ü aşkın bitki türünü enfekte edebilme kapasitesi ile CMV bitki virüsleri arasında en geniş konukçu aralığına sahip patojen olarak öne çıkmaktadır (Tomlinson, 1987; Zitikaitė vd., 2011; Jacquemond, 2012). Bu geniş yayılım, virüsün farklı iklim bölgelerindeki adaptasyon yeteneği ve geniş konukçu aralığı ile yakından ilişkilidir (Singh, 1995). Başta kabakgiller olmak üzere domates, biber, ıspanak, kereviz ve birçok süs bitkisi de dahil olmak üzere tek ve çift çenekli pek çok kültür bitkisini enfekte edebilmektedir (Zitter & Murphy, 2009). Bu virüsün geniş konukçu dizisi içerisinde baklagiller (*Fabaceae*) ve patlıcangiller (*Solanaceae*) ve dahlia gibi önemli tarımsal ve süs bitkileri de bulunmaktadır (Brunt vd., 1996; Yeşil, 2022a). Bu kapsamlı konukçu spektrumu ve küresel dağılımı, CMV'yi sebzeler, süs bitkileri ve diğer tarımsal ürünlerde en önemli patojenlerden biri yapmaktadır (Kwon & Hong, 2017; Mochizuki & Ohki, 2011). Bu denli geniş bir konukçu dizisi, virüsün epidemiyolojisini karmaşık hale getirmekte ve mücadelesini önemli ölçüde güçleştirmektedir (Palukaitis & García-Arenal, 2003). CMV'nin geniş konukçu yelpazesi, genetik çeşitliliği ve adaptasyon kabiliyetiyle de doğrudan ilişkilidir; farklı alt grupları (örneğin, IA ve IB) coğrafi bölgelere ve konukçu türlerine özgü adaptasyonlar sergileyebilmektedir (Nouri vd., 2014). Örneğin, ülkemizde yapılan bir araştırmada, soğanda CMV enfeksiyonunun moleküler ve biyolojik karakterizasyonunu tamamlanmış ve bu durum virüsün farklı tarım ürünlerindeki varlığını bir kez daha doğrulamıştır (Santosa & Ertunç, 2021).

Bu genetik varyasyon ve moleküler esneklik, Virüsün farklı konukçu türleri ve çevresel koşullar altında başarılı bir şekilde yayılmasını sağlamaktadır (Apalowo vd., 2022). Bu adaptasyon yeteneği, virüsün farklı ekosistemlerdeki kalıcılığını ve

patojenitesini sürdürme mekanizmalarının anlaşılması için kapsamlı araştırmaları gerektirmektedir.

CMV, 29-30 nm çapında izometrik partiküllere ve tek sarmallı RNA (ssRNA) genomuna sahip olup, dünya genelinde yetiştirilen ürünlerde bitki gelişiminde bodurlaşma, yaprak deformasyonları ve mozaik belirtileri gibi şiddetli simptomlara neden olarak önemli verim kayıplarına yol açmaktadır **(**Van Regenmortel vd., 2000; Şevik & Baltacı, 2024). Bu durum, CMV'nin tarımsal üretimde önemli bir tehdit oluşturduğunu ve küresel gıda güvenliği üzerinde ciddi etkileri olabileceğini göstermektedir (Zitikaitė vd., 2011). Tarla koşullarındaki yayılımı; afit populasyon yoğunluğu, virüs rezervuar konukçuların yakınlığı, iklim koşulları ve yetiştirilen çeşidin duyarlılığı gibi pek çok faktörden etkilenmektedir (Palukaitis & García-Arenal, 2003). Bu virüs, bitki özsuyu ve tohum yolu ile taşınabilmesinin yanı sıra 75'ten fazla yaprak biti türü tarafından da non-persistent olarak bulaştırılabilmektedir **(**Palukaitis vd., 1992; Palukaitis & García-Arenal, 2003**).** Bu bulaşma mekanizması virüsün konukçular arasında hızla yayılmasına olanak tanımaktadır (Hirsch vd., 2023). ABD'nin Alabama eyaletinde domates ürünlerinde %25'e varan ekonomik kayıplara neden olurken, hıyar bitkilerinde bu kayıp %100'e ulaşabilmektedir (Sinha vd., 2021). Küresel ölçekte bu kadar yaygın ve etkili olması, CMV'yi bitki virolojisi alanında üzerinde en çok çalışılan patojenlerden biri haline getirmiştir (Palukaitis vd., 1992). Virüsün taksonomik sınıflandırması ve genomik özelliklerinin detaylı incelenmesi, CMV'nin moleküler biyolojisi ve evrimsel dinamiklerinin anlaşılması açısından kritik öneme sahiptir. Bu kapsamlı analiz, virüsün filogenetik ilişkilerinin belirlenmesine ve yeni genetik varyantlarının karakterize edilmesine olanak tanıyarak, kontrol stratejilerinin geliştirilmesinde temel teşkil etmektedir.

CMV'nin doğru ve hızlı teşhisi, hastalık yönetimi açısından büyük önem taşımaktadır. Bu amaç ile biyolojik, serolojik ve moleküler yöntemler olmak üzere birbirini tamamlayıcı nitelikte çeşitli tanı teknikleri kullanılmaktadır. Bu yöntemler arasında en yaygın kullanılanı Enzim Bağlantılı İmmünosorbent Test (Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay: ELISA) olup DAS-ELISA (Double Antibody Sandwich-ELISA) tekniği CMV teşhisinde tercih edilmektedir. Moleküler yöntemler, özellikle düşük virüs konsantrasyonlarında yüksek duyarlılıkları sayesinde tercih edilmektedir (Clark & Adams, 1977; Gibbs & Mackenzie, 1997).

Bu bölümde, CMV'nin genomik özellikleri, ekonomik önemi, ülkemizdeki durumu, konukçuları, epidemiyolojisi, taşınma yolları, simptomatolojisi ile kontrol ve mücadele yöntemleri detaylı olarak ele alınmıştır.

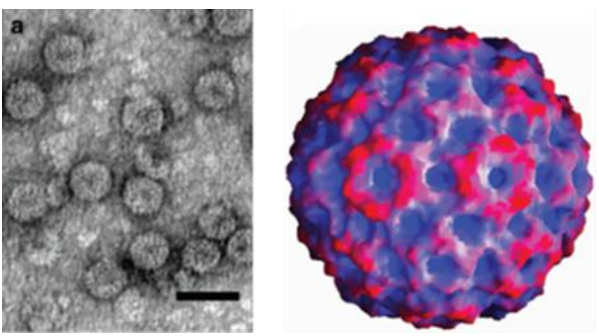
Taksonomi ve Genomik Özellikler

CMV, *Bromoviridae* familyasının *Cucumovirus* cinsine ait olup, yuvarlak morfolojiye sahip, zarfsız, yaklaşık 28-30 nm çapında, zarfsız, ikosahedral simetrili partiküllere sahip olarak karakterize edilmektedir (Palukaitis & García-Arenal, 2003; Kumari vd., 2013). CMV'nin isimlendirilmesi 'Cucumovirus CMV' olarak güncellenmiştir (ICTV, 2025). Genomu, üç adet pozitif polariteli tek iplikli RNA molekülünden (RNA1, RNA2 ve RNA3) oluşmaktadır (Palukaitis vd., 1992). CMV partikülünün negatif elektron mikroskop görüntüsü Şekil 1'de verilmiştir. Bu virüsün geniş yayılımı ve zararlı etkisi, onu bilim dünyasında en uzun süredir bilinen bitki virüslerinden biri haline getirmiştir (Salánki vd., 2018).

RNA1, RNA2 ve RNA3 her biri farklı genetik bilgileri kodlamaktadır (Şekil 2). RNA1 ve RNA2 sırası ile 1a ve 2a proteinlerini kodlarken, RNA3 hareket proteini ve kapsid proteini genetik bilgilerini taşımaktadır. Ayrıca, CMV suşlarının bazıları virüsün patojenitesini ve simptom şiddetini etkileyen RNA5 gibi

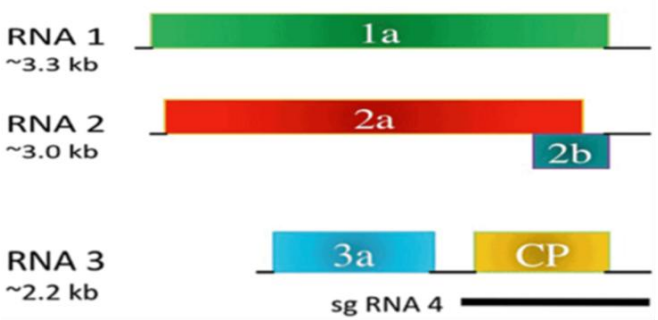
uydu RNA'ları da içerebilmektedir Bu uydu RNA'lar, virüsün konukçu etkileşimlerini ve ekolojik başarısını modüle etme kapasitesine sahip olup, özellikle virülansın şiddetlenmesi veya hafifletilmesinde kritik rol oynayabilmektedir (Ding vd., 1995; Kaplan vd., 1997; Mrkvová vd., 2022). RNA1, RNA2 ve RNA3'ün kodladıkları protenleri detayli olarak açıklayacak olursak; RNA1 tarafından kodlanan 1a proteini, viral replikasyon için esansiyel bir rol oynarken, RNA2'nin kodladığı 2a proteini ise RNA bağımlı RNA polimeraz aktivitesi gösteren viral "replikaz" enziminin bir bileşenidir (Salánki, 2018). 1a ve 2a proteinleri, pozitif iplikçikli RNA'ların translasyonu ve sentezi için hayati öneme sahiptir (Seo vd., 2009). RNA3 ise hareket proteini (3a) ve kılıf proteini genlerini kodlamaktadır (Kaplan vd., 1997) Bu genler, sırası ile virüsün bitki hücreleri arasında hareketini kolaylaştıran ve viral genomu koruyarak yeni enfeksiyonlara olanak tanıyan kapsid oluşumunu sağlayan proteinleri sentezlemektedir. RNA2 ayrıca, gen susturmayı baskılayan ve virüsün sistemik yayılımında etkili olan 2b proteinini de kodlamaktadır (Ji & Ding, 2001; Lewsey vd., 2010). Bu 2b proteini, virüsün uzun mesafeli hareketini, hipervirülansını ve transkripsiyon sonrası gen susturmasının baskılanmasını sağlayan yaklaşık 12 kDa'lık bir proteindir (Shi vd., 2002).

Şekil 1 CMV partikülünün negatif elektron mikroskop görüntüsü



Kaynak: Bujarski vd.,(2019)

Şekil 2 CMV genom organizasyonu



Kaynak: Scholthof vd., (2011)

CMV'nin genetik yapısının ve moleküler çeşitliliğinin incelenmesi, virülans, yayılım ve salgınların ortaya çıkışı ile ilişkili moleküler evrimsel geçmişini anlamak için büyük önem taşımaktadır (Kim vd., 2014). Virüsün farklı bölgelerdeki genetik yapısı ve moleküler değişkenliğinin araştırılması, epidemiyolojik süreçlerin ve potansiyel direnç kırma mekanizmalarının aydınlatılmasına katkı sağlamaktadır (Fidan vd., 2023). Özellikle direnç kırıcı varyantların ortaya çıkışı, virüsün evrimsel kapasitesini ve bitki-konukçu etkileşimlerinin dinamiklerini anlamak açısından kritik öneme sahiptir (Heo vd., 2020).

Ekonomik Önemi

CMV, geniş bir konukçu yelpazesine sahip olması ve dünya genelinde birçok tarım ürününü etkilemesi nedeni ile ekonomik açıdan büyük önem taşımaktadr (Jacquemond, 2012). Bu durum, özellikle domates, biber, hıyar, kavun ve karpuz gibi yüksek ekonomik değere sahip mahsullerde büyük zararlara neden olarak gıda güvenliğini ve çiftçi gelirlerini olumsuz etkilemektedir. Bu kapsamlı etki, virüsün farklı tarımsal sistemlerdeki adaptasyon yeteneğini ve geniş konukçu aralığının dünyadaki tarımsal ekosistemler üzerindeki potansiyel tehdidini vurgulamaktadır. Bu geniş konukçu aralığı ve yüksek patojenite, virüsün farklı tarımsal

sistemlerdeki adaptasyon yeteneğini ve küresel gıda tedarik zincirleri üzerindeki potansiyel tehdidini de beraberinde getirmektedir. Bu ekonomik kayıplar, CMV enfeksiyonlarının tespiti ve kontrolüne yönelik acil stratejilerin geliştirilmesini zorunlu kılmaktadır. Bu bağlamda, virüsün farklı suşları arasındaki genetik varyasyonun ve bu varyasyonların virülans ile patojenite üzerindeki etkilerinin anlaşılması, entegre mücadele programlarının etkinliği açısından kritik bir öneme sahiptir. Ayrıca, CMV'nin farklı alt grupları arasındaki genetik farklılıklar, virüsün virülansını ve konukçu adaptasyonunu etkileyen önemli faktörlerdir (Gao vd., 2021). Bu varyasyonlar, virüsün farklı coğrafi bölgelerdeki yayılımını ve bitki türleri üzerindeki etkilerini belirlemede kilit rol oynamaktadır. Küresel ölçekte yapılan çalışmalar, CMV enfeksiyonlarının Bangladeş'te biberde %10,84 ila %50,51 arasında değişen verim kayıplarına neden olduğunu göstermiştir. Bu durum, virüsün tarımsal üretim üzerindeki yıkıcı etkisini ve küresel gıda güvenliği için oluşturduğu tehdidi açıkça ortaya koymaktadır (Kwon vd., 2023). CMV'nin bu geniş konukçu yelpazesi, özellikle Akdeniz Havzası'nda ve dünya genelinde tarımsal etki açısından önemli bir model oluştururken virüsün ekinlerdeki ekonomik zararı, biyokimyasal değişiklikler ve enfekte bitkilerde üretim kalitesinin düşmesi ile doğrudan ilişkilidir (Thackray vd., 2004). Özellikle hıyar bitkilerinde CMV'nin neden olduğu büyüme geriliği, mozaik ve yaprak deformasyonları ile meyve renklenmesi ve şekil bozuklukları ciddi ekonomik kayıplara yol açmaktadır (Rodríguez-Verástegui vd., 2022). Nitekim, CMV'nin geniş konukçu yelpazesi ve farklı suşlarının virülans farklılıkları, entegre hastalık yönetimi stratejilerinin belirlenmesinde moleküler karakterizasyon çalışmalarının önemini artırmaktadır (Shabbir vd., 2025). Bu tür araştırmalar, virüsün epidemiyolojisini, yayılımını ve kontrolünü daha iyi anlamak için temel oluşturmaktadır. Bununla birlikte, CMV'nin özellikle *Solanaceae* familyasından domates ve biberde meydana getirdiği verim ve kalite kayıpları, bu ürünlerin küresel

tarımsal ticaretteki önemli yerleri göz önüne alındığında ekonomik etkisini daha da artırmaktadır (Güneş vd., 2023). Ayrıca, kabakgillerde, özellikle de hıyarda, CMV'nin neden olduğu ekonomik kayıplar, dünya genelinde bu bitki grubunun üretimini ciddi şekilde tehdit etmektedir (Karanfil & Korkmaz., 2020). Bu bağlamda, bitki virüslerinin neden olduğu hastalık pandemileri ve büyük salgınlar, ekili bitkilere önemli tehditler oluşturarak, küresel ekonomiye yılda milyarlarca dolarlık zarar vermektedir. Artan sıcaklıklar ve vektörlerin yeni bölgelere taşınması, virüslerin bitki dokularında daha hızlı çoğalmasına ve sistemik yayılımına olanak tanıyarak enfeksiyon riskini artırmaktadır (Amari vd., 2021). Zararlılar ve hastalıklar nedeni ile meydana gelen ürün kayıpları, küresel yıllık tarımsal üretimin yaklaşık yüzde 40'ına karşılık gelmektedir (Anonim, 2026). Bu nedenle hastalıklar ile mücadele yöntemlerin bilinmesi ve kontrol edilmesi sonderece önemli olmaktadır (Şevik, 2020).

Türkiye'deki Durumu

- **Yayılım**

Kabak üretim alanlarında virüs hastalıklarının yol açtığı verim kayıpları ülkemiz için önemli bir sorun teşkil etmektedir (Yeşil, 2019). CMV özellikle kabakgillerde yaygın olarak tespit edilen bir virüs olmuştur. CMV üzerine yürütülen araştırmalar, 1980'li yıllardan günümüze kadar farklı konukçu bitkiler ve coğrafi bölgeler kapsamında sürdürülmüştür. Bu çalışmalar, virüsün ülke genelindeki yayılışını, konukçu kapsamını ve moleküler çeşitliliğini ortaya koymak açısından büyük önem taşımaktadır.

Konu ile ilgili ilk kapsamlı çalışmalar kabakgillerde başlamış olup 1980'li yıllarda Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilmiştir. Nogay ve Yorgancı (1984), 1979–1980 yılları arasında bölgeden topladıkları 269 simptomlu hıyar yaprağı örneğinin 142'sinde CMV varlığını saptamıştır. Aynı araştırmacılar tarafından bir yıl sonra

yayımlanan çalışmada ise hıyar, bal kabağı, kavun ve karpuz bitkilerinde CMV izolatlarının hem lokal hem de sistemik enfeksiyonlara yol açtığı bildirilmiştir.

1990'lı yıllara gelindiğinde, Ertunç (1992) kabakgillere ait 40 tohum örneğini DAS-ELISA yöntemi ile test etmiş ve bu örneklerin 9'unda CMV tespit etmiştir. Söz konusu çalışma, CMV'nin tohum ile taşınabilirliğini göstermesi bakımından literatürde önemli bir yer edinmiştir.

2000'li yılların başında gerçekleştirilen çalışmalar kapsamında Gümüş vd., (2004), 2000–2001 yıllarına ait çeşitli tohum firmalarından temin edilen hıyar, kavun ve kabak tohum örneklerini ELISA yöntemi ile test etmiş; CMV'yi hıyar tohumlarının %36,8'inde, kavun ve kabak tohumlarının ise %18,5'inde saptamıştır.

Dursunoğlu (2003), 2002 yılı Temmuz–Eylül döneminde Ankara ili ve çevresindeki kabakgil ekim alanlarından topladığı 230 bitki örneğini mekanik inokulasyon ve DAS-ELISA yöntemi ile test etmiş; bunların 7 tanesini CMV alt grup-I olarak tanımlamıştır. Aynı yıl içinde Şevik & Arlı-Sökmen (2003) ise 165 kabakgil örneğinde WMV, ZYMV ve CMV varlığını araştırmış; CMV'yi örneklerin %20,6'sında saptarken virüsün karpuz ve balkabağı bitkilerinde bulunmadığını belirlemiştir. Arlı-Sökmen & Şevik (2004), Samsun ilindeki hıyar üretim alanlarından elde edilen CMV izolatlarının kılıf protein (CP) gen bölgesini RT-PCR yöntemi ile başarıyla karakterize etmiştir.

2010'lu yıllarda araştırmaların kapsamı hem coğrafi hem de konukçu açısından genişlemiştir. Kaya & Erkan (2011), İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerinde 278 tarlayı kapsayan survey çalışmalarında 618 yaprak örneği toplamış; DAS-ELISA ve mekanik inokulasyon yöntemleri ile CMV'yi hıyar örneklerinin %29,7'sinde, kabak örneklerinin %5,2'sinde ve kavun örneklerinin %3,4'ünde

tespit etmiştir. Yeşil (2013) ise Konya, Karaman ve Aksaray illerinde 2009–2010 yılları arasında yürüttüğü kapsamlı survey çalışmasında 652 kabakgil, 92 tohum ve 85 yabancı ot örneği toplamıştır. DAS-ELISA ve RT-PCR analizleri sonucunda kabakgil bitkisi örneklerinin %21,3'ünde, tohum örneklerinin %1,1'inde ve yabancı ot örneklerinin %36,5'inde CMV saptamıştır. Bu bulgular, yabancı otların CMV için önemli bir rezervuar işlevi görebileceğine işaret etmiştir.

Yeşil & Ertunç (2013), Karaman ilinde hıyar, kavun, kabak, karpuz ve balkabağı bitkilerinden topladıkları 135 yaprak örneğinin %83'ünde CMV başta olmak üzere çeşitli virüslerle enfeksiyon tespit etmiştir. Uzunoğulları & Gümüş (2015), 2013 yılında Çanakkale, Bursa, Yalova, İstanbul, Bilecik ve Sakarya illerinden topladıkları 235 domates, biber, hıyar, kabak ve glayöl örneğini DAS-ELISA yöntemi ile analiz etmiş; domates örneklerinin %87'sinin, kabak örneklerinin %75'inin, biber ve glayöl örneklerinin %69'unun ve hıyar örneklerinin %58'inin CMV ile enfekteli olduğunu tespit etmiştir. Real-Time PCR analizleri serolojik bulgularla örtüşmüş ve iki yöntemin sonuçları arasında yüksek bir uyum gözlemlenmiştir.

Çat vd., (2016), Antalya ili ve ilçelerinde 2014–2015 yılları arasında örtüaltı hıyar ve kabak üretim alanlarından topladıkları 455 örnekte serolojik ve biyolojik yöntemle ile CMV varlığını saptamıştır.

Güller & Usta (2020), 2019 yılında Bingöl ilinde deformasyon, mozaik ve damar bantlaşması belirtileri gösteren kavun bitkilerinden aldıkları örneklerde RT-PCR ile CMV'yi saptamış; CP gen dizileri MT361015 ve MT361016 erişim numaraları ile NCBI gen bankasına kaydedilmiştir. Topkaya (2020), 2015 yılında Kastamonu ilindeki kabakgil üretim alanlarında 99 örneğe gerçekleştirdiği DAS-ELISA testlemesinde %3,96 oranında CMV enfeksiyonu saptamıştır.

Usta vd., (2020), Adıyaman ilindeki tütün tarlalarında belirgin beneklenme, yeşilimsi mozaik desenler ve yapraklarda ciddi deformasyonlar gösteren virüs benzeri simptomlar gözlemleyerek 40 tütün örneği toplamıştır. Kılıf protein geni spesifik primerler kullanılarak RT-PCR yöntemi ile CMV için test etmiştir. Rastgele seçilen 5 CMV izolatı klonlanmıştır. 4'ünde CMV alt grubu IA'nın, 1'inde ise CMV alt grubu IB'nin baskın olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışma, Adıyaman ilinde kültür tütün bitkilerini enfekte eden CMV IA ve IB izolatlarının varlığını ilk defa göstermiştir.

Aktaş & Akdura (2023), Hakkari ilinde kabakgil üretim alanlarından Eylül 2022'de toplanan 92 yaprak örneğini DAS-ELISA yöntemi ile test etmiş; örneklerin 29'unda (%31,52) CMV tespit etmiştir. En yüksek bulaşıklık oranı Otluca alanında saptanmış, kabakgil çeşitleri arasında ise acurda (%85,71) en yüksek enfeksiyon oranı belirlenmiştir.

Biltekin & Akdura (2024), Hakkari ilinde 2022 yılında kabakgillerden toplanan 50 örnekte CMV varlığını TaqMan real-time RT-PCR yöntemi ile araştırmış; örneklerin %12'sinde (%6) CMV saptamıştır. En yaygın enfeksiyon Otluca alanında ve kavun bitkilerinde (%33,3) belirlenmiştir.

Çulal Kılıç & Kahraman (2024), 2021 yılında Burdur ilindeki kabakgil üretim alanlarından toplanan 92 yaprak örneğini DAS-ELISA ile test etmiş; örneklerin %16,30'unda CMV enfeksiyonu saptamıştır.

Güller vd., (2024a) CMV Iğdır izolatının Grup I alt grup B'de yer aldığını filogenetik analizlerle doğrulamıştır. Bu çalışma, Iğdır ilinde kabakgillerde CMV'nin moleküler düzeyde ilk defa belirlenmesi bakımından önem taşımaktadır.

Güller vd., (2024b), Diyarbakır ilinde viral belirti gösteren hıyar bitkilerinden toplanan 15 örneğin 7'sinde CMV enfeksiyonunu RT-PCR ile belirlemiş; kısmi kılıf protein geninin dizi analizi

sonucunda CMV Diyarbakır izolatının Subgrup IA'da olup diğer ülke izolatları ile yüksek benzerlik gösterdiğini ortaya koymuştur (Güller vd., 2024).

Çandar vd. (2026), Kırşehir ilindeki kabakgil üretim alanlarından 2023 üretim sezonunda toplanan 149 örneği DAS-ELISA yöntemi ile beş farklı virüs açısından test etmiş; CMV'nin %52,3 oranı ile en yaygın virüs olduğunu saptamıştır.

CMV, Türkiye'de geniş bir konukçu yelpazesinde ve farklı coğrafi bölgelerde yaygın olarak bildirilmektedir. Yurt içinde yürütülen araştırmalar, virüsün sadece kabakgiller ile sınırlı olmayıp çeşitli kültür bitkileri ve süs bitkilerinde de tespit edildiğini ortaya koymuştur. Aşağıda bu çalışmalara örnekler verilmiştir.

Tok & Erkan (2006), Çanakkale ve Bursa illerinden 2002–2003 yılları arasında topladıkları 52 şeker pancarı yaprağı örneğinde ELISA yöntemi ile yaptıkları testlerde CMV'yi bu illerde yaygın görülen virüslerden biri olarak tanımlamıştır. Köklü ve Yılmaz (2006) ise Trakya'da karpuz bitkilerinde yürüttükleri çalışmada örneklerin %19,9'unun CMV ile enfekteli olduğunu ortaya koymuştur.

Erkan vd. (2013), İzmir ili ve çevresinde 2010–2011 yıllarında kışlık sebze alanlarından topladıkları 218 örnekte biyolojik, serolojik ve moleküler yöntemleri bir arada kullanmış; CMV'nin bölgede %38,1 oranında yaygın olduğunu bildirmiştir. Aynı yıl Çulal Kılıç & ark. (2013), Muğla'nın Fethiye ilçesinde fasulye bitkilerinden alınan 112 yaprak örneğini DAS-ELISA ile test etmiş ve CMV varlığını doğrulamıştır.

Çulal Kılıç vd. (2015), Burdur ilindeki biber üretim alanlarından topladıkları 124 bitkiden 8'inde DAS-ELISA yöntemi ile CMV saptamış; RT-PCR analizlerinde CP geninin yaklaşık 678 baz çifti uzunluğundaki bölümünü başari ile çoğaltarak virüs varlığını moleküler düzeyde teyit etmiştir.

Karanfil vd. (2016), 2012–2015 yılları arasında Çanakkale ilindeki soğanlı süs bitkilerinden oluşan 128 örneği DAS-ELISA ve RT-PCR ile test etmiş; 29 örnekte CMV enfeksiyonu tespit etmiştir.

Koç & Fidan (2017) ise 2014-2015 yaz mevsimlerinde yapılan gözlemler sırasında Mersin Yapraklı Sütotu bitkilerinin yapraklarında, sistemik mozaik ve düzensiz sarımsı izler gözleyerek farklı viral etmenlerin tespiti için DAS-ELISA ile %13.1 oranında CMV tespitini gerçekleştirmiştir. RT-PCR ile de CMV'nin varlığını doğrulanmışlardır. Karanfil & Korkmaz (2017), Çanakkale ilindeki börülce ve fasulye alanlarından topladıkları 22 örnekten 6'sında CMV tespit etmiş; CWP17 izolatının filogenetik analizleri sonucunda alt grup IB'de yer aldığını belirlemiştir. Kurtoğlu ve Korkmaz (2018) ise aynı ilde 2016–2017 yıllarında ıspanak üretim alanlarından topladıkları 66 örnekten 4'ünde CMV saptamış ve rastgele seçilen bir izolatın alt grup IA'ya ait olduğunu ortaya koymuştur.

Fidan & Sarıkaya (2020), 2016–2018 yıllarında Antalya ilindeki patlıcan üretim alanlarından topladıkları 243 örneği PCR yöntemiyle test etmiş ve örneklerin %3'ünde CMV enfeksiyonu tespit etmiştir.

En kapsamlı moleküler karakterizasyon çalışmalarından biri Karanfil (2021) tarafından gerçekleştirilmiştir. Araştırmacı, Marmara Bölgesi domates üretim alanlarından topladığı 113 örnekte DAS-ELISA ile 34 CMV enfeksiyonu saptamış; seçilen 10 izolatın CP ve hareket proteini (MP) gen bölgelerini RT-PCR ile çoğaltarak dizilemeler yapmıştır. Filogenetik analizler, tüm Marmara Bölgesi izolatlarının alt grup IA'da yer aldığını ortaya koymuştur.

Akdura & Culal-Kilic, (2022), virüs benzeri belirtiler gösteren domates (*Solanum lycopersicum* L.) ve biber (*Capsicum annuum* L.) bitkilerinden toplam 184 yaprak örneği toplayarak CMV ve Domates mozaik virüsü (Tomato mosaic virus: ToMV)

etmenlerini DAS-ELISA yöntemi ile araştırmıştır. Örneklerin %57,60'sı bir veya daha fazla virüs ile enfekte bulunmuştur. Filogenetik analizler için, CMV ve ToMV pozitif olan 10 örnek (7 domates ve 3 biber), RT-PCR yöntemi kullanılarak test edilmiştir. Hakkari CMV ve ToMV izolatlarının kılıf proteini (CP) ve replikaz genleri, spesifik primerler kullanılarak RT-PCR ile çoğaltılmıştır. Elde edilen CMV DNA dizisi NCBI GenBank'a Erişim Numarası: OM418629 ile kaydedilmiştir. Bu çalışmada tespit edilen izolat da Ia alt grubunda kümelenmiştir.

Yeşil (2022a), Konya ilinin Selçuklu, Karatay ve Meram ilçelerindeki park ve ev bahçelerinde peyzaj amaçlı yetiştirilen dahlia bitkilerinde CMV, TSWV ve INSV enfeksiyonlarını DAS-ELISA yöntemi ile araştırmıştır. 152 bitkiden alınan yaprak örneklerinin %46,71'inin en az bir virüs ile bulaşık olduğu saptanmış; CMV, %27,63 bulaşıklık oranı ile araştırılan en yaygın ikinci virüs olarak belirlenmistir. Bu çalışma, CMV enfeksiyonunun *Dahlia* spp.'de Türkiye için ilk defa bildirilmesi açısından önem taşımaktadır.

Aynı yıl yine Yeşil (2022b) tarafından yürütülen diğer bir çalışmada, Konya iline bağlı Ereğli ilçesindeki domates üretim alanlarında CMV, Domates lekeli solgunluk virüsü (Tomato spotted wilt virus: TSWV) ve ToMV varlığı DAS-ELISA ile araştırmıştır. 160 bitkiden alınan örneklerin %66,25'inin en az bir virüs ile bulaşık olduğu belirlenmiş; CMV, %26,25 oranı ile üçüncü sırada yer almıştır.

Karanfil vd. (2023), Marmara ve Ege Bölgeleri tütün üretim alanlarından toplanan 300 simptomatik bitkiden 12'sinin CMV ile enfekteli olduğunu belirlemiştir. Filogenetik analizler, Türk CMV izolatlarının Ia ve Ib olmak üzere iki altgruba dağılım gösterdiğini ve Ib alt grubundaki izolatların genetik açıdan daha polimorfik olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca konukçu ve coğrafi kökenin

filogenetik ilişkiler üzerinde belirleyici bir rol oynamadığı anlaşılmıştır.

Sharma & Gümüş (2023), İzmir'den elde edilen CMV izolatlarını biyolojik ve moleküler yöntemler ile karakterize etmiştir. Çalışmada CMV-D izolatının varlığı, mekanik inokülasyon ve RT-PCR testine dayalı olarak doğrulanmış; virüsün farklı konukçu türlerinde çeşitli simptomlara yol açtığı saptanmıştır.

Kılıç ve Deniz, (2024), 2021–2022 vejetasyon dönemlerinde Denizli ili biber üretim alanlarından toplanan 115 örneği DAS-ELISA ile test etmiş; CMV'nin tek etmen olarak %3,4 oranında belirlendiğini, ayrıca diğer virüsler ile karışık enfeksiyonlara da rastlandığını bildirmiştir.

Can vd. (2025), Adana, Mersin, Antalya ve Hatay illerindeki örtü altı biber üretim alanlarından toplanan 300 örneği (263 yaprak, 19 meyve, 18 tohum) DAS-ELISA yöntemi ile test etmiş; 62 örnek pozitif saptanmıştır. Pozitif örneklerden 16'sı RT-PCR ile doğrulanmış ve filogenetik analizler sonucunda izolatlar alt grup IA'da yer alırken, bazılarının IB alt grubuna yakın konumlandığı gözlenmiştir.

Balsak & Aslan (2026), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan 60 simptomatik *Gazania* spp. ve 50 *Pelargonium* spp. bitkisinde viral enfeksiyonları RT-PCR ile araştırmış; *Gazania* spp.'de CMV, Türkiye için ilk defa bildirmiştir.

Tüm bu çalışmalar bir bütün olarak değerlendirildiğinde, CMV'nin Türkiye'de geniş bir coğrafi yayılış alanına ve zengin bir konukçu kapsamına sahip olduğu anlaşılmaktadır. Virüs; kabakgiller, *solanaceae*, baklagiller ve süs bitkilerinden yabancı otlara kadar pek çok farklı bitkiyi enfekte edebilmektedir. Serolojik ve moleküler yöntemlerin bir arada kullanıldığı güncel çalışmalar, Türkiye CMV izolatlarının büyük çoğunluğunun alt grup IA ve IB'de yer aldığını göstermektedir.

Bu durum, virüsün farklı tarımsal sistemlerdeki adaptasyon yeteneğini ve geniş konukçu aralığının Türkiye'deki tarımsal ekosistemler üzerindeki potansiyel tehdidini vurgulamaktadır. Bu tespitler, CMV'nin Türkiye'deki tarımsal biyoçeşitlilik üzerindeki etkilerini ve bitki sağlığı stratejilerinin geliştirilmesi gerekliliğini ortaya koymaktadır.

- **Konukçular**

CMV, 100'den fazla familyaya dahil 1.200'den fazla bitki türünü enfekte edebilen son derece geniş bir konukçu aralığına sahiptir (Zitter & Murphy, 2009; Jacquemond, 2012). Doğal konukçuları arasında *Cucurbitaceae*, *Fabaceae* ve *Solanaceae* familyalarından bitkiler ön plana çıkmaktadır (Brunt vd., 1996). CMV, Tütün mozaik virüsü (Tobacco mosaic virus: TMV)'nden sonra dünyada en fazla konukçu aralığına sahip olan ikinci virüs olma özelliğini sürdürmektedir (Zitter & Murphy, 2009). Kabakgillerde yaygın olarak hıyar, kavun, kabak, karpuz, su kabağında; *Solanaceae* familyasında domates, biber, patlıcan, tütünde; baklagillerde fasulye, börülce, bezelye ve nohutda; süs bitkileri gladiol, lale, petunya, krizantemde; yabancı otlarda (*Solanum nigrum*, *Amaranthus retroflexus*, *Portulaca oleracea*, *Stellaria media*) da hastalığa sebep olmaktadır. CMV'nin ülkemizdeki konukçuları Tablo 1 de verilmiştir.

Tablo 1 CMV Türkiye'deki konukçularının tablosu

Yaygın Adı	**Bilimsel Adı**	**Konukcu Tipi**	**Tespit Bölgesi (Türkiye)**	**Kaynak**
Hıyar	*Cucumis sativus*	Kültür bitkisi	İzmir, Hakkari	Sharma & Gümüş, 2023; Biltekin & Akdura, 2024
Kavun	*Cucumis melo*	Kültür bitkisi	Burdur	Kılıç & Deniz, 2024

Yaygın Adı	Bilimsel Adı	Konukcu Tipi	Tespit Bölgesi (Türkiye)	Kaynak
Karpuz	*Citrullus lanatus*	Kültür bitkisi	Iğdır	Güller vd., 2024a
Kabak	*Cucurbita pepo*	Kültür bitkisi	Ankara, Samsun	Uzunoğulları & Gümüş, 2015
Domates	*Solanum lycopersicum*	Kültür bitkisi	Marmara Bölgesi	Uzunoğulları & Gümüş, 2015; Arlı-Sökmen vd., 2005
Biber	*Capsicum annuum*	Kültür bitkisi	Adana, Mersin, Antalya, Hatay, Samsun	Arlı-Sökmen vd., 2005; Can vd., 2025
Patlıcan	*Solanum melongena*	Kültür bitkisi	Denizli	Özdemir & Erilmez, 2007
Pepino	*Solanum muricatum*	Kültür bitkisi	Uşak	Özdemir & Erilmez, 2012
Tütün	*Nicotiana tabacum*	Kültür bitkisi	Marmara, Ege, Adıyaman	Karanfil vd., 2023; Usta vd., 2020
Soğan	*Allium cepa*	Kültür bitkisi	Genel	Santosa & Ertunç, 2021
Börülce	*Vigna unguiculata*	Kültür bitkisi	Çanakkale	Karanfil & Korkmaz, 2017
Brokoli	*Brassica oleracea var. italica*	Kültür bitkisi	Samsun	Şevik, 2017
Ispanak	*Spinacia oleracea*	Kültür bitkisi	Çanakkale, Samsun	Gökdağ vd., 2016; Güngör vd., 2017

Yaygın Adı	Bilimsel Adı	Konukcu Tipi	Tespit Bölgesi (Türkiye)	Kaynak
Marul	*Lactuca sativa*	Kültür bitkisi	Hatay, Denizli	Özdemir & Erilmez; 2007, Sertkaya, 2015.
Muz	*Musa sp.*	Kültür bitkisi	Adana, Antalya, Mersin	Fidan & Koç, 2019
Nergis	*Narcissus spp.*	Süs bitkisi	Çanakkale	Karanfil vd., 2016
Sümbül	*Hyacinthus orientalis*	Süs bitkisi	Çanakkale	Karanfil vd., 2016
Zambak	*Lilium spp.*	Süs bitkisi	Çanakkale	Karanfil vd., 2016
Sütotu	*Polygala myrtifolia*	Süs bitkisi	Antalya	Koç ve Fidan, 2017

Bu geniş konukçu spektrumu, virüsün farklı ekosistemlerde kalıcılığını ve yayılımını kolaylaştırırken, tarımsal üretimde önemli ekonomik kayıplara yol açmaktadır. Bu durum, virüsün farklı tarımsal sistemlerde adaptasyon yeteneğini ve ekolojik esnekliğini vurgulayarak, patojenin eradikasyonunu zorlaştırmaktadır. Özellikle viral enfeksiyonun konukçu bitkilerdeki büyüme ve gelişim süreçleri üzerindeki olumsuz etkileri mahsul veriminde önemli düşüşlere neden olabilirken, bazı virüs suşları spesifik konukçu türlerinde daha şiddetli simptomlar sergileyebilmektedir. CMV'nin bu geniş konukçu yelpazesi, farklı gruplara ayrılan genomik varyantlar ile de ilişkilidir; örneğin, CMV'nin farklı alt grupları coğrafi dağılım ve konukçu tercihlerinde farklılıklar gösterebilmektedir (Karanfil & Korkmaz, 2019). Bu durum, tarımsal biyoçeşitlilik içinde virüsün sürekli evrimleşen adaptasyon stratejilerini ve bu stratejilerin patojen yönetimindeki zorlukları ortaya koymaktadır. Türkiye'deki araştırmalar da CMV'nin tütün, fasulye, ıspanak, biber, domates ve

hıyar gibi geniş bir yelpazedeki bitkileri enfekte ettiğini göstermektedir. Ayrıca, virüsün geniş konukçu yelpazesi yabancı otları da kapsamakta olup, bu durum virüsün ekosistemdeki kalıcılığını ve kültür bitkilerine yayılımını kolaylaştıran önemli bir rezervuar görevi görmektedir. Nitekim, yabancı otlar üzerindeki CMV enfeksiyonu, virüsün inokulum kaynağı olarak hizmet ederek kültüre alınmış bitkilere vektörler aracılığı ile bulaşma riskini artırmaktadır (Şin & Önen, 2015).

Taşınma Yolları

CMV'nin bu geniş konukçu yelpazesine sahip olması, virüsün yayılım stratejilerinin çeşitliliğini de beraberinde getirmektedir. CMV, üç temel yol ile yayılmaktadır:

- **Vektör ile Taşınım:** CMV'nin yayılmasında en önemli etken yaprak bitleri (afitler)dir. Virüs, 80'den fazla afit türü tarafından kalıcı olmayan (non-persistent) bir taşıma mekanizması taşınabilmektedir. Bu taşınma tipinde afidler virüsü çok kısa süreli beslenme ile (saniyeler ile dakikalar içinde) alıp iletebilmekte ve uzun süreli beslenmeden bağımsız olarak hızla yayılım gerçekleşebilmektedir (Carr vd., 2020; Falla & Cunniffe, 2024). En etkili vektörler arasında *Myzus persicae* (şeftali yaprak biti) ve *Aphis gossypii* (pamuk yaprak biti) sayılabilmektedir (Zitter & Murphy, 2009). Afitlerin virüsü edinme ve bulaştırma yeteneği, virüsün konukçu bitki hücrelerindeki replikasyon dinamikleri ve vektör-virüs-konukçu etkileşimlerinin karmaşık biyokimyasal mekanizmaları ile de ilişkilidir (Chateau vd., 2026).
- **Tohum Yolu ile Taşınım:** Tohum ile taşıma ise sınırlı bir düzeyde gerçekleşse de, yeni ekim alanlarına virüsün girişinde önemli bir rol oynayabilmekte ve başlangıç enfeksiyon odaklarını oluşturabilmektedir. CMV, 19'dan

fazla bitki türünün tohumları ile bitkiden bitkiye taşınabilmektedir (Tomlinson & Carter, 1970; Neergaard, 1977). Hıyar, kabak, börülce, acı bakla ve biber dahil birçok bitki türünde tohum ile taşınması araştırılmıştır.

- **Mekanik Taşınım:** Mekanik bulaşma, kültürel uygulamalar ve bitkiler arası doğrudan temas yolu ile gerçekleşerek, özellikle yoğun tarım sistemlerinde virüsün hızlıca yayılmasına olanak tanımaktadır. Bitki özsuyu, kontamine eller ve tarım aletleri bu duruma yardımcı olmaktadır.

CMV ayrıca parazit bitkiler ile de taşınabilmektedir. Küsküt (*Cuscuta* spp.) bitkisinin en az on türü tarafından bulaştırılır ve virüs bu türlerde çoğalabilmektedir (Schmelzer, 1957).

Simptomatoloji

CMV enfeksiyonunun bitkilerde ortaya çıkardığı simptomlar; virüs suşu, konukçu bitki türü, bitkinin gelişme dönemi ve çevresel faktörlere bağlı olarak büyük farklılıklar gösterebilmektedir. Bu simptomlar genellikle yaprak mozaikleri, klorozlar, nekrotik lezyonlar, bodurluk ve şekil bozuklukları şeklinde kendini gösterirken, meyvelerde de renk ve şekil anormalliklerine yol açabilmektedir. Özellikle tütün bitkisinde mozaik, kloroz ve yapraklarda deformasyonlar gözlemlenirken, domateste bodurlaşma ve yaprak kıvrılması gibi belirtiler ortaya çıkabilmektedir. Hıyarda ise meyvelerde deformasyonlar, renk bozulmaları ve mozaik desenleri sıkça rastlanan simptomlardır (Palukaitis vd., 1992; Palukaitis & García-Arenal, 2003; Mochizuki & Ohki, 2012). Bu simptomların şiddeti ve görünümü, virüsün farklı suşları arasında varyasyon gösterebilir; bazı suşlar daha hafif belirtilere neden olurken, diğerleri bitkilerde ciddi sistemik hasarlar ve verim kayıpları yaratabilir. Bu simptomatolojik farklılıklar, virüsün konukçu patojenitesinin karmaşıklığını ve genetik

çeşitliliğinin fenotipik ifadesini yansıtırken, aynı zamanda doğru teşhis ve mücadele stratejilerinin geliştirilmesi için kritik öneme sahiptir. Çanakkale bölgesinde yapılan çalışmada börülce bitkilerinde CMV enfeksiyonunun %75 oranında tespit edildiği ve en sık görülen simptomların yaprak şekil bozuklukları ile hafif kıvrılmalar olduğu belirtilmiştir (Karanfil & Korkmaz, 2017). Domates bitkilerinde yapılan saha çalışmalarında mozaik, deformasyonlar, klorozlar, meyvelerde halkalı lekeler ve nekrozlar gibi belirtiler kaydedilmiştir (Yeşil, 2022b). Belirtiler bitki türüne, virüs ırkına ve çevre koşullarına göre değişkenlik göstermektedir (Şekil 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12). Genel olarak belirtileri sıralarsak;

- **Yapraklarda:** Mozaik desenleri, kloroz (sararma), beneklenme, damar açılması ve damar bantlaşması. Şiddetli vakalarda yaprak şekil bozuklukları, iplikleşme ve iğne yapraklılık
- **Genel görünümde:** Bitkide bodurlaşma, boğum aralarında kısalma ve sürgünlerde geriye doğru ölüm söz konusudur.
- **Meyvelerde:** Şekil bozukluğu, düzensiz olgunlaşma, küçülme ve yüzeyde karakteristik lekeler veya siğil benzeri çıkıntılar oluşmaktadır.

Şekil 3 CMV'nin domates yapraklarında oluşturduğu kloroz ve deformasyon belirtileri



Kaynak: Uzunoğulları & Gümüş, (2015)

Şekil 4 CMV'nin biber bitkisindeki belirtileri



Kaynak: Çulal Kılıç vd., (2015)

Şekil 5 CMV'nin kabak ile hıyar yaprak ve hıyar meyvelerinde oluşturduğu sararma, renk açılması, mozaik leke, deformasyon



Kaynak:Uzunoğulları & Gümüş, (2015)

Şekil 6 Hıyar bitkisinde mozayik ve renk açılması belirtileri



Kaynak: Aktaş, (2023)

Şekil 7 CMV'nin sütotu bitkisinin yapraklarında meydana getirdiği sistemik mozaik ve yaprak deformasyonu



Kaynak: Koç & Fidan, (2016)

Şekil 8 CMV'nin börülce bitkisinin yapraklarında meydana getirdiği şekil bozuklukları



Kaynak: Karanfil & Korkmaz, (2017)

Şekil 9 CMV'nin Glayöl bitkisinin yapraklarında oluşturduğu sararma ve şerit şeklinde mozaik leke oluşumu





Kaynak: Uzunoğulları & Gümüş, (2015)

Şekil 10 CMV ile infekteli biber örneğinde halka lekeler şeklinde meyve belirtisi.



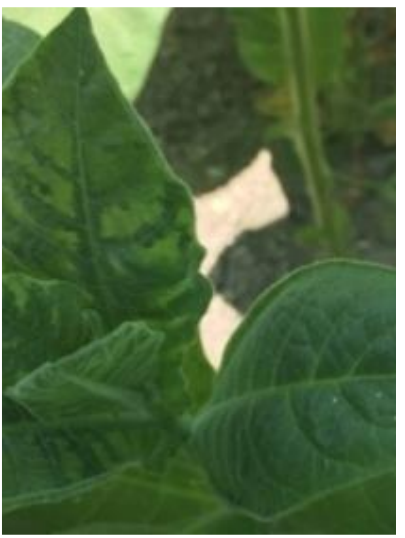
Kaynak: Beşkecili vd., (2021)

Şekil 11 CMV'nin fasulye yapraklarında damar çekilmesi ve kloroz belirtisi



Kaynak: Kılıç & Yardımcı, (2012)

Şekil 12 CMV ile enfekteli olduğu tespit edilen tütün bitkisinin yapraklarındaki mozaik belirtiler



Kaynak: Karanfil vd., (2023)

Teşhis

CMV teşhis yöntemleri maddeler halinde belirtilecek olursa;

1. **Biyolojik Tanı:** *Chenopodium amaranticolor* ve *Nicotiana* türleri gibi indikatör bitkilerde lokal klorotik lezyonlar veya sistemik mozaik oluşturması ile teşhis edilmektedir.
2. **Serolojik Testler:** DAS-ELISA, TAS-ELISA (Triple Antibody Sandwich) ve Immunostrip testleri yaygın olarak kullanılmaktadır. ELISA yöntemi, çok sayıda örneğin hızlı ve pratik biçimde test edilmesine olanak tanıması nedeni ile yaygın tercih edilen bir yöntem olmaya devam etmektedir. DAS-ELISA, bitki virüslerinin rutin tespitinde on yılı aşkın süredir standart bir test olarak kullanılmaktadır. Bununla birlikte ELISA yöntemi, yeterince hassas olmayışı ve her virüs için özgül antiserumun üretilmesini gerektirmesi bakımından bazı sınırlılıklar taşımaktadır.
3. **Moleküler Teknikler:** Yüksek duyarlılığa sahip Reverse Transkriptaz Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction: RT-PCR), Kantitatif Ters Transkripsiyon Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Quantitative Reverse Transcription: RT-qPCR) ve Döngü Aracılı İzotermal Amplifikasyon (Loop-Mediated Isothermal Amplification: LAMP) teknikleri virüsün varlığını ve alt gruplarını belirlemede temel yöntemlerdir. Bitki virüslerinin büyük çoğunluğunun tek zincirli RNA genomuna sahip olması nedeni ile RT-PCR, çok sayıda virüsün tanısında birincil yöntem haline gelmiştir (Henson & French, 1993). Günümüzde PCR temelli yöntemler, virüs hastalıklarının teşhisinde en güvenilir sonuçları veren teknikler arasında

kabul görmektedir. ELISA ile negatif bulunan örnekler RT-PCR ile pozitif sonuç verebilmekte; bu durum moleküler yöntemlerin üstün duyarlılığını açıkça ortaya koymaktadır.

4. **Dizileme:** Yeni nesil dizileme (High-throughput sequencing: HTS) teknolojileri, genom varyasyonlarını ve rekombinant izolatları tespit etmek için giderek daha fazla erişilebilir hale gelmektedir.

Epidemiyoloji

CMV, dünya genelinde geniş bir coğrafyada yayılış gösteren ve önemli ekonomik kayıplara yol açan bir virüstür. Farklı ülkelerdeki epidemiyolojik veriler, virüsün bulaşma oranlarının konukçu bitkiye, coğrafi konuma ve iklim koşullarına göre önemli farklılıklar sergilediğini göstermektedir.

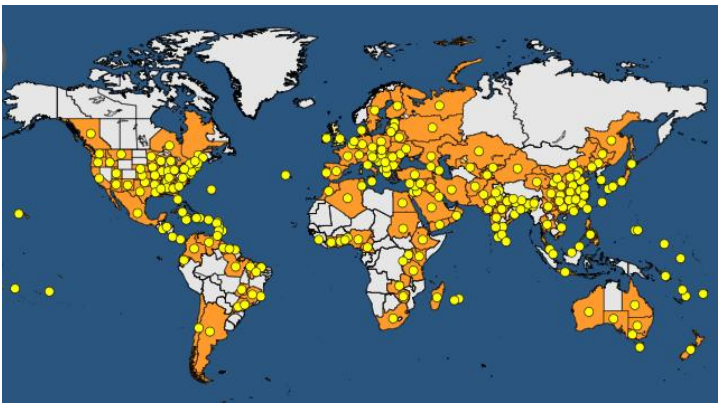
Yabancı otlar ve çok yıllık süs bitkileri, virüsün mevsimler arası hayatta kalması için önemli rezervuar görevi görmektedir. Yaprakbiti populasyonlarındaki artış ve iklim değişikliği, virüsün yayılma hızını ve salgın riskini artırmaktadır. CMV genellikle Kabak sarı mozaik virüsü (Zucchini yellow mosaic potyvirus: ZYMV), Karpuz mozaik virüsü (Watermelon mosaic virus: WMV) ve Domates kahverengi buruşukluk meyve virüsü (Tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV) gibi diğer virüsler ile karışık enfeksiyonlar oluşturarak belirtilerin şiddetlenmesine ve daha fazla ürün kaybına neden olmaktadır.

Amerika Birleşik Devletleri'nde 2000-2012 yılları arasında fasulye üretimini ciddi şekilde etkileyen salgınlar meydana gelmiş olup, virüsün yeni suşlarının ortaya çıkışı bu salgınlarda önemli bir faktör olarak değerlendirilmiştir (Nouri vd., 2014). Milojević vd. (2012) Sırbistan'da yaptıkları çalışmada karpuzda ELISA ve PCR testleri ile %40, Grafton-Cardwell vd., (1996), 1988-1989 yıllarında Kaliforniya' da gerçekleştirdikleri surveyler ile yaptıkları çalışmada

%20 oranında CMV etmenini saptamışlardır. Li vd., (2004) 2002 ve 2003 yıllarında Çin'de gerçekleştirdikleri çalışmada 98 adet hıyar bitki yaprak örneğinde CMV tespiti amacı ile RT-PCR çalışmaları gerçekleştirmiş ve %96,4 gibi yüksek oranda tespit etmişlerdir. Nijerya'da kabakgil ve yabancı otlardan toplanan 90 yaprak örneği DAS-ELISA ile test edilmiş ve araştırıcılar kabakgillerde ve yabancı otlarda en yaygın virüs olarak CMV tespit etmişlerdir (Ayo-John vd., 2014). Shehata vd. (2023), 2020'de, Mısır'da CMV şüphesi ile yaprak mozaiği, damar sararması ve hafif yaprak kıvrılması belirtileri gösteren 50 bal kabağı bitkisinin yaprakları ve meyvelerini toplamıştır. DAS-ELISA ile serolojik tanımlama, bitkilerin %20'sinde CMV'nin varlığını doğrulamıştır.

Avrupa ve Akdeniz Bitki Koruma Örgütü (European and Mediterranean Plant Protection Organization: EPPO) tarafından sağlanan veriler, virüsün küresel yayılımını izlemek ve epidemiyolojik riskleri değerlendirmek adına temel bir referans noktası teşkil etmektedir (Tablo 2).

Tablo 2 CMV'nin yayılımı



Kaynak: EPPO, (2026)

CMV'nin epidemiyolojisi, virüsün yayılım dinamiklerini, populasyon yapısını ve çevresel faktörler ile etkileşimini kapsamaktadır. Tunus'ta yapılan genetik karakterizasyon çalışmaları, CMV populasyonlarının çoğunlukla IA ve IB alt grupları arasında rekombinant suşlardan oluştuğunu göstermiştir (Tamarzizt vd., 2013). İran'da yapılan filogenetik analizler de, CMV izolatlarının IA ve IB alt gruplarına ait olduğunu, ancak 2b genine göre sadece IA alt grubunda yer aldığını belirtmektedir (Nematollahi vd., 2012). Bu genetik çeşitlilik, virüsün adaptasyon kabiliyetini ve farklı coğrafyalarda farklı genotiplerin dominant hale gelme potansiyelini vurgulamaktadır. Kolombiya'daki kırmızı biber çeşitlerinde %64,7 (Rivera-Toro vd., 2020) ve Hindistan'daki acı biberlerde %47,91 enfeksiyon oranlarının rapor edilmesi (Vinodhini vd., 2020), CMV'nin küresel tarım üzerindeki ciddi etkisini gözler önüne sermektedir. Yüksek verimli dizileme analizleri de CMV'nin yüksek genetik değişkenliğini ve geniş konukçu aralığını doğrulamakta olup, Slovakya'daki CMV varyantlarının Ia ve II gruplarına ayrıldığını ve bazı suşların rekombinant RNA2 dizilerine sahip olabileceğini göstermektedir (Mrkvová vd., 2022). Bu genetik ve epidemiyolojik veriler, CMV'nin sürekli evrim geçirme kapasitesini ve bitki patojenleri arasındaki adaptasyon dinamiklerini ortaya koyarken, virüsün farklı alt grupları arasındaki rekombinasyon olayları, yeni ve direnç kırıcı varyantların ortaya çıkışına zemin hazırlamaktadır (Heo vd., 2020). Türkiye'deki filogenetik analizler CMV izolatlarının Ia ve Ib olmak üzere iki alt gruba ayrıldığını ve Ib alt grubundaki izolatların genetik açıdan Ia'ya göre daha polimorfik olduğunu ortaya koymuştur (Karanfil vd., 2023).

Bu genetik çeşitlilik, virüsün farklı konukçu spektrumlarına ve çevresel koşullara adaptasyon yeteneğini artırarak mücadele stratejilerinin etkinliğini olumsuz etkileyebilmektedir. Örneğin, Sırbistan'daki CMV izolatlarında yapılan filogenetik analizler, hem IA hem de IB alt gruplarının populasyon içinde bulunduğunu ve IA

alt grubunun daha yaygın olduğunu göstermiştir (Zečević vd., 2026). Bu bağlamda, tam genom dizileme çalışmaları, rekombinasyon olaylarının detaylı analizi ve populasyon genetiği modelleri aracılığı ile virüsün adaptif evrim yollarının aydınlatılması, gelecekteki kontrol stratejilerinin geliştirilmesi için kritik öneme sahiptir.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

CMV dahil tüm viral hastalık etmenlerine karşı kimyasal mücadele imkanı bulunmamaktadır. Bu etmene karşı tek bir yöntem ile mücadele etmek zordur. Bu nedenle dolaylı ve Entegre Mücadele (IPM/IDM) stratejileri büyük önem taşımaktadır.

Alınması gereken önlem, mücadele ve vektör yönetimini şu şekilde açıklayabiliriz;

- **Kültürel Önlemler**

a. Sertifikalı, virüsten ari tohum, fide ve diğer bitkisel üretim materyallerinin kullanılması

b. Enfekteli bitkilerin üretim alanından uzaklaştırılması

c. Hasat sonrası bitki artıklarının yakılarak imha edilmesi

d. Vektör böcekler ile mücadele edilmesi

e. Yabancı ot kontrolü

f. Mısır gibi bariyer bitkilerin dikimi ve yansıtıcı (reflective) malç kullanımı

- **Biyolojik ve Genetik Mücadele**

Dayanıklı çeşit ıslahı, virüs hastalıklarını kontrol altına almanın en etkili uzun vadeli yöntemidir. Ancak dayanıklı çeşitlerde zaman içinde dayanıklılık kırılması söz konusu olabilmekte ve bu durum sürekli ıslah çalışmalarını zorunlu kılmaktadır. Dayanıklı veya toleranslı kültivarların ıslahı ve kullanımı en ekonomik ve çevre dostu yöntemdir.

- **Vektör Yönetimi**

CMV, özellikle *M. persicae* tarafından non-persistent bir mekanizma ile iletildiği için Wang vd., (2011) tarafından geliştirilen gerçek zamanlı PCR tabanlı yöntem, *M. persicae*'deki CMV'yi geleneksel PCR'a kıyasla 1.000 kat daha yüksek duyarlılıkla tespit edebilmekte; bu özelliği ile vektör yönetimi stratejileri açısından değerli bir araç niteliği taşımaktadır. Yaprakbiti populasyonlarını baskılamak için insektisitler, yapışkan sarı tuzaklar ve neem yağı gibi biyolojik ajanlar da kullanılmaktadır.

- **Biyoteknoloji**

CRISPR/Cas9 gen düzenleme ve RNA müdahalesi (RNAi) gibi modern araçlar üzerinde çalışmalar devam etmektedir.

Özellikle hastalığın yayılımını sınırlamak amacı ile enfekte bitkilerin hızla uzaklaştırılması ve vektör populasyonlarının yönetimi büyük önem taşımaktadır. Ayrıca, virüsün ana vektörleri olan yaprak bitlerinin mücadelesi, virüsün bitkiler arası transferini engelleyerek enfeksiyon döngüsünü kırmada kilit bir rol oynamaktadır. Ek olarak, pestisit uygulamaları ile afit populasyonlarının kontrol altına alınması ve fiziksel bariyerlerin kullanımı gibi yöntemler, CMV'nin yayılım hızını önemli ölçüde azaltabilmektedir. Dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, özellikle CMV'nin geniş konukçu yelpazesi ve farklı suşlarının varlığı nedeni ile karmaşık bir süreç olmakla birlikte, hastalığın yayılımını önlemede ve ürün kayıplarını minimize etmede en etkili ve ekonomik yaklaşımlardan biri olarak kabul edilmektedir (Deligöz, 2023). Sağlıklı tohum veya fidelerin kullanılması ve temiz bir çevre sağlanması, virüs hastalıklarının kontrolünde temel prensiplerden birini oluşturmaktadır (Lecoq & Katis, 2014). Tohum ile taşınabilen virüsler için sağlıklı tohum kullanımı, özellikle CMV'nin tohum kaynaklı enfeksiyon potansiyeli göz önüne alındığında kritik bir önlem olup, %15'lik trisodyum fosfat çözeltisi ile tohum uygulaması

viral hastalık insidansını azaltmada etkili bir yöntem olarak belirtilmiştir (Rast & Stijger, 1987). Virüslerden ari sertifikalı tohum materyalinin kullanımı, tohumların uygun yöntemler ile dezenfekte edilmesi ve uzun süreli rotasyonların uygulanması, mücadelenin temelini oluşturmaktadır (Expósito-Goás vd., 2024).

Çiftçiler, CMV'yi yönetmek için nadiren tek bir taktiğe güvenmektedirler. Mahsul rotasyonu, hijyen ve vektör kontrolünü entegre edebilmektedirler. Tespit ve direnç stratejilerini geliştirmek için CRISPR tabanlı genom düzenleme ve RNA interferansı gibi yeni moleküler araçlar araştırılmakta ve bitki ıslahçıları aktif olarak CMV'ye dirençli çeşitler geliştirmektedir. Bu yeni yaklaşımlar umut vaat etse de, uzun vadeli saha doğrulaması hala gereklidir (Shabbir vd., 2025).

Kaynakça

Agrios, G. N. (1997). *Plant Pathology* (4th edition), Academic Press.

Akdura, N., & Culal-Kilic, H. (2022). Molecular characterizations of cucumber mosaic virus and tomato mosaic virus isolates in Hakkari Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*, *31*(8B), 8993-9004.

Aktaş, M. (2023). Hakkari ilinde üretilen kabakgillerdeki önemli virüslerin tanılanması (Tez No. 832800), Yüksek lisans tezi, Hakkari Universitesi, Ulusal Tez Merkezi.

Aktaş, M., & Akdura, N. (2023). Hakkari İlinde üretilen kabakgillerde hıyar mozaik virüsü'nün DAS-ELISA yöntemi ile tespiti. Sinop Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi, 8(2), 245–257.

Amari, K., Huang, C., & Heinlein, M. (2021). Potential Impact of Global Warming on Virus Propagation in Infected Plants

and Agricultural Productivity. Frontiers in Plant Science, 12, 649768. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.649768

Andres, T. C. (2004). Cucurbit taxonomy and crop origin. HortScience, 39(5), 973-978.

Anonim, (2026). https://www.aa.com.tr/tr/yesilhat/dogal-yasam/isinan-hava-tarim-zararlilarinin-mahsulde-yol-actigi-verim-kaybini-artiriyor/1828538 (Erişim tarihi: 15.06.2026)

Apalowo, O. A., Adediji, A. O., Balogun, O. S., Fakolujo, T. I., Archibong, J. M., Izuogu, N. B., ... & Atiri, G. I. (2022). Genetic structure of cucumber mosaic virus from natural hosts in Nigeria reveals high diversity and occurrence of putative novel recombinant strains. *Frontiers in Microbiology*, 13, 753054.

Arli-Sokmen, M., Mennan, H., Sevik, M. A., & Ecevit, O. (2005). Occurrence of viruses in field-grown pepper crops and some of their reservoir weed hosts in Samsun, Turkey. *Phytoparasitica*, 33(4), 347-358.

Ayo-John, E.I., Olorunmaiye, P.M., Odedara, O.O., Dada, O.B., Abiola, K.O., & Oladokun, J.O. (2014). Assessment of field-grown cucurbit crops and weeds within farms in SouthWest Nigeria for viral diseases. AcademicPres, Cluj-Napoca, Romania, Notulae *Scientia Biologicae*, *6*(3): 321-325.

Balsak, S. C., & Aslan, Z. (2026). Occurrence and molecular characterization of CMV and LMV in Gazania spp. and PFBV in Pelargonium spp. in Turkey. *Tropical Plant Pathology*, *51*(1), 26.

Beşkecili, M., Güneş, N., & Gümüş, M. (2021). Antalya ili Demre ilçesi biber yetiştiriciliğinde Tomato spotted wilt virus (TSWV) ve Cucumber mosaic virus (CMV) etmenlerinin yaygınlığının belirlenmesi. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *58*(3), 399–405. https://doi.org/10.20289/zfdergi.799432

Biltekin, A., & Akdura, N. (2024). Detection of Cucumber Mosaic Virus (CMV) in Cucurbits by TaqMan Real-Time RT-PCR in Hakkari Province, Türkiye. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, *11*(3), 825–834.

Brunt, A. A., Crabtree, K., Dallwitz, M. J., Gibbs, A. J., Watson, L., & Zurcher, E. J. (1996). *Plant Viruses Online: Descriptions and lists from VIDE Database*. CAB International, Wallingford, UK, 1484 pp.

Bujarski, J., Gallitelli, D., García-Arenal, F., Pallás, V., Palukaitis, P., Reddy, M. K., & ICTV Report Consortium. (2019). ICTV virus taxonomy profile: Bromoviridae. *Journal of General Virology*, *100*(8), 1206-1207.

Can, S., Baloğlu, S., & Kamberoğlu, M. A. (2025). Örtü Altında Yetiştirilen Biberlerde Hıyar Mozaik Virüsü (Cucumber mosaic virus, CMV)'nün Saptanması ve Karakterizasyonu. *Çukurova Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, *40*(2), 510–525.

Carr, J. P., Donnelly, R. F., & Murphy, A. M. (2020). Modelling aphid-mediated spread of non-persistently transmitted viruses. *Virus Research*, 283, 197973.

Chateau, L., Szadkowski, M., Théodore, J., & Rimbaud, L. (2026). CMV can spread through plant to plant contact: implications for experimental practices. *Peer Community Journal*, 6. https://doi.org/10.24072/pcjournal.675

Chomicki, G., vd. (2020). Origin and domestication of the Cucurbitaceae. *Current Biology*, 30(19), R1240-R1255.

Clark, M. F., & Adams, A. N. (1977). Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *Journal of General Virology*, *34*(3), 475–483.

Çandar, A., Aydın, A., Şavkan, A. N., Güngör, R., & Başak, H. (2026). Detection and Incidence of Cucurbit Viruses in Kırşehir Province, Türkiye. Plant Protection Bulletin, 66(1), 26–38.

Çat, A., Yardımcı, N., & Kılıç, H. Ç. (2016). Antalya ili ve ilçelerindeki örtüaltı hıyar (Cucumis sativus L.) ve kabak (Cucurbita pepo L.) üretim alanlarında viral etmenlerin saptanması. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, *20*(1), 129-132.

Çulal Kılıç, H., Yardımcı, N., Toplu, S., & Konu, A. (2015). Cucumber mosaic virus and Pepper mild mottle virus in pepper growing areas in Burdur Province, Turkey. *International Journal of Scientific and Technological Research*, *1*(1), 50-60.

Çulal Kılıç, H., & Kahraman, A. (2024). Burdur ili Kabakgillerinde Watermelon mosaic virus ve Cucumber mosaic virus'unun Belirlenmesi. *Duzce University Journal of Science & Technology*, *12*(2).

Deligöz, İ. (2023). Evaluation of capsicum genotypes for resistance to cucumber mosaic virus. *Acta Scientiarum Polonorum Hortorum Cultus*, *22*(1), 87–94. https://doi.org/10.24326/asphc.2023.4568

Ding, S.W., Li, W.X. & Symons, R.H. (1995) A Novel Naturally Occurring Hybrid Gene Encoded by a Plant RNA Virus Facilitates Long Distance Virus Movement. *EMBO Journal*, 14, 5762-5772.

Doolittle, S. P. 1916. A new infectious mosaic disease of cucumber. *Phytopathology*, 6:145-147.

Dursunoğlu, Ş. (2003). *Ankara İlinde Yetiştirilen Kabakgillerde Görülen Hıyar Mozaik Virüsü İzolatlarının Serolojik*

Yöntemlerle Karakterizasyonu (Yüksek Lisans Tezi). Ankara Üniversitesi.

EPPO, (2026). European and Mediterranean Plant Protection Organization. *Cucumovirus CMV*. *https://gd.eppo.int/taxon/CMV000/distribution* (Erişim tarihi: 15.06.2026)

Erkan, S., Gümüş, M., Paylan, I. C., Duman, I., & Ergün, M. (2013). İzmir ili ve çevresindeki bazı kışlık sebzelerde görülen viral etmenlerin saptanması. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *50*(3), 311-322.

Ertunç, F. (1992). Detection of Cucumber mosaic virus in seeds of some cucurbits by ELISA assays. *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları*, No. 1251(13).

Expósito-Goás, S., Pinacho-Lieti, L. G., Lago-Pena, F., & Cabaleiro, C. (2024). Epidemiology and Management of Bean Common Mosaic Virus (BCMV) in Traditional Phaseolus vulgaris L. Landraces within Protected Geographical Indications. *Horticulturae*, *10*(7), 699. https://doi.org/10.3390/horticulturae10070699

Falla, E. K., & Cunniffe, N. J. (2024). Modelling aphid behaviour in non-persistent virus transmission. *PLOS Computational Biology*, *20*(10), e1012479.

Fauquet, C. M. (2005). *Virus Taxonomy*: 8th Report of the ICTV. Academic Press.

Fidan, H., & Koç, G. (2019). Occurrence, ecology and phylogeny of banana streak badnavirus (BSV) and cucumber mosaic cucumovirus (CMV) in Musa sp. production areas of the mediterranean coastline of Turkey. *Applied Ecology and Environmental Research*, *17*(3).

Fidan, H., & Sarıkaya, P. (2020). Antalya ili patlıcan (Solanum melongena) yetiştiriciliğinde sorun olan virüs hastalıkları. *Mediterranean Agricultural Sciences*, *33*(1), 27-35.

Fidan, H., Yildiz, K., & Sarıkaya, P. (2023). Molecular detection of resistance-breaking strain Cucumber mosaic virus (rbCMV) (Cucumovirus; Bromoviridae) on resistant commercial pepper cultivars in Turkey. *Journal of Phytopathology*, *171*(6), 234–241. https://doi.org/10.1111/jph.13175

Gao, Y., Yang, J., Zhang, X., Chen, A., Gu, Z., & Du, Z. (2021). The Weak Small RNA-Binding Activity of the 2b Proteins of Subgroup II Cucumber Mosaic Virus Strains Is Insufficient for RNA Silencing Suppression. *Frontiers in Microbiology*, 12. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.760937

Gibbs, A., & Mackenzie, A. (1997). A primer pair for amplifying part of the genome of all potyvirids by RT-PCR. *Journal of Virological Methods*, *63*(1-2), 9–16.

Gökdağ, Ş., Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2016). Çanakkale İli Ispanak Alanlarındaki Şalgam mozaik virüsü ve Hıyar mozaik virüsü Varlığının Belirlenmesi. *Bahçe*, *45*(Özel Sayı 1) 7. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi), 166-170.

Grafton-Cardwell, E.E., Perring, T.M., Smith, R.F., Valencia, J., &Farrar, C.A. (1996). Occurrence of mosaic viruses in melons in the Central Valley of California. *Plant Disease*, 80(10): 1092-1097.

Güller, A., & Usta, M. (2020). Türkiye'nin Bingöl ilinde Virüs Belirtisi Gösteren Kavun Bitkilerinde Hıyar mozaik virüsü ve Karpuz mozaik virüsünün Varlığı ve Filogenetik Yakınlıkları. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, *7*(4), 948–958.

Güller, A., Usta, M., Korkmaz, G., & Demirel, S. (2024a). In silico and molecular analysis of some mosaic diseases on cucurbit plants in Iğdır province, Türkiye. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, *11*(1), 90–103.

Güller, A., Demirel, S., Usta, M., & Korkmaz, G. (2024b). Genetic Diversity of Cucumber Mosaic Virus in Cucumber Plants Grown in Diyarbakır Province. *Türk Doğa ve Fen Dergisi*, *13*(1), 1–6.

Gümüş, M., Erkan, S., & Tok, S. (2004). Bazı Kabakgil Türlerinin Tohumlarındaki Viral Etmenlerin Saptanması Üzerinde Araştırmalar. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *41*(1), 49-55.

Güneş, N., Paylan, İ. C., & Gümüş, M. (2023). İzmir ilinde domates ve biber bitkilerini etkileyen tomato spotted wilt virus (TSWV) ve cucumber mosaic virus (CMV) etmenlerinin moleküler karakterizasyonu. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *60*(1), 67–79. https://doi.org/10.20289/zfdergi.1197925

Güngör, M., Uzunbacak, H., Yılmaz, N. D. K., & Şevİk, M. A. (2017). Determination of viruses causing infection in spinach fields in Samsun province. *Anadolu J. Agric. Sci.*, *32*(2):164-168.

Henson, J. M., & French, R. C. (1993). The polymerase chain reaction and plant disease diagnosis. *Papers in Plant Pathology*, 2.

Heo, K. J., Kwon, S. J., Kim, M. K., Kwak, H. R., Han, S., Kwon, M.-J., Rao, A. L. N., & Seo, J. (2020). Newly emerged resistance-breaking variants of cucumber mosaic virus represent ongoing host-interactive evolution of an RNA virus. *Virus Evolution*, *6*(2). https://doi.org/10.1093/ve/veaa070

Hirsch, J., Szadkowski, M., Wipf-Scheibel, C., Lepage, É., Dumeaux, P., Nguyen, E., Verdin, E., Moury, B., & Rimbaud, L.

(2023). Absence of Seed-Mediated Transmission of Cucumber Mosaic Virus in Espelette Pepper Crops despite Widespread and Recurrent Epidemics. *Viruses*, *15*(11), 2159. https://doi.org/10.3390/v15112159

ICTV, (2025). International Committee on Taxonomy of Viruses. Taxon Details. https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202502772&taxon_name=Cucumovirus%20CMV

Jacquemond, M. (2012). Cucumber Mosaic Virus. *Advances in Virus Research*, 84, 439–504.

Ji, L. H. & Ding, S. W. (2001). The suppressor of transgene RNA silencing encoded by Cucumber mosaic virus interferes with salicylic acidmediated virus resistance. *Mol. Plant. Microbe*, 14, 715–724, https://doi.org/10.1094/MPMI.2001.14.6.715

Kaplan, I. B., Gal-On, A., & Palukaitis, P. (1997). Characterization of cucumber mosaic virus. III. Localization of sequences in the movement protein controlling systemic infection in cucurbits. *Virology*, *230*(2), 343-349.

Karanfil, A., Soylu, B., & Korkmaz, S. (2016). Çanakkale İli Ve İlçelerindeki Soğanlı Süs Bitkilerinde Hıyar Mozaik Virüsü Enfeksiyonunun Serolojik Ve Moleküler Yöntemler İle Araştırılması. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, *17*(2), 105-110.

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (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. https://doi.org/10.16955/bitkorb.340046

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2019). Çanakkale ve Tekirdağ İlleri Kanola Üretim Alanlarında Önemli Virüs Hastalıklarının Tanılanması ve Karakterizasyonu. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *57*(1), 53–62. https://doi.org/10.20289/zfdergi.589422

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2020). 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. https://doi.org/10.20289

Karanfil, A. (2021). Prevalence and molecular characterization of Cucumber mosaic virus isolates infecting tomato plants in Marmara region of Turkey. *Bitki Koruma Bülteni*, *61*(4), 19–25. https://doi.org/10.16955/bitkorb.981093

Karanfil, A., Zelyüt, F. R., & Korkmaz, S. (2023). Ülkemiz Tütün Üretim Alanlarında Cucumber mosaic virus (CMV) Enfeksiyonunun Belirlenmesi ve Türk CMV izolatlarının Popülasyon Yapısı. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, *10*(3), 598–604. https://doi.org/10.30910/turkjans.1287355

Kaya, A., & Erkan, S. (2011). İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir İllerinde üretilen kabakgillerdeki viral etmenlerin tanılanması ve yaygınlıklarının belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, *51*(4), 387-405.

Kılıç, H. Ç., Yardımcı, N., & Ürgen, G. (2013). Muğla ili Fethiye ilçesinde fasulye alanlarında önemli bazı virüs hastalıklarının araştırılması. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *27*(1), 1-8.

Kılıç, H. Ç., & Deniz, F. (2024). Denizli İli Biber Üretim Alanlarında Virüs Hastalıklarının Belirlenmesi. *Sinop Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, *9*(2), 302–310.

Kim, M.-K., Seo, J., Kwak, H.-R., Kim, J.-S., Kim, K., Cha, B., & Choi, H. (2014). Molecular Genetic Analysis of Cucumber mosaic virus Populations Infecting Pepper Suggests Unique Patterns of Evolution in Korea. *Phytopathology*, *104*(9), 993–1000. https://doi.org/10.1094/phyto-10-13-0275-r

Koç, G., & Fidan, H. (2017). Türkiye'de Cucumber Mosaic Virus (CMV) için herdem yeşil bir konukçu: Polygala myrtifolia. *Derim*, *34*(1), 29-36.

Köklü, G., & Yilmaz, Ö. (2006). Occurrence of cucurbit viruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey. *Phytoprotection*, *87*(3), 123-130.

Kumari, R., Bhardwaj, P., Singh, L., Zaidi, A. A., & Hallan, V. (2013). Biological and Molecular Characterization of Cucumber mosaic virus Subgroup II Isolate Causing Severe Mosaic in Cucumber. *Indian Journal of Virology*, *24*(1), 27–34. https://doi.org/10.1007/s13337-012-0125-9

Kurtoğlu, A., & Korkmaz, S. (2018). Çanakkale İli Ispanak Üretim Alanlarındaki Hıyar Mozaik Virüsü (Cucumber Mosaic Virus; CMV) Enfeksiyonunun Belirlenmesi ve Moleküler Karakterizasyonu. *Journal of Turkish Phytopathology*, *47*(2), 43-51.

Kwon, M.-J., Kwon, S.-J., Kim, M., Choi, B., Byun, H., Kwak, H.-R., & Seo, J. (2023). Visual tracking of viral infection dynamics reveals the synergistic interactions between cucumber mosaic virus and broad bean wilt virus 2. *Scientific Reports*, *13*(1). https://doi.org/10.1038/s41598-023-34553-6

Lecoq, H., & Katis, N. I. (2014). Control of Cucurbit Viruses. *Advances in Virus Research*, 90, 255–296. https://doi.org/10.1016/b978-0-12-801246-8.00005-6

Lewsey, M. G., Murphy, A. M., MacLean, D., Dalchau, N., Westwood, J. H., Macaulay, K., ... & Carr, J. P. (2010). Disruption of two defensive signaling pathways by a viral RNA silencing suppressor. *Molecular plant-microbe interactions*, *23*(7), 835-845.

Li, S., Wang, H., Huo, Z., &Pang, J. (2004). Detection of main casual virus in cucumber by RT-PCR. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, *19*(3): 100-102.

Lira Saade, R., & Montes Hernández, S. (1994). *Cucurbits in Mexico*. IPGRI Report.

Meena, R. P., Minipara, D., Choyal, P., Kalariya, K. A., Saran, P. L., & Roy, S. (2022). Detection and molecular characterization of cucumber mosaic virus infecting Tylophora indica (Burm. f. Merrill). *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 30, 100391. https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2022.100391

Milojević, K., Stanković, I., Vučurović, A., Ristić, D., Nikolić, D., Bulajić, A., & Krstić, B. (2012). First report of Cucumber mosaic virus infecting watermelon in Serbia. *Plant Disease*, *96*(11): 1706.

Mochizuki, T., & Ohki, S. T. (2012). Cucumber mosaic virus: Viral genes as virulence determinants. *Molecular Plant Pathology*, *13*(3), 217–225. https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00749.x

Mrkvová, M., Hančinský, R., Predajňa, L., Alaxin, P., Achs, A., Tomašechová, J., Šoltýs, K., Mihálik, D., Olmos, A., Ruiz-García, A. B., & Glasa, M. (2022). High-Throughput Sequencing Discloses the Cucumber Mosaic Virus (CMV) Diversity in Slovakia and Reveals New Hosts of CMV from the Papaveraceae Family. *Plants*, *11*(13), 1665. https://doi.org/10.3390/plants11131665

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

Neergaard, P. (1977). *Seed pathology*, Vols. I & II.

Nematollahi, S., Sokhandan-Bashir, N., Rakhshandehroo, F., & Zamanizadeh, H. R. (2012). Phylogenetic Analysis of New Isolates of Cucumber mosaic virus from Iran on the Basis of Different Genomic Regions. *The Plant Pathology Journal*, 28(4), 381–389. https://doi.org/10.5423/ppj.oa.06.2012.0077

Nogay, A., Yorgancı, U., (1984). Investigations on the identification, seed transmission and host range of viruses infecting the culture plants in the Cucurbitaceae in Marmara region. 1. The identification of viruses infecting cucurbits in Marmara region. *J. Turk. Phytopathol. 1*3:9-28

Nogay, A., & Yorgancı, Ü. (1985). Investigations on the identification, seed transmission and host range of viruses infecting the culture plants in the Cucurbitaceae in Marmara region: Seed transmissibilities and cucurbit hosts of CMV and WMV-2. *Journal of Turkish Phytopathology*, *14*(1), 9-16.

Nouri, S., Arévalo, R., Falk, B. W., & Groves, R. L. (2014). Genetic Structure and Molecular Variability of Cucumber mosaic virus Isolates in the United States. *PLoS ONE*, *9*(5). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0096582

Özdemir, S., & Erilmez, S. (2007). Denizli ilinde yetiştirilen biber, patlıcan ve marul üretim alanlarında bazı viral etmenlerin saptanması. Türkiye II. *Bitki Koruma Kongresi Bildirileri. Isparta*, 114.

Özdemir, S., & Erilmez, S. (2012). First report of Alfalfa mosaic virus and Cucumber mosaic virus in pepino in Turkey. *Journal of Plant Pathology*, *94*(4).

Palukaitis, P., & García-Arenal, F. (2003). Cucumoviruses. *Advances in Virus Research*, 62, 241–323.

Palukaitis, P., Roossinck, M. J., Dietzgen, R. G., & Francki, R. I. B. (1992). Cucumber mosaic virus. *Advances in Virus Research*, 41, 281–348. https://doi.org/10.1016/S0065-3527(08)60039-1

Park, T. S., You, J. W., Park, J. S.,Jeong, R. D., & Hong, J. S. (2018). First report of cucumber mosaic virus infecting Solanum pseudocapsicum in Korea. *Journal of Plant Pathology*, 100:147. https://doi.org/10.1007/s42161-018-0037-7

Rast, A. T. B., & Stijger, C. C. M. M. (1987). Disinfection of pepper seed infected with different strains of capsicum mosaic virus by trisodium phosphate and dry heat treatment. *Plant Pathology*, 36, 583–588. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1987.tb02277.x

Rivera-Toro, D.M., J.C. Vaca-Vaca & K. López-López, (2020). Detection and molecular characterization of the Cucumber mosaic virus in chili pepper (*Capsicum* spp. L.) crops. *Agronomía Colombiana*, 38 (2): 218-225. https: //doi.org/10.15446/agron.colomb.v38n2.82975

Rodríguez Pardina, P., Ojeda, M., Biderbost, E. & Di Feo, L. (2013). Detection and characterization of a cucumber mosaic virus isolate infecting peperina, a species native to Argentina. *Agriscientia*, *30*(2): 79-85. https://doi.org/10.31047/1668.298x.v30.n2.8993

Rodríguez-Verástegui, L. L., Ramírez-Zavaleta, C. Y., Capilla-Hernández, M. F., & Gregorio-Jorge, J. (2022). Viruses

Infecting Trees and Herbs That Produce Edible Fleshy Fruits with a Prominent Value in the Global Market: An Evolutionary Perspective. *Plants*, *11*(2), 203. https://doi.org/10.3390/plants11020203

Roossinck, M. J. (2001). Cucumber mosaic virus, a model for RNA virus evolution. *Molecular plant pathology*, *2*(2), 59-63.

Salánki, K., Gellért, Á., Nemes, K., Divéki, Z., & Balázs, E. (2018). Molecular Modeling for Better Understanding of Cucumovirus Pathology. *Advances in Virus Research*, 102, 59–88. https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2018.06.002

Santosa, A. I., & Ertunç, F. (2021). Characterization of two Cucumber mosaic virus isolates infecting *Allium cepa* in Turkey. *Phytopathologia Mediterranea*, *60*(1), 13–21. https://doi.org/10.36253/phyto-11840

Schmelzer, K. (1957). *Phytopathologische Zeitschrift*, 28, 1.

Scholthof, K. B. G., Adkins, S., Czosnek, H., Palukaitis, P., Jacquot, E., Hohn, T., Hohn, B., Saundners, K., Candresse, T., Ahlquist, P., Hemenway, C., & Foster, G. D. (2011). Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, *12*(9), 938-954.

Seo, J. K., Kwon, S. J., Choi, H. S. & Kim, K. H. (2009). Evidence for alternate states of Cucumber mosaic virus replicase assembly in positiveand negative-strand RNA synthesis. *Virology*, 383, 248–260, https://doi.org/10.1016/j.virol.2008.10.033

Sertkaya, G. (2015). Hatay ili marul ve ispanak alanlarında bazı virüslerin araştırılması. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *20*(1), 7-12.

Sevik, M. A., & Arli-Sokmen, M. (2003). Viruses infecting cucurbits in Samsun, Turkey. *Plant Disease, 87*(4), 341-344.

Sevik, M. A. (2017). Natural occurrence of cucumber mosaic virus infecting broccoli in Turkey. *Virus Disease*, *28*(2), 218-219.

Shabbir, M. A., & Waleed, H. M. T. (2025). Cucumber Mosaic Virus (CMV): Advances in Molecular Understanding, Disease Ecology and Management. *Phytopathogenomics and Disease Control*, 213–222. https://doi.org/10.22194/pdc/4.1071

Sharma, S., & Gümüş, M. (2023). Biological and molecular detection of Cucumber mosaic virus (CMV) isolates obtained from Izmir. *Akademik Ziraat Dergisi*, *12*(2), 199–210.

Shehata, W. F., Iqbal, Z., Abdelbaset, T. E., Saker, K. I., El Shorbagy, A. E., Soliman, A. M., ... & 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.

Shi, B., Palukaitis, P., & Symons, R. H. (2002). Differential Virulence by Strains of Cucumber mosaic virus is Mediated by the 2b Gene. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, *15*(9), 947–955. https://doi.org/10.1094/mpmi.2002.15.9.947

Singh, Z. (1995). Identification of Cucumber Mosaic Virus Subgroup I Isolates from Banana Plants Affected by Infectious Chlorosis Disease Using RT-PCR. *Plant Disease*, *79*(7), 713. https://doi.org/10.1094/pd-79-0713

Sinha, S., Gautam, K. K., & Samad, A. (2021). Emergence of potential threats by Cucumber mosaic virus on medicinal and aromatic plants: detection, characterization and their management strategies. Medicinal Plants-International Journal of Phytomedicines and Related Industries, *13*(3), 409–426.

Sökmen, A. M., & Şevik, M. A. (2004). Reverse Transkriptaz-Polimeraz Zincir Reaksiyon (RT-PCR) Yöntemi

Kullanılaak Hıyar Mozayik Virüsü Enfeksiyonunun Belirlenmesi. 19(3), 14-18. https://app.trdizin.gov.tr/publication/paper/detail/TXpjME9UYzM=

Sönmez, K., & Ellialtıoğlu, Ş. (2014). Domates, karotenoidler ve bunları etkileyen faktörler üzerine bir inceleme. *Derim*, *31*(2), 107-130.

Strange, R. N., & Scott, P. R. (2005). Plant disease: a threat to global food security. *Annu. Rev. Phytopathol.*, *43*(1), 83-116.

Şevik, M. A. (2020). Kenevir (*Cannabis sativa* L.) Bitkilerinde Görülen Virüs Kaynaklı Hastalıklar. *Türkiye Tarımsal Araştırmalar Dergisi*, *7*(1), 111–119. https://doi.org/10.19159/tutad.663715

Şevik, M. A., & Baltacı, A. (2024). Samsun İli Kanola Üretim Alanlarda Enfeksiyon Oluşturan Virüslerin Belirlenmesi. *Düzce Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*, *12*(1), 390–399. https://doi.org/10.29130/dubited.1222867

Şin, B., & Önen, H. (2015). Some Important Vıral Dıseases Observed On Invasıve Plants. Turkish Journal of Weed Science, *18*(3), 67-68.

TAGEM, (2026). *Zirai Mücadele Teknik Talimatları: Sebze Hastalıkları*. Cilt III. Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü.

Tamarzizt, H. B., Montarry, J., Girardot, G., Fakhfakh, H., Tepfer, M., & Jacquemond, M. (2013). Cucumber mosaic virus populations in Tunisian pepper crops are mainly composed of virus reassortants with resistance-breaking properties. *Plant Pathology*, *62*(6), 1415–1428. https://doi.org/10.1111/ppa.12032

Thackray, D. J., Diggle, A., Berlandier, F., & Jones, R. A. (2004). Forecasting aphid outbreaks and epidemics of Cucumber mosaic virus in lupin crops in a Mediterranean-type environment. *Virus Research*, *100*(1), 67–82. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2003.12.015

Tok, S., & Erkan, S. (2006). Bursa ve Çanakkale illerinde Bazı Yörelerde Yetiştirilen Şeker Pancarı Bitkilerindeki Virüs Hastalıklarının Saptanması. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *43*(1), 45-53.

Tomlinson, J. A. (1987). Epidemiology and control of virus diseases of vegetables. *Annals of Applied Biology*, *110*(3), 661–681.

Topkaya, Ş. (2020). Kastamonu İli ve Çevresinde Kabakgil Yetiştirilen Alanlarda Enfeksiyon Oluşturan Viral Etmenlerin Saptanması. *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi*, *9*(1), 65-72.

Usta, M., Güller, A., & Günay, A. (2020). The molecular characterization of the coat protein sequence and differentiation of CMV-subgroup I on tobacco from native flora in Turkey. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, *48*(2), 523–534. https://doi.org/10.15835/nbha48211822

Uzunoğulları, N., & Gümüş, M. (2015). Marmara Bölgesi'nde bazı kültür bitkilerinde doğal enfeksiyona neden olan Hıyar mozaik virüsü (Cucumber mosaic virus, CMV)'nün tespiti. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, *16*(1), 9-15.

Van Regenmortel, M.H.V., C.M. Fauquet, D.H.L. Bishop, E.B. Carstens, M.K. Estes, S.M.Lemon, J. Moniloff, M.A. Mayo, D.J. McGeoch, C.R. Pringle, & R.B. Wickner. (2000). *Virus taxonomy*, SeventhReport of the ICTV, New York: Academic Press, pp. 599-621.

Vinodhini, J., Rajendran, L., Raveendran, M., Rajasree, V., & Karthikeyan, G. (2020). Characterization of cucumber mosaic virus (CMV) subgroup IB infecting chilli in Tamil Nadu, India. *Biotech*, *10*(11), 500. https://doi.org/10.1007/s13205-020-02492-y

Wang, F. L., Yang, J. G., Zhai, X. L., & Song, L. Y. (2011, June). A real-time reverse transcription PCR assay for detection of Cucumber mosaic virus in individual peach aphid (Myzus persicae). In *2011 6th IEEE Conference on Industrial Electronics and Applications* (pp. 2624-2627)

Yeşil, S. (2013). *Konya, Karaman ve Aksaray illeri kabakgil ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının serolojik ve moleküler yöntemlerle tespiti ve enfeksiyon kaynaklarının belirlenmesi* (Doktora Tezi). Selçuk Üniversitesi.

Yeşil, S., & Ertunç, F. (2013). Virus diseases of cucurbits in Karaman province. *International Journal of Ecosystems and Ecology Science (IJEES)*, 3(2), 235-240.

Yeşil, S. (2019). Detection of Viruses on Edible Seed Squash (*Cucurbita pepo* L.) in Yozgat Province, Turkey. *Journal of the Institute of Science and Technology*, *9*(3), 1212-1219. https://doi.org/10.21597/jist.509235

Yeşil, S. (2022a). Konya İli Park ve Ev Bahçelerinde Peyzaj Amaçlı Yetiştirilen Dahlia Türlerinde Enfeksiyon Yapan Bazı Virüs Hastalıklarının Serolojik Yöntemlerle Belirlenmesi. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, *10*, 2789–2794.

Yeşil, S. (2022b). Konya İli Ereğli İlçesi Domates Ekim Alanlarında Domateste Yaygın Olarak Bulunan Üç Virüsün Serolojik Tespiti. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, *10*, 2795–2800.

Zečević, K., Teodorović, S., Vučurović, A., Krstić, B., Kovačević, D., & Stanković, I. (2026). Population structure and genetic variation of cucumber mosaic virus isolates in Serbia. *Frontiers in Plant Science, 17*. https://doi.org/10.3389/fpls.2026.1741618

Zitikaitė, I., Staniulis, J., Urbanavičienė, L., & Žižytė-Eidetienė, M. (2011). Cucumber mosaic virus identification in pumpkin plants. *Zemdirbyste-Agriculture, 98*(4), 421–426.

Zitter, T. A., & Murphy, J. F. (2009). *Cucumber mosaic*. The Plant Health Instructor. https://doi.org/10.1094/PHI-I-2009-0518-01

BÖLÜM 4

Potyvirus rapae
(Turnip mosaic virus, TuMV)

SAVAŞ KORKMAZ[1]

Giriş

Sebze üretiminde verim ve kaliteyi sınırlandıran en önemli biyotik etmenlerden biri bitki virüsleridir. Virüsler, enfekte ettikleri bitkilerde büyüme ve gelişmeyi olumsuz etkileyerek ürün miktarında ve kalitesinde önemli kayıplara neden olmaktadır. Özellikle küresel ticaretin artması, yoğun tarımsal üretim sistemlerinin yaygınlaşması ve iklim değişikliğine bağlı olarak vektör popülasyonlarının değişmesi, viral hastalıkların yayılışını ve ekonomik önemini artırmaktadır (Jones, 2021).

Sebze türleri arasında ekonomik değeri yüksek olan Brassicaceae familyasına ait bitkiler, geniş yetiştiricilik alanları ve farklı virüs etmenlerine duyarlı olmaları nedeniyle viral hastalıkların etkilerinin en belirgin şekilde gözlendiği ürün gruplarından birini

[1] Prof. Dr., Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0001-8227-3800

oluşturmaktadır. Brassicaceae bitkilerinde görülen viral hastalıklar arasında turnip mosaic virus (TuMV), cucumber mosaic virus (CMV), cauliflower mosaic virus (CaMV) ve çeşitli polerovirüsler önemli yer tutmaktadır. Bu virüsler arasında TuMV, yaygınlığı, geniş konukçu aralığı ve neden olduğu ekonomik kayıplar nedeniyle en önemli etmenlerden biri olarak kabul edilmektedir (Walsh & Jenner, 2002; Gibbs & Ohshima, 2010).

TuMV günümüzde Brassicaceae familyası bitkilerinde, dünyanın hemen hemen tüm tarımsal üretim bölgelerinde tespit edilmiştir. Virüsün doğal yayılışında çok sayıda yaprak biti türü rol oynamakta ve bu durum hastalığın kısa sürede geniş alanlara yayılmasına olanak sağlamaktadır. Ayrıca çok sayıda kültür ve yabancı ot türünü enfekte edebilmesi, virüsün doğada sürekliliğini korumasını kolaylaştırmakta ve epidemiyolojik açıdan önemli bir avantaj sağlamaktadır.

TuMV enfeksiyonunda ortaya çıkan belirtiler konukçu bitki türüne, virüs izolatına ve çevresel koşullara bağlı olarak değişiklik gösterebilmektedir. Brassica türlerinde yaygın olarak mozaik, damar açılması, klorotik beneklenme, yaprak deformasyonları ve gelişme geriliği gözlenirken, şiddetli enfeksiyonlarda nekrotik reaksiyonlar ve önemli verim kayıpları meydana gelebilmektedir. Özellikle genç bitkilerde görülen enfeksiyonlar ekonomik kayıpların daha yüksek olmasına neden olmaktadır (Yasaka vd., 2017, Korkmaz vd., 2020).

TuMV ilk kez 1921 yılında Amerika Birleşik Devletleri'nde şalgam bitkisinde tanımlanmış olup sonraki yıllarda Avrupa, Asya ve diğer kıtalarda yaygın olarak bulunduğu belirlenmiştir (Gardner & Kendrick, 1921). Günümüzde virüsün biyolojisi, epidemiyolojisi, evrimi ve konukçu ilişkileri hakkında çok sayıda çalışma gerçekleştirilmiş olup, bitki virolojisinin en iyi karakterize edilmiş patojenlerinden biri haline gelmiştir.

Geniş konukçu aralığı, etkili vektörlerle taşınabilmesi, yüksek genetik çeşitliliği ve ekonomik önemi nedeniyle TuMV, hem temel viroloji araştırmaları hem de sürdürülebilir hastalık yönetimi çalışmaları açısından büyük önem taşımaktadır. Virüsün biyolojik özelliklerinin, genetik yapısının, popülasyon çeşitliliğinin ve konukçu ile etkileşim mekanizmalarının ayrıntılı olarak anlaşılması, dayanıklı çeşit geliştirme çalışmalarına ve etkili mücadele stratejilerinin oluşturulmasına önemli katkılar sağlayacaktır.

Taksonomisi ve Genom Özellikleri

Taksonomisi

TuMV tarımsal açıdan önemli bitki virüslerinden biri olup özellikle Brassicaceae familyasına ait kültür bitkilerinde yaygın olarak görülmektedir. Virüs, tek iplikçikli pozitif polariteli RNA genomuna sahip olup Potyviridae familyasının Potyvirus cinsi içerisinde yer almaktadır (Gibbs & Ohshima, 2010; Nellist vd., 2022). Güncel virüs taksonomisine göre TuMV aşağıdaki şekilde sınıflandırılmaktadır (Simmonds vd., 2024).

Alem : Riboviria

Bölüm : Orthornavirae

Şube : Pisuviricota

Sınıf : Stelpaviricetes

Takım : Patatavirales

Familya : Potyviridae

Cins : Potyvirus

Tür : *Potyvirus rapae*

Filogenetik çalışmalar TuMV'nin Potyvirus cinsi içerisinde kendine özgü bir evrimsel grup oluşturduğunu göstermektedir. İlk

kapsamlı moleküler analizler sonucunda virüs izolatları Basal-B, Basal-BR, Asian-BR ve World-B olmak üzere dört ana filogenetik gruba ayrılmıştır (Ohshima vd., 2002; Tomimura vd., 2003). Daha sonra yapılan çalışmalar Orkide ve İran gruplarının tanımlanmasıyla filogenetik grup sayısı altıya yükselmiştir (Nguyen vd., 2013; Yasaka vd., 2017). Bu gruplar arasında özellikle Brassica ve Raphanus cinslerine adaptasyon bakımından önemli farklılıklar bulunmaktadır.

Moleküler evrim analizleri TuMV'nin yaklaşık 1000 yıl önce Akdeniz Havzası veya Orta Doğu bölgesinde ortaya çıktığını göstermektedir Nguyen vd. (2013; 2017) ve Kawakubo vd. (2021) virüsün tarihsel İpek Yolu güzergâhları boyunca yayılarak Avrupa ve Asya'da farklı filogenetik gruplara ayrıldığını ortaya koymuştur. Günümüzde TuMV, tropikal ve ılıman iklim kuşaklarında dünya genelinde yaygın olarak bulunmaktadır (Provvidenti, 1996; Nellist vd., 2022).

TuMV'nin dikkat çekici özelliklerinden biri de filogenetik olarak çoğunluğu monokotiledon bitkileri enfekte eden potyvirüslere yakın olmasına rağmen günümüzde esas olarak dikotiledon Brassicaceae türlerinde yaygınlık göstermesidir (Gibbs & Ohshima, 2010). Bu durum virüsün evrimsel süreç içerisinde önemli konukçu değişimleri geçirdiğini göstermektedir.

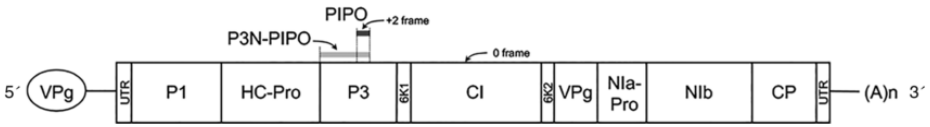
Genom Özellikleri

TuMV genomu yaklaşık 9.830–9.833 nükleotid uzunluğunda, tek iplikçikli pozitif polariteli RNA (+ssRNA) molekülünden oluşmaktadır (Sánchez vd., 1998; Nellist vd., 2022). Genomun 5′ ucunda kovalent olarak bağlanmış viral genom bağlantılı protein (VPg) bulunurken, 3′ ucunda değişken uzunlukta poli(A) kuyruğu yer almaktadır. Bu yapı tüm potyvirüslerde ortak olarak görülmektedir (Revers & García, 2015).

Genom tek bir uzun açık okuma çerçevesi (ORF) içermekte ve yaklaşık 350 kDa büyüklüğünde bir poliprotein sentezlenmektedir. Daha sonra bu poliprotein, virüs tarafından kodlanan proteazlar yardımıyla fonksiyonel proteinlere ayrılmaktadır (Urcuqui-Inchima vd., 2001; Revers & García, 2015).

TuMV genomunda sırasıyla P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, VPg, NIa-Pro, NIb ve CP proteinlerini kodlayan bölgeler bulunmaktadır (Sánchez vd., 1998; Nellist vd., 2022). Ayrıca Chung vd. (2008) tarafından potyvirüslerde keşfedilen "Pretty Interesting Potyviridae ORF" (PIPO) isimli ek açık okuma çerçevesi de TuMV genomunda yer almaktadır (Şekil 1).

Şekil 1. Turnip mosaic virus genomunun şematik gösterimi



Kaynak: Nellist vd., 2022

P1 proteini genomun ilk proteinidir ve serin proteaz aktivitesine sahiptir. Protein, poliproteinin ilk parçalanma basamaklarında görev almakta ve konukçu adaptasyonu ile ilişkilendirilmektedir (Revers & García, 2015).

HC-Pro, potyvirüslerin en önemli multifonksiyonel proteinlerinden biridir. Bu protein yaprakbitleri ile taşınma, RNA susturulmasının baskılanması, sistemik enfeksiyon ve virüs çoğalmasının düzenlenmesinde görev yapmaktadır (Urcuqui-Inchima vd., 2001; Valli vd., 2018). HC-Pro'nun özellikle RNA susturulması mekanizmasını baskılayarak bitki savunma sistemini etkisiz hale getirdiği bilinmektedir.

P3 proteini virülens, konukçu özgüllüğü ve semptom oluşumunda önemli rol oynamaktadır. Jenner vd. (2003) P3

proteininin Brassica türlerinde görülen semptomların şiddetini belirleyen temel faktörlerden biri olduğunu göstermiştir. Ayrıca Chung vd. (2008) tarafından tanımlanan P3N-PIPO proteini, hücreler arası hareket sırasında plazmodezmatalarla etkileşime girerek virüsün yayılımını sağlamaktadır.

6K1 ve 6K2 küçük membran proteinleri olup viral replikasyon komplekslerinin oluşumunda görev almaktadır. Özellikle 6K2 proteini enfeksiyonun erken dönemlerinde endoplazmik retikulum kaynaklı veziküllerin oluşmasını sağlayarak viral çoğalma merkezlerini oluşturmaktadır (Laliberté & Zheng, 2014).

Cylindrical Inclusion (CI) proteini ATPaz ve helikaz aktivitesine sahip olup viral RNA'nın çoğalması ve hücreler arası taşınmasında görev yapmaktadır. Potyvirüs enfeksiyonlarında görülen karakteristik silindirik inklüzyon yapıları bu protein tarafından oluşturulmaktadır (Movahed vd., 2017).

VPg proteini viral RNA'nın 5′ ucuna kovalent olarak bağlıdır ve ökaryotik translasyon başlangıç faktörleri olan eIF4E ve eIF(iso)4E ile etkileşime girmektedir (Jenner vd., 2010). Bu etkileşim virüsün konukçu hücre içerisinde protein sentezini başlatabilmesi açısından kritik öneme sahiptir.

NIa-Pro, viral poliproteinin parçalanmasını sağlayan ana proteazdır. NIb ise RNA-bağımlı RNA polimeraz (RdRp) olarak görev yapmakta ve genom replikasyonundan sorumludur (Revers & García, 2015).

Kılıf proteini (coat protein, CP), virion oluşumu, yaprakbiti ile taşınma, sistemik hareket ve konukçu etkileşimlerinde görev almaktadır. Her virion yaklaşık 2000'den fazla CP alt biriminden oluşmaktadır (Nellist vd., 2022).

Genetik Çeşitlilik ve Rekombinasyon

TuMV, yüksek genetik çeşitliliğe sahip bir RNA virüsüdür. Günümüzde GenBankası veri tabanında yüzlerce tam genom dizisi bulunmaktadır. TuMV izolatları arasında nükleotid benzerliği genellikle %76'nın üzerinde olmasına rağmen rekombinasyon oldukça yaygındır (Ohshima vd., 2007; Kawakubo vd., 2021). Kawakubo vd. (2021) mevcut genom dizilerinin yaklaşık %80'inin rekombinasyon izleri taşıdığını bildirmiştir.

RNA virüslerinde yüksek mutasyon oranı ve sık görülen rekombinasyon olayları, TuMV'nin yeni konukçulara adapte olmasına ve yeni patotiplerin ortaya çıkmasına olanak sağlamaktadır (Gibbs vd., 2015). Bu nedenle TuMV, bitki virüslerinin evrimi ve konukçu adaptasyon mekanizmalarının araştırılmasında model sistemlerden biri olarak kabul edilmektedir (Nellist vd., 2022).

Ekonomik Önemi

TuMV, dünya genelinde ekonomik açıdan en önemli bitki virüslerinden biri olarak kabul edilmektedir. Virüs, özellikle Brassicaceae familyasına ait kültür bitkilerinde yaygın olarak görülmekte ve sebze üretiminde ciddi verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır (Shattuck, 1992; Walsh & Jenner, 2002). TuMV'nin ekonomik önemi yalnızca doğrudan ürün kayıplarından değil, aynı zamanda üretim maliyetlerinin artmasından, pazarlanabilir ürün miktarının azalmasından ve uluslararası tohum ile fide ticaretinde oluşturduğu risklerden de kaynaklanmaktadır.

Dünya genelinde lahana (*Brassica oleracea* var. *capitata*), karnabahar (*B. oleracea* var. *botrytis*), brokoli (*B. oleracea* var. *italica*), Çin lahanası (*B. rapa* subsp. *pekinensis*), turp (*Raphanus sativus*), şalgam (*B. rapa* subsp. *rapa*), roka (*Eruca vesicaria*) ve hardal (*Brassica juncea*) gibi birçok ekonomik öneme sahip sebze türü TuMV'nin doğal konukçuları arasında yer almaktadır (Ohshima

vd., 2002; Tomimura vd., 2003). Brassica türleri dünya sebze üretiminde önemli bir paya sahip olduğundan, virüsün neden olduğu enfeksiyonlar küresel ölçekte ciddi ekonomik kayıplara yol açmaktadır.

TuMV enfeksiyonları bitkilerde mozaik, damar bantlaşması, yaprak deformasyonları, kloroz, nekroz, bodurluk ve büyüme geriliği gibi belirtilere neden olmaktadır. Bu belirtiler fotosentetik kapasitenin azalmasına, bitki gelişiminin yavaşlamasına ve sonuç olarak verim düşüşüne yol açmaktadır (Walsh & Jenner, 2002). Özellikle yaprağı tüketilen sebzelerde meydana gelen şekil bozuklukları ve renk değişiklikleri ürünün pazar değerini önemli ölçüde azaltmaktadır. Taze tüketim amacıyla üretilen lahana, marul ve Çin lahanası gibi ürünlerde estetik kalite büyük önem taşıdığından, hafif enfeksiyonlar bile ekonomik kayıplarla sonuçlanabilmektedir.

Virüsün neden olduğu verim kayıpları; konukçu bitki türüne, virüs izolatına, enfeksiyon zamanına, çevresel koşullara ve kullanılan çeşidin duyarlılığına bağlı olarak değişmektedir. Erken dönemde enfekte olan bitkilerde verim kayıplarının %50'nin üzerine çıkabildiği, bazı hassas çeşitlerde ise ürün kayıplarının %80–100 seviyelerine ulaşabildiği bildirilmiştir (Shattuck, 1992; Walsh & Jenner, 2002). Çin lahanası ve hardal gibi bazı Brassica türlerinde enfeksiyonun erken dönemde gerçekleşmesi durumunda ticari olarak değerlendirilebilecek ürün elde edilememesi söz konusu olabilmektedir.

TuMV'nin ekonomik önemini artıran en önemli özelliklerinden biri, virüsün çok sayıda yaprak biti türü tarafından taşınabilmesidir. Günümüzde virüsün 80'den fazla yaprak biti türü ile taşınabildiği bilinmektedir (Zhou vd., 2001; Walsh & Jenner, 2002). Yaprak bitlerinin virüsü saniyeler içerisinde edinip kısa süre içinde sağlıklı bitkilere aktarabilmeleri nedeniyle kimyasal

mücadele yöntemleri çoğu zaman yetersiz kalmaktadır. Bu durum üreticilerin daha sık insektisit uygulamalarına yönelmesine neden olmakta, ancak uygulamaların çoğu virüs yayılımını engellemede sınırlı başarı sağlamaktadır. Sonuç olarak üretim maliyetleri artarken çevresel ve ekonomik yük de büyümektedir.

TuMV yalnızca kültür bitkilerini değil, aynı zamanda birçok yabancı otları da enfekte edebilmektedir. Bu yabancı otlar tarım alanlarında virüs için doğal rezervuar görevi görmekte ve üretim sezonları arasında inokulum kaynağının devamlılığını sağlamaktadır (Ohshima vd., 2002). Böylece virüsün eradikasyonu zorlaşmakta ve her üretim döneminde yeniden enfeksiyon riski ortaya çıkmaktadır.

TuMV'nin dünya genelindeki yaygınlığı da ekonomik önemini artırmaktadır. Moleküler epidemiyoloji çalışmaları, virüsün Avrupa, Asya, Afrika, Okyanusya ve Amerika kıtalarında yaygın olarak bulunduğunu göstermektedir (Ohshima vd., 2002; Tomimura vd., 2003). Özellikle Doğu Asya ülkelerinde Çin lahanası ve diğer Brassica sebzelerinin yoğun olarak yetiştirildiği alanlarda TuMV en önemli viral hastalık etmenlerinden biri olarak kabul edilmektedir. Japonya, Çin ve Kore'de virüs nedeniyle önemli düzeyde ekonomik kayıplar rapor edilmiştir (Nguyen vd., 2013).

Türkiye'de de TuMV, lahana, karnabahar, brokoli, turp, roka, şalgam, kolza, bamya ve yabani Brassicaceae türlerinde yaygın olarak tespit edilmiştir. Yapılan sürvey çalışmalarında virüsün Marmara, Ege, Akdeniz ve Karadeniz bölgelerinde Brassica üretim alanlarında bulunduğu belirlenmiştir (Korkmaz vd., 2006; 2008; Yasaka vd., 2017; Korkmaz vd., 2020; Karanfil & Korkmaz, 2016; 2019). Virüsün yaygınlığı, Brassica sebzelerinin ülke ekonomisindeki önemi göz önüne alındığında, TuMV' yi Türkiye açısından da ekonomik olarak önemli viral patojenlerden biri haline getirmektedir.

Virüsle mücadelede dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi en etkili ve ekonomik yöntemlerden biri olarak görülmektedir. Ancak TuMV'nin yüksek genetik çeşitliliğe sahip olması ve yeni patotiplerin ortaya çıkabilmesi nedeniyle dayanıklılığın kırılması önemli bir sorun oluşturmaktadır (Walsh & Jenner, 2002). Bu nedenle dayanıklı çeşit geliştirme çalışmaları, moleküler ıslah yöntemleri ve RNA temelli biyoteknolojik yaklaşımlar günümüzde yoğun olarak araştırılmaktadır.

Türkiye'de Yayılımı

TuMV, Türkiye'de Brassicaceae familyasına ait sebze türlerinde görülen yaygın ve ekonomik açıdan önemli virüslerden biridir. Dünya genelinde olduğu gibi Türkiye'de de özellikle lahana, karnabahar, brokoli, roka, turp, kanola, bamya ve şalgam yetiştiriciliğinde verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır. TuMV'nin geniş konukçu dizisi, çok sayıda yaprak biti türü tarafından taşınabilmesi ve yabancı otlarda uzun süre varlığını sürdürebilmesi, virüsün ülke genelinde yaygınlaşmasını kolaylaştırmaktadır (Korkmaz vd., 2006; 2008; Yasaka vd., 2017; Korkmaz vd., 2020; Karanfil & Korkmaz, 2016; 2019; 2020; Şevik & Akçura, 2016)

Türkiye'de TuMV ile ilgili ilk kapsamlı çalışmalar Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilmiştir. Korkmaz vd. (2008) Balıkesir, Bursa ve Çanakkale illerinde Brassicaceae türlerinde yürüttükleri sürvey çalışmalarında mozaik, kloroz, nekrotik lekeler ve yaprak deformasyonları gösteren bitkilerden örnekler toplamış ve serolojik analizler sonucunda TuMV enfeksiyonlarını belirlemişlerdir. Araştırmada incelenen örneklerin yaklaşık %13'ünde TuMV enfeksiyonu tespit edilmiş ve virüsün bölgedeki Brassica üretim alanlarında yaygın olarak bulunduğu ortaya konulmuştur. Aynı çalışmada lahana (*Brassica oleracea*), Brüksel lahanası (*B. oleracea* var. *gemmifera*), kültür turpu (*Raphanus sativus*), yabani turp

(*Raphanus raphanistrum*) ve yabani hardal (*Sinapis arvensis*) türlerinde doğal enfeksiyonlar belirlenmiştir.

Marmara Bölgesi'nde elde edilen bulgular, TuMV'nin yalnızca kültür bitkileriyle sınırlı olmadığını ve tarla kenarlarında bulunan yabancı ot popülasyonlarında da yaygın şekilde bulunduğunu göstermiştir. Özellikle *Raphanus raphanistrum* ve *Sinapis arvensis* gibi yabani Brassicaceae türlerinin virüs için doğal rezervuar görevi gördüğü ve epidemilerin başlamasında önemli rol oynadığı bildirilmiştir (Korkmaz vd., 2008). Bu durum, virüsün üretim sezonları arasında yaşamını sürdürmesine ve yeni sezonlarda enfeksiyon kaynağı oluşturmasına olanak sağlamaktadır.

Karadeniz Bölgesi'nde yapılan çalışmalar da TuMV'nin yaygınlığını ortaya koymuştur. Şevik & Akçura (2016) Ordu ilinde yetiştirilen kara lahana (*Brassica oleracea* var. *acephala*) bitkilerinde mozaik ve yaprak deformasyonu belirtileri gösteren örneklerde TuMV enfeksiyonunu doğrulamıştır. Araştırmada incelenen örneklerin %7,7'sinde TuMV enfeksiyonu belirlenmiş ve virüsün Karadeniz Bölgesi'nde kara lahana üretimi açısından önemli bir tehdit oluşturduğu vurgulanmıştır.

Türkiye'de gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, TuMV'nin yalnızca yaygın olmadığını, aynı zamanda yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu göstermiştir. Korkmaz vd. (2008) tarafından gerçekleştirilen moleküler karakterizasyon çalışmalarında Türk TuMV izolatlarının dünya genelinde tanımlanan farklı filogenetik gruplarla ilişkili olduğu belirlenmiştir. Daha sonra Yasaka vd. (2017) tarafından yürütülen geniş kapsamlı filogenetik araştırmada Türkiye'den elde edilen çok sayıda izolat analiz edilmiş ve Anadolu'daki TuMV popülasyonlarının virüsün evrimsel geçmişinde önemli bir yere sahip olduğu ortaya konulmuştur. Araştırmacılar, Türkiye'nin hem Avrupa hem de Asya kökenli TuMV popülasyonlarının kesişim bölgesinde yer aldığını ve bu

nedenle virüsün genetik çeşitliliğinin yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Türkiye'de Konukçuları

Türkiye'de gerçekleştirilen çalışmalar, TuMV'nin oldukça geniş bir konukçu dizisine sahip olduğunu göstermektedir. Virüsün başlıca konukçuları Brassicaceae familyasına ait kültür bitkileridir. Lahana (*Brassica oleracea* var. *capitata*), karalahana (*B. oleracea* var. *acephala*), Brüksel lahanası (*B. oleracea* var. *gemmifera*), karnabahar (*B. oleracea* var. *botrytis*), brokoli (*B. oleracea* var. *italica*), turp (*Raphanus sativus*) roka (*Eruca vesicaria*) şalgam (*Brassica rapa*), kanola (*Brassica napus*) ve bamya *(Abelmoschus esculentus)* Türkiye'de doğal enfeksiyonların bildirildiği başlıca kültür bitkileridir (Korkmaz vd., 2006; 2008; Erkan vd., 2013; Yasaka vd., 2017; Korkmaz vd., 2020; Karanfil & Korkmaz, 2016; 2019; 2020; Demir & Korkmaz 2021; Şevik & Akcura, 2016, Baltacı vd., 2020; Şevik, 2016; 2022)

Türkiye'deki çalışmalarda en yaygın enfeksiyonların turp ve lahana bitkilerinde görüldüğü bildirilmektedir. Özellikle turp üretim alanlarında virüsün yüksek sıklıkta bulunması, kültür turpları ile yabani turp popülasyonları arasındaki epidemiyolojik ilişki ile açıklanmaktadır (Korkmaz vd., 2008). Nitekim Anadolu'dan elde edilen çok sayıda TuMV izolatının yabani turp kökenli olması, bu türün virüs epidemiyolojisindeki önemini ortaya koymaktadır (Yasaka vd., 2017; Korkmaz vd., 2020).

Virüsün doğal yaşam döngüsünde yabani konukçuların rolü oldukça büyüktür. Türkiye'de yapılan sürvey çalışmalarında *Raphanus raphanistrum* (yabani turp) ve *Sinapis arvensis* (yabani hardal) türlerinde yaygın enfeksiyonlar belirlenmiştir (Korkmaz vd., 2008; 2020). Bu yabancı otlar, özellikle Brassica üretim alanlarının çevresinde virüsün kışlamasına olanak sağlayan önemli inokulum

kaynaklarıdır. Yaprak bitleri tarafından taşınan virüs, ilkbahar döneminde bu yabani bitkilerden kültür bitkilerine aktarılmaktadır.

Brassicaceae dışındaki konukçular da Türkiye'de rapor edilmeye başlanmıştır. Karanfil & Korkmaz (2019) Ege Bölgesi'nde yetiştirilen bamya bitkilerinde TuMV enfeksiyonunu moleküler yöntemlerle doğrulamışlardır. Bu bulgu, virüsün konukçu spektrumunun Türkiye'de düşünüldüğünden daha geniş olabileceğini göstermektedir. Türkiye'de şimdiye kadar belirlenen konukçuların büyük çoğunluğunu Brassicaceae türleri oluştursa da gelecekte yapılacak sürvey çalışmaları ile yeni doğal konukçuların belirlenmesi beklenmektedir.

Taşınma Yolları

Bitki virüslerinin yayılması ve epidemiler oluşturabilmesi, sahip oldukları taşınma mekanizmaları ile doğrudan ilişkilidir. Virüsün geniş coğrafi yayılış göstermesinde, çok sayıda konukçu türünü enfekte edebilmesinin yanı sıra farklı taşınma yollarına sahip olması da önemli rol oynamaktadır. TuMV'nin başlıca yayılma yolları; yaprak bitleri aracılığıyla vektörel taşınma, enfekteli bitki materyalleri ile taşınma, yabani konukçular aracılığıyla yayılma, mekanik taşınma ve sınırlı düzeyde tohumla taşınmadır (Walsh & Jenner, 2002; Yasaka vd., 2015). Bu taşınma yollarının anlaşılması, virüs epidemiyolojisinin açıklanması ve etkili mücadele stratejilerinin geliştirilmesi açısından büyük önem taşımaktadır.

Yaprak Bitleri ile Taşınma

TuMV'nin doğadaki en önemli yayılma yolu yaprak bitleri (Aphididae) aracılığıyla gerçekleşen vektörel taşınmadır. Virüs, potyvirüslerin karakteristik özelliği olan non-persistent (kalıcı olmayan) taşınma şekliyle yayılmaktadır (Edwardson & Christie, 1986). Bu taşınma tipinde yaprak bitleri virüsü enfekteli bir bitkiden

yalnızca birkaç saniye içerisinde alabilmekte ve kısa süre sonra sağlıklı bitkilere aktarabilmektedir.

Virüsün edinilmesi için genellikle birkaç saniyelik beslenme süresi yeterlidir. Benzer şekilde inokulasyon süresi de birkaç saniye ile birkaç dakika arasında değişmektedir. Yaprak biti virüsü aldıktan sonra taşıma yeteneğini birkaç saat içerisinde kaybetmektedir. Virüs vektörün vücudunda çoğalmamakta ve dolaşım sistemine geçmemektedir; yalnızca stylet adı verilen ağız parçalarının uç kısmında tutulmaktadır (Ng & Falk, 2006).

TuMV'nin doğal koşullarda 80'den fazla yaprak biti türü tarafından taşınabildiği bildirilmiştir (Walsh & Jenner, 2002). Ancak epidemiyolojik açıdan en önemli vektörler şunlardır:

- *Myzus persicae* (Şeftali yaprak biti)
- *Brevicoryne brassicae* (Lahana yaprak biti)
- *Lipaphis erysimi* (Hardal yaprak biti)
- *Aphis fabae* (Bakla yaprak biti)
- *Aphis gossypii* (Pamuk yaprak biti)

Bu türler Brassica üretim alanlarında yaygın olarak bulunmaları nedeniyle virüsün hızlı yayılmasına neden olmaktadırlar (Shukla & Ward, 1989).

TuMV'nin yaprak bitleriyle taşınmasında virüs genomu tarafından kodlanan Helper Component-Proteinase (HC-Pro) proteini kritik rol oynamaktadır. HC-Pro, virüs partikülü ile yaprak bitinin styleti arasında moleküler köprü görevi oluşturarak virüsün vektör tarafından tutulmasını sağlar. Ayrıca kılıf proteininin N-terminal bölgesinde bulunan DAG (Asp-Ala-Gly) motifi de vektör taşınmasında önemli işlev görmektedir. HC-Pro veya DAG motifindeki mutasyonlar virüsün yaprak bitleriyle taşınmasını önemli ölçüde azaltabilmektedir (Blanc vd., 1998; Urcuqui-Inchima vd., 2001).

Mekanik Taşınma

TuMV, deneysel koşullarda ve bazı tarımsal uygulamalar sırasında mekanik olarak da taşınabilmektedir. Enfekteli bitki özsuyunun sağlıklı bitkilerin yaralı dokularına temas etmesi sonucunda virüs bulaşabilmektedir (Shukla & Ward, 1989). Tarla koşullarında budama, hasat, çapalama ve fide şaşırtma gibi işlemler sırasında oluşan yaralanmalar mekanik bulaşmayı kolaylaştırabilmektedir.

Bununla birlikte mekanik taşınmanın epidemiyolojik önemi, yaprak bitleriyle gerçekleşen taşınmaya kıyasla oldukça düşüktür. Ancak sera üretim sistemlerinde yoğun bitki teması ve insan faaliyetleri nedeniyle mekanik bulaşmaların yerel yayılım üzerinde etkili olabileceği bildirilmektedir (Walsh & Jenner, 2002).

Tohum ile Taşınma

TuMV'nin uzun yıllar boyunca yalnızca vektörler aracılığıyla yayıldığı düşünülmüş olsa da daha sonraki çalışmalar bazı konukçu türlerde tohumla taşınmanın mümkün olabileceğini göstermiştir. Montes & Pagan, (2019) çeşitli potyvirüslerde olduğu gibi TuMV'nin de bazı konukçularda düşük oranlarda tohumla taşınabildiğini bildirmiştir.

Tohumla taşınma oranları genellikle oldukça düşüktür ve çoğu çalışmada %1'in altında bulunmuştur. Ancak düşük oranlar bile uzun mesafeli yayılım açısından önem taşımaktadır. Enfekteli tohumların uluslararası ticaret yoluyla yeni bölgelere taşınması, virüsün coğrafi yayılışını artırabilmektedir (Abidin vd., 2025)

Vejetatif Bitki Materyalleri ile Taşınma

TuMV, enfekteli fide, genç bitki ve çoğaltım materyalleri aracılığıyla da taşınabilmektedir. Özellikle fide üretim tesislerinde

enfekte materyallerin kullanılması virüsün kısa sürede çok geniş alanlara yayılmasına neden olabilmektedir (Walsh & Jenner, 2002).

Brassica türlerinde ticari üretimin büyük kısmı fide ile gerçekleştirildiğinden, enfekteli fidelerin üretim alanlarına taşınması epidemilerin başlangıcında önemli rol oynayabilmektedir. Bu nedenle fide üretim sistemlerinde düzenli virüs testlerinin yapılması önerilmektedir.

Yabani Konukçular Aracılığıyla Taşınma ve Doğal Rezervuarlar

TuMV'nin doğadaki sürekliliğini sağlayan en önemli faktörlerden biri yabani konukçu bitkilerdir. Virüs, yalnızca kültür bitkilerinde değil, çok sayıda yabani Brassicaceae türünde de doğal olarak bulunabilmektedir (Ohshima vd., 2002).

Özellikle:

- *Raphanus raphanistrum* (yabani turp)
- *Sinapis arvensis* (yabani hardal)
- *Capsella bursa-pastoris* (çobançantası)
- *Cardamine* spp.
- *Lepidium* spp.

gibi türler virüs için doğal rezervuar görevi görmektedir (Korkmaz vd., 2008; Ohshima vd., 2002; Yasaka vd., 2017).

Bu yabani bitkiler, ürün bulunmayan dönemlerde virüsün yaşamını sürdürmesine olanak sağlamaktadır. İlkbaharda aktif hale gelen yaprak bitleri, virüsü bu rezervuar konukçulardan alarak kültür bitkilerine taşımaktadır. Bu nedenle yabani ot popülasyonları birçok bölgede epidemilerin temel başlangıç kaynağı olarak kabul edilmektedir.

Uzun Mesafeli Yayılım

TuMV'nin kıtalararası yayılımında insan faaliyetleri önemli rol oynamaktadır. Enfekteli fide ve tohum ticareti, virüsün yeni

ülkelere ve üretim bölgelerine taşınmasını kolaylaştırmaktadır (Ohshima vd., 2016). Filogenetik çalışmalar, günümüzde dünya genelinde bulunan TuMV popülasyonlarının tarihsel süreçte bitki materyali hareketleri ile yayıldığını göstermektedir. Yasaka vd. (2017) virüsün farklı filogenetik gruplarının Asya, Avrupa ve Akdeniz havzası boyunca tarımsal faaliyetlerle yayıldığını ortaya koymuştur.

Konukçu Bitkilerde Oluşturduğu Simptomlar

TuMV Brassicaceae familyasına ait kültür ve yabani bitkilerde yaygın olarak görülmekle birlikte, marul, bamya, tütün, süs bitkileri ve çeşitli yabancı ot türlerinde de enfeksiyon oluşturabilmektedir (Ohshima vd., 2002; Nellist vd., 2022). TuMV enfeksiyonu sonucunda ortaya çıkan belirtiler; virüs izolatının genetik yapısına, konukçu türüne ve çeşidine, bitkinin gelişme dönemine ve çevresel koşullara bağlı olarak önemli farklılıklar gösterebilmektedir (Walsh & Jenner, 2002; Nellist vd., 2022). Virüsün neden olduğu belirtiler hafif klorotik lekelerden şiddetli nekrozlara ve bitki ölümüne kadar geniş bir yelpazede değişmektedir.

Yapraklarda Görülen Simptomlar

TuMV enfeksiyonunun en yaygın belirtileri yapraklarda ortaya çıkmaktadır. Hastalığın ilk dönemlerinde genç yapraklarda damar açılması (vein clearing) ve açık yeşil-klorotik lekeler görülmektedir. Bu belirtiler zamanla düzensiz mozaik desenlerine dönüşmektedir. Mozaik görünümü, yaprak dokularında açık ve koyu yeşil alanların bir arada bulunmasıyla karakterize edilir ve virüs hastalıklarının en tipik belirtilerinden biri olarak kabul edilmektedir (Tomlinson, 1987; Edwardson & Christie, 1991).

Birçok Brassica türünde enfeksiyonun ilerlemesiyle birlikte yapraklarda belirgin şekil bozuklukları meydana gelir. Yaprak

yüzeyinde kabarcıklaşma, kıvrılma, büzülme ve deformasyonlar görülebilir. Yaprak ayalarının düzensiz gelişmesi sonucunda yapraklar daralabilir, buruşabilir veya normal büyüklüğüne ulaşamayabilir. Özellikle lahana, Çin lahanası, hardal ve kolza bitkilerinde bu belirtiler oldukça belirgindir (Walsh & Tomlinson, 1985; Shattuck, 1992). TuMV'nin neden olduğu yaprak deformasyonları fotosentetik yüzey alanını azaltarak bitkinin büyümesini olumsuz yönde etkilemektedir.

Bazı konukçularda klorotik mozaik belirtilerine ek olarak halkalı lekeler (ringspot), beneklenme (mottling) ve damar bantlaşmaları da görülebilmektedir. Özellikle lahana ve karnabahar bitkilerinde siyah nekrotik lekeler ve halka şeklindeki nekrotik oluşumlar ekonomik açıdan önemli kalite kayıplarına neden olmaktadır (Hunter vd., 2002; Nellist vd., 2022).

Nekroz ve Doku Ölümü

TuMV enfeksiyonlarında görülen en şiddetli belirtilerden biri nekrozdur. Nekroz, enfekte dokuların kahverengileşmesi ve ölmesi şeklinde ortaya çıkmaktadır. Bazı duyarlı konukçularda küçük siyah nekrotik noktalar zamanla birleşerek geniş ölü doku alanları oluşturabilmektedir. Bu durum özellikle lahana ve Brüksel lahanasında yaygın olarak gözlenmektedir (Hunter vd., 2002).

Virüs ile konukçu arasındaki etkileşimin bir sonucu olarak oluşan hipersensitif reaksiyonlarda lokal nekrotik lezyonlar meydana gelebilmektedir. Bazı durumlarda ise nekroz sistemik hale geçerek yaprak saplarına, gövdeye ve büyüme noktalarına kadar ilerleyebilmektedir. Şiddetli enfeksiyonlarda bitkinin tamamen kuruyarak ölmesi söz konusu olabilmektedir (Walsh & Jenner, 2002; Kawakubo vd., 2021).

Nekrotik belirtilerin ortaya çıkmasında virüs izolatlarının genetik farklılıklarının önemli rol oynadığı bilinmektedir. Özellikle

P3 protein bölgesindeki bazı aminoasit değişikliklerinin simptom şiddetini etkilediği ve farklı TuMV patotiplerinin aynı konukçuda farklı belirtiler oluşturabildiği gösterilmiştir (Jenner vd., 2003; López-González vd., 2020).

Bodurluk ve Gelişme Geriliği

TuMV enfeksiyonlarının önemli sonuçlarından biri bitkilerde meydana gelen bodurluktur. Virüs enfeksiyonu, fotosentez kapasitesinin azalmasına ve bitki metabolizmasının bozulmasına neden olarak bitki boyunda önemli azalmalar oluşturur. Özellikle erken dönemde enfekte olan bitkilerde büyüme ciddi şekilde baskılanmaktadır.

Turp, şalgam, kolza, hardal ve Çin lahanasında görülen sistemik enfeksiyonlar sonucunda bitkiler normal gelişimlerini tamamlayamaz ve önemli ölçüde küçük kalırlar (Walsh & Tomlinson, 1985; Nellist vd., 2022). Bodurluk yalnızca vejetatif gelişimi değil, aynı zamanda generatif gelişimi de olumsuz etkilemektedir. Sonuç olarak baş oluşumu, kök gelişimi veya tohum verimi ciddi düzeyde azalabilmektedir.

Arabidopsis thaliana üzerinde yapılan çalışmalar, farklı TuMV izolatlarının bitki gelişimi üzerinde farklı etkiler oluşturduğunu göstermiştir. Brassica grubuna ait bazı izolatlar çiçek sapı uzamasını baskılarken, bazı Raphanus kökenli izolatlar sap uzamasını teşvik edebilmektedir. Bu durum virüsün sadece hastalık belirtileri oluşturmakla kalmayıp bitki gelişim mekanizmalarını da değiştirebildiğini ortaya koymaktadır (Sánchez vd., 2015; López-González vd., 2021).

Üreme Organlarında Görülen Simptomlar

TuMV enfeksiyonu yalnızca vejetatif organlarda değil, generatif organlarda da belirgin belirtilere yol açmaktadır. Özellikle süs bitkilerinde görülen çiçek kırılması (flower break) hastalığın

karakteristik belirtilerinden biridir. Çiçek taç yapraklarında normal pigment dağılımının bozulması sonucu düzensiz renk değişimleri, çizgilenmeler ve alacalanmalar meydana gelmektedir (Nellist vd., 2022).

Son yıllarda yapılan çalışmalar, bazı TuMV izolatlarının çiçek organlarının gelişiminde bozulmalara neden olduğunu ve polen oluşumu ile fertiliteyi etkileyebildiğini göstermiştir. Özellikle Arabidopsis'te çiçek dokularında hücre gelişiminin baskılandığı ve çiçek organlarının anormal geliştiği bildirilmiştir (Lopez-González vd., 2021).

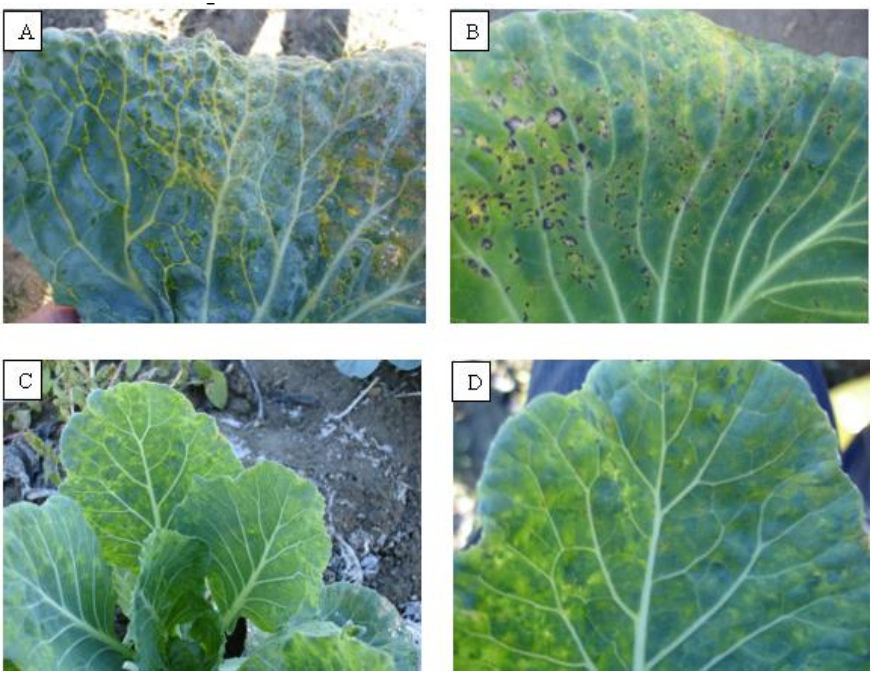
Konukçuya Özgü Simptom Farklılıkları

TuMV'nin simptomatolojisindeki en dikkat çekici özelliklerden biri konukçuya bağlı değişkenlik göstermesidir. Brassica türlerinde çoğunlukla mozaik, damar açılması, deformasyon ve bodurluk belirtileri görülürken; turp bitkilerinde sistemik mozaik ve gelişme geriliği ön plana çıkmaktadır. Marulda başlangıçta küçük açık yeşil lekeler oluşmakta, daha sonra damar klorozu ve yaprak deformasyonları gelişmektedir (Kawakubo vd., 2021).

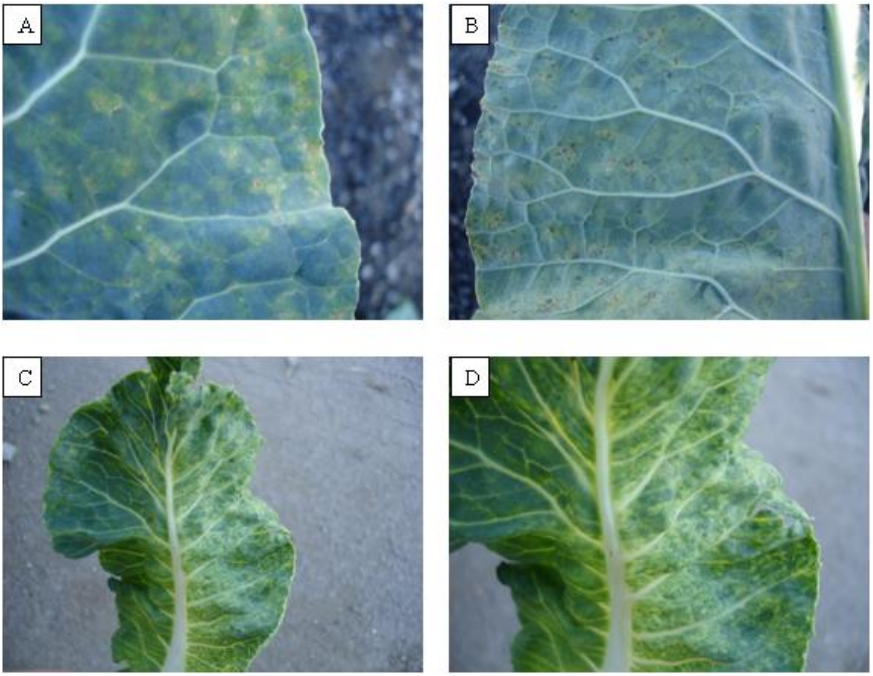
Ravent de (*Rheum rhabarbarum*) beneklenme ve halka lekeler tipik belirtiler arasında yer alırken, süs bitkilerinde çiçek kırılması baskın simptom olarak ortaya çıkmaktadır. Bamya gibi Brassicaceae dışındaki bazı konukçularda ise mozaik, kloroz, yaprak şekil bozuklukları ve gelişme geriliği gözlenmektedir (Gera vd., 2001; Karanfil & Korkmaz, 2019).

Türkiye'de yapılan arazi çalışmalarında (Korkmaz vd., 2006; 2008; Korkmaz vd., 2020; Karanfil & Korkmaz, 2016; 2019; 2020) TuMV ile enfekteli bitkilerde genel olarak mozaik, beneklenme, nekrotik lekeler, kloroz, bodurlaşma, sararma ve doku ölümleri simptomları gözlenmiştir (Şekil 1-8).

Şekil1.Turnip mosaic virus'un arazi koşullarında lahana bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Küçük klorotik benek, B: Küçük nekrotik benek, C: Mozaik, D: Yaprağın bir kenarında daha belirgin mozaik.



Şekil 2. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında karnabahar bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Küçük sarı lekeler, B: Küçük nekrotik lekeler, C: Mozaik, D: Şiddetli mozaik



Şekil 3. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında kanola bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Şiddetli sararma ve mozaik, B: Mozaik

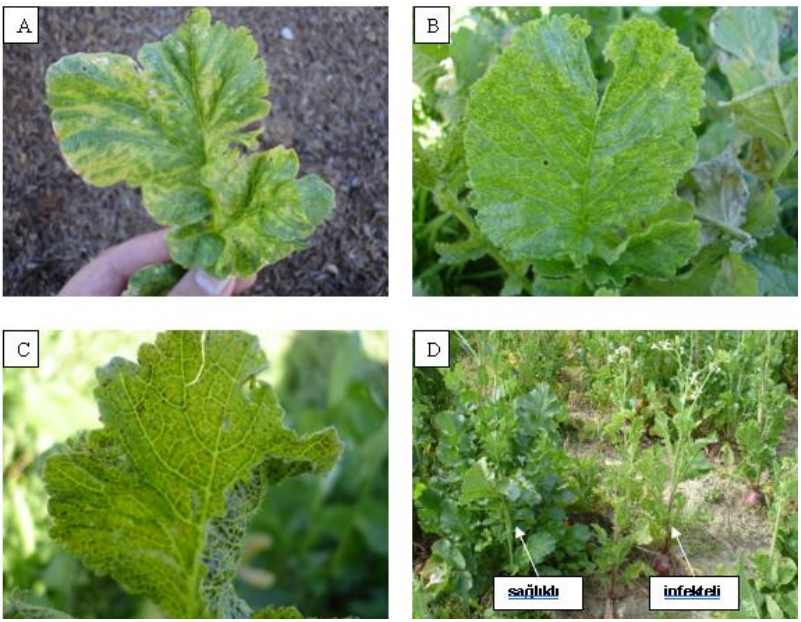


Kaynak: Karanfil & Korkmaz, 2016

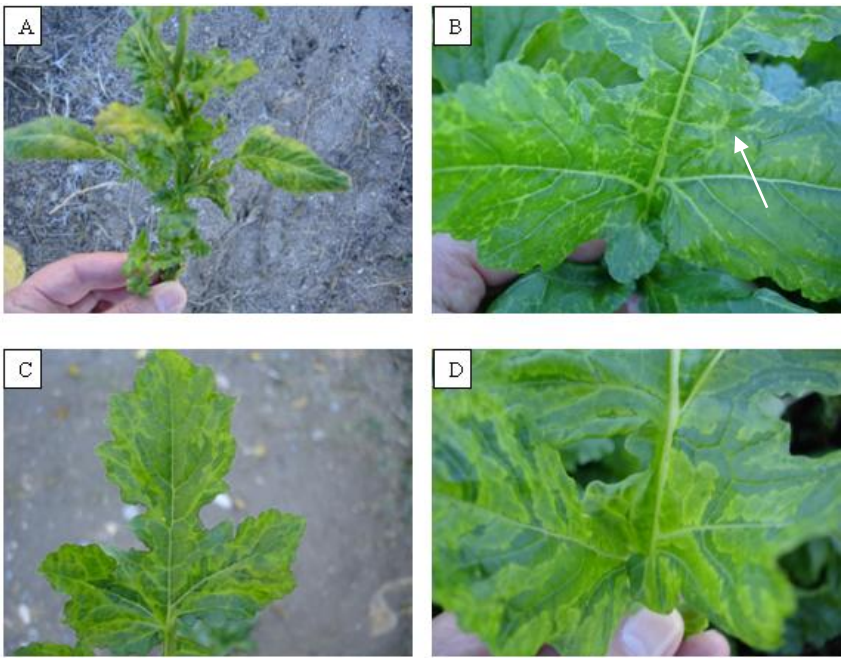
Şekil 4. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında şalgam bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Yaprak uç kısımlarında sararma ve mozaik, B: Mozaik



Şekil 5. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında turp bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Sararma, B: Mozaik, C: Siyah nekrotik lekeler, D: Bodurlaşma



Şekil 6. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında yabani turp bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A: Bodurlaşma, sararma ve mozaik, B, C, D: Mozaik

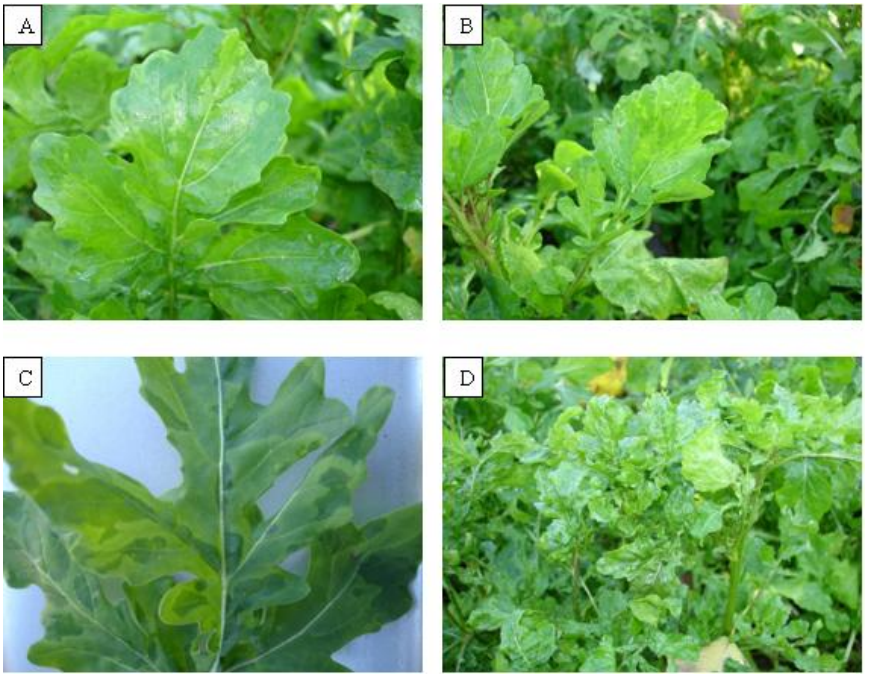


Şekil 7. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında bamya bitkisinde göstermiş olduğu mozaik ve damar açılması simptomları



Kaynak: Karanfil & Korkmaz, 2019.

Şekil 8. Turnip mosaic virus'ün arazi koşullarında roka bitkisinde göstermiş olduğu simptomlar; A, B, C: Mozaik ve sararma, D: Yapraklarda küçülme ve bodurlaşma



Tanı ve Teşhis Yöntemleri

Günümüzde TuMV' nin teşhisinde biyolojik, serolojik ve moleküler yöntemler yaygın olarak kullanılmaktadır. Son yıllarda ise gerçek zamanlı PCR, izotermal amplifikasyon teknikleri ve yeni nesil dizileme (NGS) gibi ileri moleküler yöntemler tanı çalışmalarında önemli yer almaktadır.

Biyolojik Teşhis Yöntemleri

Biyolojik teşhis, virüsün duyarlı indikatör bitkilere mekanik inokulasyonu sonucunda oluşturduğu simptomların değerlendirilmesine dayanmaktadır. Bu yöntem özellikle yeni izolatların biyolojik özelliklerinin belirlenmesi, patotip ayrımı ve

konukçu aralığının incelenmesinde kullanılmaktadır (Matthews, 1991).

TuMV'nin biyolojik tanısında en sık kullanılan indikatör bitkiler arasında *Brassica rapa, Brassica juncea, Brassica napus, Raphanus sativus, Sinapis alba, Chenopodium amaranticolor, Chenopodium quinoa* ve *Nicotiana benthamiana* bulunmaktadır (Shukla vd., 1994; Walsh & Jenner, 2002). Örneğin, *Chenopodium quinoa* üzerinde lokal klorotik veya nekrotik lekeler oluşurken, *Nicotiana benthamiana* bitkilerinde sistemik mozaik, yaprak deformasyonu ve bodurlaşma gözlenebilmektedir. Brassica türlerinde ise açık-koyu yeşil mozaik, damar bantlaşması, yaprak deformasyonu ve büyüme geriliği karakteristik belirtiler arasında yer almaktadır (Chung vd., 2015; Yasaka vd., 2017; Ribeiro-Junior vd., 2018).

Biyolojik yöntemlerin en önemli avantajlarından biri virüsün biyolojik özellikleri hakkında bilgi sağlamalarıdır. Ancak simptomların çevresel koşullardan etkilenmesi, latent enfeksiyonların belirlenememesi ve teşhisin uzun süre alması nedeniyle günümüzde tek başına yeterli görülmemektedir (Hull, 2014).

Serolojik Teşhis Yöntemleri

Serolojik yöntemler, virüsün kapsid proteinine karşı geliştirilmiş özgül antikorların kullanılması esasına dayanmaktadır. TuMV'nin rutin teşhisinde uzun yıllardır en yaygın kullanılan yöntem Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA) olmuştur. TuMV tanısında özellikle DAS-ELISA yöntemi yaygın olarak kullanılmaktadır. DAS-ELISA; çok sayıda örneğin kısa sürede analiz edilmesine olanak sağlaması, ekonomik olması ve yüksek özgüllüğü nedeniyle sürvey çalışmalarında tercih edilmektedir (Sutula vd., 1986; Farzadfar vd., 2005; Zubarera vd., 2013; Yasaka vd., 2017).

ELISA dışında Tissue Blot Immunoassay (TBIA) ve Western blot yöntemleri de TuMV teşhisinde kullanılmaktadır. TBIA yönteminde bitki dokusu doğrudan nitroselüloz membrana bastırılarak virüsün antikorlarla belirlenmesi sağlanmaktadır. Western blot ise virüsün kapsid proteininin moleküler ağırlığını doğrulamada ve antikor özgüllüğünün belirlenmesinde kullanılmaktadır (Roy vd., 2011; Grangeon vd., 2015).

Serolojik yöntemlerin avantajları; hızlı, ekonomik ve yüksek örnek kapasitesine sahip olmalarıdır. Bununla birlikte düşük virüs yoğunluğuna sahip örneklerde duyarlılığın azalması ve antijenik benzerlik gösteren potyviruslar arasında zaman zaman çapraz reaksiyonların görülebilmesi önemli dezavantajlar arasında yer almaktadır (Hull, 2014).

Moleküler Teşhis Yöntemleri

Moleküler yöntemler, yüksek duyarlılık ve özgüllükleri nedeniyle günümüzde TuMV teşhisinde en güvenilir yaklaşımlar olarak kabul edilmektedir. Bu yöntemler virüs genomundaki RNA dizilerinin çoğaltılması veya doğrudan dizilenmesi esasına dayanır.

En yaygın kullanılan yöntem Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)'dır. TuMV'nin tek iplikçikli pozitif polariteli RNA genomu önce ters transkriptaz enzimi ile tamamlayıcı DNA'ya (cDNA) dönüştürülmekte, ardından PCR ile hedef gen bölgeleri çoğaltılmaktadır. Genellikle kapsid protein (CP), NIb veya P3 gen bölgeleri hedef olarak kullanılmaktadır (Ohshima vd., 2002; Tomimura vd., 2003; Yasaka vd., 2017; Korkmaz vd., 2020). RT-PCR yöntemi ELISA'ya göre çok daha düşük virüs konsantrasyonlarında bile başarılı sonuçlar verebilmektedir.

Virüs miktarının belirlenmesinde ise Gerçek Zamanlı RT-PCR (Real-Time RT-PCR veya qRT-PCR) kullanılmaktadır. Floresan problar veya SYBR Green boyası kullanılarak

gerçekleştirilen bu yöntem, klasik RT-PCR'dan daha yüksek duyarlılık ve kantitatif analiz olanağı sağlamaktadır. Özellikle latent enfeksiyonların belirlenmesi, sertifikasyon programları ve epidemiyolojik çalışmalar için önemli avantajlar sunmaktadır (Ling vd., 2007; Boonham vd., 2014).

Son yıllarda geliştirilen Loop-Mediated Isothermal Amplification (RT-LAMP) yöntemi de TuMV teşhisinde başarılı şekilde uygulanmaktadır (Zhao vd., 2014; Supakitthanakorn, 2025). Bu teknikte amplifikasyon sabit sıcaklıkta (60–65 °C) gerçekleştiğinden termal döngü cihazına ihtiyaç duyulmamaktadır. Sonuçlar yaklaşık 30–60 dakika içerisinde elde edilebilmekte ve renk değişimi veya floresans ile kolaylıkla değerlendirilebilmektedir. RT-LAMP yöntemi özellikle saha koşullarında hızlı teşhis amacıyla kullanılmaktadır (Notomi vd., 2000; Tomlinson vd., 2010).

Günümüzde en gelişmiş moleküler yaklaşımlardan biri ise Yeni Nesil Dizileme (Next Generation Sequencing; NGS) teknolojileridir. NGS ile bitki örneğinde bulunan tüm nükleik asitler aynı anda analiz edilebilmekte; böylece yalnızca TuMV değil, karışık enfeksiyon oluşturan diğer virüsler de tespit edilebilmektedir. Ayrıca yeni TuMV varyantlarının belirlenmesi, rekombinasyon analizleri, filogenetik çalışmalar ve popülasyon genetiği araştırmalarında NGS önemli avantajlar sağlamaktadır (Singhal vd., 2022; Lombardi vd., 2023).

Son yıllarda taşınabilir dizileme platformları (örneğin nanopore dizileme teknolojileri) sayesinde laboratuvar dışında da hızlı moleküler teşhis yapılabilmekte ve salgınların gerçek zamanlı izlenmesi mümkün hale gelmektedir (Villamor vd., 2019).

TuMV teşhisinde kullanılacak yöntemin seçimi çalışmanın amacına bağlıdır. Biyolojik yöntemler virüsün biyolojik karakterizasyonunda önemli bilgiler sağlarken, serolojik yöntemler

geniş çaplı sürvey çalışmalarında ekonomik ve pratik çözümler sunmaktadır. Moleküler yöntemler ise yüksek duyarlılık ve özgüllükleri sayesinde günümüzde rutin teşhis, sertifikasyon programları, epidemiyolojik araştırmalar ve filogenetik analizlerde standart yöntemler haline gelmiştir. Özellikle RT-PCR, qRT-PCR, RT-LAMP ve NGS teknolojileri TuMV'nin erken ve güvenilir teşhisinde önemli rol oynamaktadır. Günümüzde birçok laboratuvarda ELISA ile ilk tarama yapılmakta, pozitif veya şüpheli örnekler RT-PCR ve dizileme yöntemleri ile doğrulanmaktadır. Bu çok aşamalı yaklaşım hem teşhis doğruluğunu artırmakta hem de TuMV popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin ortaya konulmasına katkı sağlamaktadır.

Epidemiyoloji

TuMV ekonomik açıdan en önemli bitki virüslerinden biridir. Günümüzde Avrupa, Asya, Kuzey ve Güney Amerika, Avustralya, Yeni Zelanda ile Afrika'nın birçok bölgesinde yaygın olarak bulunmakta ve lahana, karnabahar, brokoli, turp, şalgam, kanola ve diğer turpgillerde önemli verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır (Walsh & Jenner, 2002; Nellist vd., 2022). Son yıllarda gerçekleştirilen filogenomik çalışmalar, TuMV'nin Batı Avrasya kökenli olduğunu, tarımsal üretimin gelişmesi ve uluslararası bitki materyali ticaretiyle birlikte İpek Yolu başta olmak üzere tarihsel ticaret yollarını izleyerek dünyanın farklı bölgelerine yayıldığını göstermiştir (Yasaka vd., 2017; Kawakubo vd., 2021).

TuMV'nin küresel başarısının temel nedenlerinden biri oldukça geniş konukçu dizisine sahip olmasıdır. Virüsün doğal olarak 300'den fazla bitki türünü enfekte ettiği, özellikle *Brassica rapa*, *B. oleracea*, *B. juncea*, *B. napus*, *Raphanus sativus* ve *Sinapis alba* gibi kültür bitkilerinde ciddi ekonomik kayıplara yol açtığı bildirilmektedir (Shukla & Ward, 1989; Walsh & Jenner, 2002). Bunun yanında *Capsella bursa-pastoris*, *Rorippa sylvestris*,

Sisymbrium officinale ve diğer yabani Brassicaceae türleri, üretim sezonu dışında virüsün yaşamını sürdürebildiği önemli rezervuar konukçular olarak görev yapmakta ve ilkbaharda oluşan enfeksiyonların başlıca inokulum kaynağını oluşturmaktadır (Jones, 2004; Nellist vd., 2022). Son arazi çalışmaları yabani konukçuların tarımsal alanlarda TuMV'nin kalıcılığında kritik rol oynadığını doğrulamıştır.

Virüsün epidemiyolojisinde belirleyici unsur yaprak bitleri tarafından gerçekleştirilen taşınmadır. TuMV, Potyviridae üyelerinin karakteristik özelliği olan kalıcı olmayan taşınma mekanizmasıyla yayılmaktadır (Ng & Perry, 2004). Günümüzde 80'in üzerinde, bazı güncel çalışmalara göre ise 89'dan fazla yaprak biti türünün TuMV'yi taşıyabildiği bildirilmektedir. En önemli vektörler *Myzus persicae*, *Brevicoryne brassicae*, *Lipaphis erysimi* ve *Aphis gossypii*'dir (Walsh & Jenner, 2002; Nellist vd., 2022). Yaprak bitleri virüsü enfekteli bitkiden birkaç saniye içerisinde edinmekte ve kısa prob beslenmeleri sırasında sağlıklı bitkilere aktarabilmektedir. Virüs vektör içerisinde çoğalmadığından insektisit uygulamaları çoğu zaman primer bulaşmaları engelleyememekte ve bu durum epidemilerin kısa sürede gelişmesine neden olmaktadır (Ng & Perry, 2004).

Virüsün yaprak bitleri tarafından taşınması, HC-Pro ve kılıf proteini (CP) arasında gerçekleşen özgün moleküler etkileşimlere bağlıdır. HC-Pro proteini yaprak bitinin stileti ile virüs partikülleri arasında köprü oluşturarak non-persistent taşınmanın gerçekleşmesini sağlamaktadır (Pirone & Blanc, 1996; Laliberté & Sanfaçon, 2010). Bunun yanında son yıllarda yapılan çalışmalar, TuMV'nin konukçu bitki faktörlerini kullanarak enfeksiyonu kolaylaştırdığını ve bitkinin savunma mekanizmalarını baskılayabildiğini göstermiştir (Wu vd., 2024).

TuMV epidemilerinin gelişimi çevresel koşullar ve tarımsal uygulamalardan da önemli ölçüde etkilenmektedir. Ilıman iklimlerde ilkbahar ve sonbaharda artan yaprak biti popülasyonları virüs yayılımını hızlandırırken, rüzgârlar kanatlı yaprak bitlerinin uzun mesafelere taşınmasına katkı sağlamaktadır (Jones, 2004). Sürekli Brassica yetiştiriciliği, monokültür üretim sistemleri, yabancı ot kontrolünün yetersiz olması ve enfekteli fide kullanımı inokulum yoğunluğunu artırarak epidemilerin şiddetlenmesine neden olmaktadır (Walsh & Jenner, 2002). Ayrıca iklim değişikliğinin vektör popülasyonlarını ve göç dönemlerini etkileyerek TuMV'nin yeni bölgelere yayılmasını kolaylaştırabileceği öngörülmektedir (Nellist vd., 2022).

TuMV'nin epidemiyolojik başarısında yüksek genetik çeşitlilik de önemli rol oynamaktadır. RNA-bağımlı RNA polimeraz enziminin hata düzeltme mekanizmasının bulunmaması nedeniyle sürekli mutasyonlar oluşmakta, ayrıca rekombinasyon olayları yeni genetik varyantların ortaya çıkmasını sağlamaktadır (García-Arenal & Fraile, 2013; Ohshima vd., 2007). Son yıllarda yüzlerce tam genom dizisinin analiz edildiği çalışmalar, TuMV popülasyonlarında çok sayıda rekombinasyon olayının meydana geldiğini ve bunun virüsün farklı konukçulara ile ekolojik koşullara uyumunda önemli rol oynadığını göstermiştir (Kawakubo vd., 2021; Nellist vd., 2022).

TuMV epidemiyolojisi; geniş konukçu dizisi, yabancı ot rezervuarları, çok sayıdaki yaprak biti vektörü, non-persistent taşınma mekanizması ve yüksek genetik çeşitliliğin birlikte şekillendirdiği dinamik bir süreçtir. Günümüzde küresel ticaret, yoğun tarımsal üretim sistemleri ve iklim değişikliği gibi faktörler virüsün yayılışını daha da hızlandırmaktadır. Bu nedenle TuMV'nin sürdürülebilir yönetimi; sağlıklı üretim materyali kullanımı, yabancı ot ve vektör yönetimi, dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ve moleküler epidemiyoloji çalışmalarının birlikte değerlendirildiği

entegre hastalık yönetimi stratejilerine dayandırılmalıdır (Nellist vd., 2022; Wu vd., 2024)

Hastalık Yönetimi

TuMV, çok geniş konukçu dizisine sahip olması, çok fazla yaprak biti türü tarafından taşınması, çok sayıda yabancı ot rezervuarına sahip olması ve farklı genetik gruplardan oluşan yüksek varyasyon göstermesi nedeniyle yönetimi güç olan bitki virüslerinden biridir (Shattuck, 1992; Walsh & Jenner, 2002; Nguyen vd., 2013; Tomimura vd., 2003). TuMV ile mücadelede tek bir yöntemin yeterli olmadığı, kültürel önlemler, dayanıklı çeşit kullanımı, vektör yönetimi, hijyen uygulamaları ve biyoteknolojik yaklaşımların birlikte uygulandığı entegre hastalık yönetimi (IPM) programlarının en başarılı sonuçları verdiği kabul edilmektedir (Jones, 2006; Jones, 2014).

Kültürel Önlemler

TuMV yönetiminde ilk basamağı kültürel mücadele oluşturmaktadır. Hastalığın görüldüğü alanlarda enfekteli bitkilerin erken dönemde sökülerek uzaklaştırılması, hasat artıklarının yok edilmesi, yabancı otların düzenli olarak temizlenmesi ve kendiliğinden çıkan Brassica bitkilerinin ortadan kaldırılması primer inokulum kaynaklarını önemli ölçüde azaltmaktadır (Walsh & Jenner, 2002; Jones, 2004). Virüsün çok sayıda yabancı ot türünde yaşamını sürdürebilmesi nedeniyle tarla kenarlarının ve çevredeki yabancı ot popülasyonlarının kontrolü büyük önem taşımaktadır. Özellikle Brassicaceae familyasına ait yabancı otlar ile bazı çok yıllık yabancı otlar TuMV için önemli rezervuar görevi görmektedir (Tomlinson, 1987; Nguyen vd., 2013). Ayrıca ekim zamanının düzenlenmesi, dengeli gübreleme, uygun sulama programlarının uygulanması ve bitki stresinin azaltılması epidemilerin şiddetini düşürebilmektedir (Jones, 2006).

Vektör Yönetimi

TuMV, başta *Myzus persicae* olmak üzere çok sayıda yaprak biti türü tarafından non-persistent şekilde taşınmaktadır (Ng & Perry, 2004). Bu taşınma biçiminde yaprak bitleri virüsü saniyeler içerisinde edinip kısa sürede sağlıklı bitkilere aktarabildiğinden insektisit uygulamalarının hastalık kontrolündeki etkinliği sınırlıdır (Pirone & Blanc, 1996; Ng & Perry, 2004). Bununla birlikte vektör popülasyonunun azaltılması amacıyla uygun insektisitlerin kullanılması, mineral yağ uygulamaları, yansıtıcı (reflective) malçlar, fiziksel bariyerler ve böcek ağları bazı üretim sistemlerinde yaprak biti girişini azaltarak epideminin gelişmesini yavaşlatabilmektedir (Jones, 2006; Jones & Barbetti, 2012). Ancak çevresel etkileri ve ekonomik maliyetleri nedeniyle kimyasal mücadele tek başına yeterli görülmemektedir.

Dayanıklı Çeşitlerin Kullanılması

Virüs hastalıklarının kontrolünde en ekonomik ve çevre dostu yöntemlerden biri genetik dayanıklılığın kullanılmasıdır. Brassica türlerinde TuMV' ye karşı çeşitli baskın (R) ve çekinik direnç genleri tanımlanmış olmakla birlikte bunların büyük kısmı belirli izolatlara karşı etkili olup geniş spektrumlu koruma sağlayamamaktadır (Walsh & Jenner, 2002).

Geleneksel bitki ıslahı ile dayanıklılık genlerinin verimli çeşitlere aktarılması halen en yaygın kullanılan yöntemdir. Ancak bu süreç uzun yıllar almakta, yoğun emek gerektirmekte ve bağlantılı istenmeyen karakterlerin yeni çeşitlere taşınmasına neden olabilmektedir.

Son yıllarda patatesten elde edilen Rysto geninin farklı bitki türlerine aktarılmasıyla TuMV' ye karşı oldukça güçlü dayanıklılık sağlandığı gösterilmiştir. *Rysto* geni taşıyan *Nicotiana tabacum* ve

Arabidopsis thaliana bitkilerinin TuMV enfeksiyonuna karşı yüksek düzeyde direnç gösterdiği bildirilmiştir (Grech-Baran vd., 2022).

RNA interferans (RNAi) Temelli Mücadele

RNA interferans (RNAi), bitkilerin doğal antiviral savunma mekanizmalarından biridir ve TuMV yönetiminde biyoteknolojik yaklaşımlar arasında önemli yer tutmaktadır. Virüs genomundan elde edilen çift iplikli RNA molekülleri bitkide küçük girişimci RNA'ların (siRNA) oluşmasını sağlayarak viral RNA'nın parçalanmasına neden olmaktadır (Kasi Viswanath vd., 2023).

Transgenik RNAi teknolojileri ile birçok potyvirüse karşı başarılı direnç elde edilmiş olup aynı yaklaşım TuMV üzerinde de umut verici sonuçlar vermektedir. Bununla birlikte virüslerin RNA susturma baskılayıcısı olan HC-Pro proteini bu savunma mekanizmasını baskılayabildiğinden RNAi temelli dayanıklılığın etkinliği virüs izolatlarına göre değişebilmektedir (Valli vd., 2018).

CRISPR/Cas Teknolojisi

CRISPR/Cas sistemleri son yıllarda bitki virüslerine karşı geliştirilen en güçlü genom düzenleme araçlarından biri hâline gelmiştir. Bu teknoloji doğrudan virüs genomunu veya enfeksiyon için gerekli konukçu duyarlılık genlerini hedefleyerek kalıcı dayanıklılık oluşturabilmektedir (Aman vd., 2018; Robertson vd., 2022).

TuMV enfeksiyonunda önemli rol oynayan eIF4E ve eIF(iso)4E genlerinin CRISPR/Cas aracılığıyla düzenlenmesi sonucunda Brassica türlerinde başarılı çekinik dayanıklılık elde edilmiştir (Lee vd., 2023). Arabidopsis üzerinde gerçekleştirilen çalışmalar da çekinik direnç genlerinin, fitohormon yolları veya RNA susturma mekanizmalarına göre daha etkili koruma sağladığını göstermektedir (Nicaise, 2014; Navarro vd., 2022).

CRISPR/Cas teknolojisinin en önemli avantajlarından biri, yabancı DNA eklenmeden hedef genlerde hassas değişiklikler yapılabilmesi ve farklı TuMV izolatlarına karşı daha geniş spektrumlu dayanıklılık geliştirme potansiyeline sahip olmasıdır.

Mühendislik Temelli Direnç (PBS1 Decoy Yaklaşımı)

Bitkilerin doğal bağışıklık sisteminden yararlanılarak geliştirilen yeni stratejilerden biri "tuzak (decoy)" yaklaşımıdır. Arabidopsis'te bulunan RPS5 proteini normalde bakteriyel patojen *Pseudomonas syringae* tarafından salgılanan AvrPphB proteazının PBS1 proteinini kesmesi sonucu aktive olmaktadır (Pottinger & Innes, 2020). Bu mekanizma kullanılarak PBS1 proteini, TuMV'nin NIa-Pro proteazı tarafından tanınacak şekilde yeniden tasarlanmış ve böylece TuMV enfeksiyonu sırasında bağışıklık sistemi aktive edilerek yüksek düzeyde direnç elde edilmiştir (Kim vd., 2016; Pottinger vd., 2020). Aynı yaklaşım daha sonra soybean mosaic virus üzerinde de başarıyla uygulanmıştır (Bai vd., 2022). Bu teknoloji gelecekte Brassica türlerinde geniş spektrumlu TuMV dayanıklılığı geliştirilmesi açısından önemli potansiyel taşımaktadır.

Çapraz Koruma (Cross Protection)

Çapraz koruma yöntemi, bitkilerin önce hafif şiddette bir TuMV izolatı ile enfekte edilmesi ve daha sonra gelecek şiddetli izolatlara karşı korunması esasına dayanmaktadır. HC-Pro proteininin FRNK motifinde R182K mutasyonu taşıyan hafif şiddetteki TuMV izolatının daha virülent izolatlara karşı tam koruma sağladığı bildirilmiştir (Kung vd., 2014).

Uzun yıllar çapraz korumanın yalnızca RNA susturma mekanizmasıyla gerçekleştiği düşünülürken, son çalışmalar TuMV'nin P3 ve NIa-Pro proteinlerinin de bu korumaya katkıda bulunduğunu ortaya koymuştur (Nunna vd., 2023). Buna rağmen uygun hafif izolat seçiminin zor olması, inokulasyon işlemlerinin

karmaşıklığı ve saha koşullarındaki uygulama güçlükleri nedeniyle bu yöntem ticari üretimde sınırlı düzeyde kullanılmaktadır.

Entegre Mücadele

Günümüzde TuMV ile mücadelede en başarılı yaklaşım; sertifikalı ve virüssüz üretim materyali kullanılması, yabancı ot rezervuarlarının ortadan kaldırılması, gönüllü Brassica bitkilerinin yok edilmesi, uygun ekim zamanı seçimi, vektör popülasyonunun izlenmesi, dayanıklı çeşitlerin yetiştirilmesi ve gerektiğinde biyoteknolojik dayanıklılık yöntemlerinin birlikte uygulanmasını içeren entegre yönetim programlarıdır (Jones, 2006; Jones, 2014; Walsh & Jenner, 2002; Wu vd., 2024).

Son yıllarda RNAi, CRISPR/Cas sistemleri, genom düzenleme teknolojileri ve bağışıklık mühendisliğine dayalı yeni yaklaşımlar sayesinde TuMV'nin kontrolünde önemli ilerlemeler sağlanmıştır. Gelecekte geniş spektrumlu ve uzun süreli dayanıklılık sağlayan çeşitlerin geliştirilmesi ile klasik IPM uygulamalarının moleküler teknolojilerle birleştirilmesi, TuMV'nin sürdürülebilir yönetiminde temel strateji olarak görülmektedir (Grech-Baran vd., 2022; Lee vd., 2023; Wu vd., 2024)

Kaynaklar

Abidin, N., Barbetti, M. J., You, M. P., & Jones, R. A. C. (2025). Seed transmission of Turnip mosaic virus demonstrated unequivocally in a Brassica species. *Plant Disease,* 109(6), 1229–1235. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-24-1533-RE

Aman, R., Ali, Z., Butt, H., Mahas, A., Aljedaani, F., Khan, M. Z., Ding, S., Mahfouz, M., & Mansoor, S. (2018). RNA virus interference via CRISPR/Cas13a system in plants. *Genome Biology,* 19, Article 1. https://doi.org/10.1186/s13059-017-1381-1

Bai, R., Li, H., Du, W., Niu, N., Li, W., Gao, Q., Yao, C., Zhou, Z., Bao, W., Che, M., Zhao, Y., Zhou, B., Wang, Y., & Wuriyanghan, H. (2022). Decoy engineering of the receptor-like cytoplasmic kinase StPBS1 to defend against virus infection in potato. *Molecular Plant Pathology,* 23(6), 901–908. https://doi.org/10.1111/mpp.13197

Baltacı, A., Cansız, N., & Şevik, M. A. (2020). Resistance to Turnip mosaic virus (TuMV) in Brassica species. *Turkish Journal of Agricultural Research*, 7(1), 85–95.

Blanc, S., Ammar, E. D., Garcia-Lampasona, S., Dolja, V. V., Llave, C., Baker, J., & Pirone, T. P. (1998). Mutations in the potyvirus helper component protein: Effects on interactions with virions and aphid stylets. *Journal of General Virology*, 79(12), 3119–3122. https://doi.org/10.1099/0022-1317-79-12-3119

Boonham, N., Kreuze, J., Winter, S., van der Vlugt, R., Bergervoet, J., Tomlinson, J., & Mumford, R. (2014). Methods in virus diagnostics: From ELISA to next generation sequencing. *Virus Research*, 186, 20–31. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2013.12.007

Chung, B. N., Choi, K. S., Ahn, J. J., Joa, J. H., Do, K. S., & Park, K.-S. (2015). Effects of temperature on systemic infection and

symptom expression of Turnip mosaic virus in Chinese cabbage (Brassica campestris). *The Plant Pathology Journal*, 31(4), 363–370. https://doi.org/10.5423/PPJ.NT.06.2015.0107

Chung, B. Y.-W., Miller, W. A., Atkins, J. F., & Firth, A. E. (2008). An overlapping essential gene in the Potyviridae. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,* 105(15), 5897–5902. https://doi.org/10.1073/pnas.0800468105

Demir, G., & Korkmaz, S. (2021). Ülkemiz Turnip mosaic virus bamya izolatının tüm genom analizi. *Çukurova Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 36(1), 139–148.

Edwardson, J. R., & Christie, R. G. (1986). Turnip mosaic virus. In Viruses infecting forage legumes (Vol. 2, pp. 438–453). University of Florida, Agricultural Scientific Monograph No. 14.

Edwardson, J. R., & Christie, R. G. (1991). Turnip mosaic virus. In The Potyvirus group (Vol. 3, pp. 973–1007). Florida Agricultural Experiment Station, Institute of Food and Agricultural Sciences, University of Florida.

Erkan, S., Gümüş, M., Paylan, İ. C., Duman, İ., & Ergün, M. (2013). İzmir ili ve çevresindeki bazı kışlık sebzelerde görülen viral etmenlerin saptanması. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 50*(3), 311–322.

Farzadfar, S., Ohshima, K., Pourrahim, R., Golnaraghi, A. R., Jalali, S., & Ahoonmanesh, A. (2005). Occurrence of Turnip mosaic virus on ornamental crops in Iran. *Plant Pathology*, *54*(2), 261. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2004.01148.x

García-Arenal, F., & Fraile, A. (2013). Trade-offs in host range evolution of plant viruses. *Plant Pathology*, 62(Suppl. 1), 2–9. https://doi.org/10.1111/ppa.12104

Gardner, M. W., & Kendrick, J. B. (1921). Turnip mosaic. *Journal of Agricultural Research*, 22, 123–124.

Gera, A., Lampel, M., Cohen, J., & Rosner, A. (2001). Okra (Hibiscus esculentus)—A new host of Turnip mosaic virus in Israel. *Plant Disease*, 85(3), 336. https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.3.336C

Gibbs, A. J., Nguyen, H. D., & Ohshima, K. (2015). The "emergence" of Turnip mosaic virus was probably a "gene-for-quasi-gene" event. *Current Opinion in Virology*, 10, 20–26. https://doi.org/10.1016/j.coviro.2014.12.004

Gibbs, A. J., & Ohshima, K. (2010). Potyviruses and the digital revolution. *Annual Review of Phytopathology,* 48, 205–223. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-073009-114404

Grangeon, R., Agbeci, M., Chen, J., Grondin, G., Zheng, H., & Laliberté, J.-F. (2015). Impact on the endoplasmic reticulum and Golgi apparatus of Turnip mosaic virus infection. *Journal of Virology*, 89(18), 9255–9268. https://doi.org/10.1128/JVI.01253-15

Grech-Baran, M., Witek, K., Poznański, J. T., Grupa-Urbańska, A., Malinowski, T., Lichocka, M., Jones, J. D. G., & Hennig, J. (2022). The Rysto immune receptor recognises a broadly conserved feature of potyviral coat proteins. New Phytologist, 235(3), 1179–1195. https://doi.org/10.1111/nph.1818321**.** Hull, R. (2014). *Plant virology* (5th ed.). Academic Press. https://doi.org/10.1016/C2010-0-64974-1

Jenner, C. E., Nellist, C. F., Barker, G. C., & Walsh, J. A. (2010). *Turnip mosaic virus* (TuMV) is able to use alleles of both eIF4E and eIF(iso)4E from multiple loci of the diploid *Brassica rapa*. *Molecular Plant-Microbe Interactions, 23*(11), 1498–1505. https://doi.org/10.1094/MPMI-04-10-0085

Jenner, C. E., Wang, X., Tomimura, K., Ohshima, K., Ponz, F., & Walsh, J. A. (2003). The dual role of the potyvirus P3 protein of *Turnip mosaic virus* as a symptom and avirulence determinant in brassicas. *Molecular Plant-Microbe Interactions, 16*(9), 777–784. https://doi.org/10.1094/MPMI.2003.16.9.777

Jones, R. A. C. (2004). Using epidemiological information to develop effective integrated virus disease management strategies. *Virus Research, 100*(1), 5–30. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2003.12.011

Jones, R. A. C. (2006). *Plant virus ecology*. Elsevier.

Jones, R. A. C. (2014). *Plant virus ecology* (2nd ed.). CABI.

Jones, R. A. C. (2021). Global plant virus disease pandemics and epidemics. *Plants, 10*(2), Article 233. https://doi.org/10.3390/plants10020233

Jones, R. A. C., & Barbetti, M. J. (2012). Influence of climate change on plant disease infections and epidemics caused by viruses and bacteria. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources, 7*(22), 1–31. https://doi.org/10.1079/PAVSNNR20127022

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2016). Identification and characterization of *Turnip mosaic virus* (TuMV) infection on canola plants (*Brassica napus* L.) in Çanakkale Province. *Plant Protection Bulletin, 56*(2), 185–197.

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2019). Bamya bitkisinde Şalgam mozaik virüsü (*Turnip mosaic virus*)'nün tespiti ve moleküler karakterizasyonu. *Bitki Koruma Bülteni, 59*(3), 79–87.

Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2020). Çanakkale ve Tekirdağ illeri kanola üretim alanlarında önemli virüs hastalıklarının tanılanması ve karakterizasyonu. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 57*(1), 53–61.

Kasi Viswanath, K., Hamid, A., Ateka, E., & Pappu, H. R. (2023). CRISPR/Cas, multiomics, and RNA interference in virus disease management. *Phytopathology, 113*(9), 1661–1676. https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-23-0002-V

Kawakubo, S., Gao, F., Li, S., Tan, Z., Huang, Y.-K., Adkar-Purushothama, C. R., Gurikar, C., Maneechoat, P., Chiemsombat, P., Aye, S. S., Furuya, N., Shevchenko, O., Spak, J., Škorić, D., Ho, S. Y. W., & Ohshima, K. (2021). Genomic analysis of the *Brassica* pathogen *Turnip mosaic potyvirus* reveals its spread along the former trade routes of the Silk Road. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 118*(12), e2021221118. https://doi.org/10.1073/pnas.2021221118

Kim, S. H., Qi, D., Ashfield, T., Helm, M., & Innes, R. W. (2016). Using decoys to expand the recognition specificity of a plant disease resistance protein. *Science, 351*(6274), 684–687. https://doi.org/10.1126/science.aad3436

Korkmaz, S., Cevik, B., Karanfil, A., Onder, S., & Ohshima, K. (2020). Phylogenetic relationships and genetic structure of populations of *Turnip mosaic virus* in Turkey. *European Journal of Plant Pathology, 156*(2), 559–569. https://doi.org/10.1007/s10658-019-01917-0

Korkmaz, S., Onder, S., Tomitaka, Y., & Ohshima, K. (2006). First report of *Turnip mosaic virus* on Brassicaceae crops in Turkey. *Plant Pathology, 55*(5), 719. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01427.x

Korkmaz, S., Tomitaka, Y., Onder, S., & Ohshima, K. (2008). Occurrence and molecular characterization of Turkish isolates of *Turnip mosaic virus*. *Plant Pathology, 57*(6), 1155–1162. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01872.x

Kung, Y. J., Lin, P. C., Yeh, S. D., Hong, S. F., Chua, N. H., Liu, L. Y., Lin, C. P., Huang, Y. H., Wu, H. W., Chen, C. C., & Lin, S. S. (2014). Genetic analyses of the FRNK motif function of *Turnip mosaic virus* uncover multiple and potentially interactive pathways of cross-protection. *Molecular Plant-Microbe Interactions, 27*(9), 944–955. https://doi.org/10.1094/MPMI-02-14-0032-R

Laliberté, J.-F., & Sanfaçon, H. (2010). Cellular remodeling during plant virus infection. *Annual Review of Phytopathology, 48*, 69–91. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-073009-114239

Laliberté, J.-F., & Zheng, H. (2014). Viral manipulation of plant host membranes. *Annual Review of Virology, 1*, 237–259. https://doi.org/10.1146/annurev-virology-031413-085532

Lee, Y.-R., Siddique, M. I., Kim, D.-S., Lee, E.-S., Han, K., Kim, S.-G., & Lee, H.-E. (2023). CRISPR/Cas9-mediated gene editing to confer *Turnip mosaic virus* (TuMV) resistance in Chinese cabbage (*Brassica rapa*). *Horticulture Research, 10*(6), uhad078. https://doi.org/10.1093/hr/uhad078

Ling, K.-S., Harris, K. R., & Meyer, J. D. (2007). First report of *Turnip mosaic virus* in spinach in the United States. *Plant Disease, 91*(10), 1362. https://doi.org/10.1094/PDIS-91-10-1362C

Lombardi, E. M., Peters, J., Jacob, L., & Power, A. G. (2023). Wild and weedy *Hesperis matronalis* hosts *Turnip mosaic virus* across heterogeneous landscapes in upstate New York. *Virus Research, 323*, 199011. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.199011

López-González, S., Gómez-Mena, C., Sánchez, F., Schuetz, M., Samuels, A. L., & Ponz, F. (2021). The effects of *Turnip mosaic virus* infections on the deposition of secondary cell walls and developmental defects in *Arabidopsis* plants are virus-strain specific.

Frontiers in Plant Science, 12, 741050. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.741050

Matthews, R. E. F. (1991). *Plant virology* (3rd ed.). Academic Press.

Montes, N., & Pagán, I. (2019). Light intensity modulates the efficiency of virus seed transmission through modifications of plant tolerance. *Plants, 8*(9), 304. https://doi.org/10.3390/plants8090304

Movahed, N., Patarroyo, C., Sun, J., Vali, H., Laliberté, J.-F., & Zheng, H. (2017). Cylindrical inclusion protein of *Turnip mosaic virus* serves as a docking point for the intercellular movement of viral replication vesicles. *Plant Physiology, 175*(4), 1732–1744. https://doi.org/10.1104/pp.17.01094

Navarro, R., Ambrós, S., Butković, A., Carrasco, J. L., González, R., Martínez, F., Wu, B., & Elena, S. F. (2022). Defects in plant immunity modulate the rates and patterns of RNA virus evolution. *Virus Evolution, 8*(1), veac059. https://doi.org/10.1093/ve/veac059

Nellist, C. F., Ohshima, K., Ponz, F., & Walsh, J. A. (2022). *Turnip mosaic virus*, a virus for all seasons. *Annals of Applied Biology, 180*(3), 312–327. https://doi.org/10.1111/aab.12738

Ng, J. C. K., & Falk, B. W. (2006). Virus-vector interactions mediating nonpersistent and semipersistent transmission of plant viruses. *Annual Review of Phytopathology, 44*, 183–212. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.44.070505.143325

Ng, J. C. K., & Perry, K. L. (2004). Transmission of plant viruses by aphid vectors. *Molecular Plant Pathology, 5*(5), 505–511. https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2004.00240.x

Nguyen, H. D., Tran, H. T. N., & Ohshima, K. (2013). Genetic variation of the *Turnip mosaic virus* population of Vietnam: A case study of founder, regional and local influences. *Virus*

Research, 171(1), 138–149. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2012.10.017

Nicaise, V. (2014). Crop immunity against viruses: Outcomes and future challenges. *Frontiers in Plant Science, 5*, Article 660. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00660

Notomi, T., Okayama, H., Masubuchi, H., Yonekawa, T., Watanabe, K., Amino, N., & Hase, T. (2000). Loop-mediated isothermal amplification of DNA. *Nucleic Acids Research, 28*(12), e63. https://doi.org/10.1093/nar/28.12.e63

Nunna, H., Qu, F., & Tatineni, S. (2023). P3 and NIa-Pro of *Turnip mosaic virus* are independent elicitors of superinfection exclusion. *Viruses, 15*(7), 1459. https://doi.org/10.3390/v15071459

Ohshima, K., Akaishi, S., Kajiyama, H., Koga, R., & Gibbs, A. J. (2010). Evolutionary trajectory of *Turnip mosaic virus* populations adapting to a new host. *Journal of General Virology, 91*(3), 788–801. https://doi.org/10.1099/vir.0.016261-0

Ohshima, K., Korkmaz, S., Mitoma, S., Nomiyama, R., & Honda, Y. (2016). First genome sequence of wild onion symptomless virus, a novel member of *Potyvirus* in the *Turnip mosaic virus* phylogenetic group. *Genome Announcements, 4*(4), e00851-16. https://doi.org/10.1128/genomeA.00851-16

Ohshima, K., Tomitaka, Y., Wood, J. T., Minematsu, Y., Kajiyama, H., Tomimura, K., & Gibbs, A. J. (2007). Patterns of recombination in *Turnip mosaic virus* genomic sequences indicate hotspots of recombination. *Journal of General Virology, 88*(1), 298–315. https://doi.org/10.1099/vir.0.82235-0

Ohshima, K., Yamaguchi, Y., Hirota, R., Hamamoto, T., Tomimura, K., Tan, Z., Sano, T., Azuhata, F., Walsh, J. A., Fletcher, J., Chen, J., Gera, A., & Gibbs, A. (2002). Molecular evolution of *Turnip mosaic virus*: Evidence of host adaptation, genetic

recombination and geographical spread. *Journal of General Virology, 83*(6), 1511–1521. https://doi.org/10.1099/0022-1317-83-6-1511

Pirone, T. P., & Blanc, S. (1996). Helper-dependent vector transmission of plant viruses. *Annual Review of Phytopathology, 34*, 227–247. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.34.1.227

Pottinger, S. E., Bak, A., Margets, A., Helm, M., Tang, L., Casteel, C., & Innes, R. W. (2020). Optimizing the PBS1 decoy system to confer resistance to potyvirus infection in *Arabidopsis* and soybean. *Molecular Plant–Microbe Interactions, 33*(7), 932–944. https://doi.org/10.1094/MPMI-01-20-0012-R

Pottinger, S. E., & Innes, R. W. (2020). RPS5-mediated disease resistance: Fundamental insights and translational applications. *Annual Review of Phytopathology, 58*, 139–160. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-010820-012740

Provvidenti, R. (1996). Turnip mosaic potyvirus. In A. A. Brunt, K. Crabtree, M. J. Dallwitz, A. J. Gibbs, & L. Watson (Eds.), *Viruses of plants* (pp. 1340–1343). CAB International.

Revers, F., & García, J. A. (2015). Molecular biology of potyviruses. *Advances in Virus Research, 92*, 101–199. https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2014.11.006

Ribeiro-Junior, M. R., Baldini, L. F. S., Nozaki, D. N., Cruciol, G. C. D., Pantoja, K. F. C., & Krause-Sakate, R. (2018). Biological and molecular characterization of a basal-*Brassica/Raphanus Turnip mosaic virus* isolate from *Eruca sativa*. *Tropical Plant Pathology, 43*(4), 371–375. https://doi.org/10.1007/s40858-018-0228-4

Robertson, G., Burger, J., & Campa, M. (2022). CRISPR/Cas-based tools for the targeted control of plant viruses.

Molecular Plant Pathology, 23(11), 1701–1718. https://doi.org/10.1111/mpp.13252

Roy, A. S., Byrne, A. M., & Burrows, P. M. (2011). Tissue blot immunoassay and direct RT-PCR of cucumoviruses and potyviruses from the same NitroPure nitrocellulose membrane. *Journal of Virological Methods, 171*(2), 345–351. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2010.11.015

Sánchez, F., Manrique, P., Mansilla, C., Lunello, P., Wang, X., Rodrigo, G., López-González, S., Jenner, C. E., González-Melendi, P., Elena, S. F., Walsh, J. A., & Ponz, F. (2015). Viral strain-specific differential alterations in *Arabidopsis* developmental patterns. *Molecular Plant-Microbe Interactions, 28*(12), 1304–1315. https://doi.org/10.1094/MPMI-05-15-0111-R

Sánchez, F., Martínez-Herrera, D., Aguilar, I., & Ponz, F. (1998). Infectivity of *Turnip mosaic potyvirus* cDNA clones and transcripts on the systemic host *Arabidopsis thaliana* and local lesion hosts. *Virus Research, 55*(2), 207–219. https://doi.org/10.1016/S0168-1702(98)00043-4

Shattuck, V. I. (1992). The biology, epidemiology, and control of *Turnip mosaic virus*. *Plant Breeding Reviews, 14*, 199–238.

Shukla, D. D., & Ward, C. W. (1989). Structure of potyvirus coat proteins and its application in the taxonomy of the potyvirus group. *Advances in Virus Research, 36*, 273–314. https://doi.org/10.1016/S0065-3527(08)60316-6

Shukla, D. D., Ward, C. W., & Brunt, A. A. (Eds.). (1994). *The Potyviridae*. CAB International.

Simmonds, P., Adriaenssens, E. M., Lefkowitz, E. J., Oksanen, H. M., Siddell, S. G., Zerbini, F. M., Alfenas-Zerbini, P., Aylward, F. O., Dempsey, D. M., Dutilh, B. E., Freitas-Astúa, J.,

García, M. L., Hendrickson, R. C., Hughes, H. R., Junglen, S., Krupovic, M., Kuhn, J. H., Lambert, A. J., Łobocka, M., & Varsani, A. (2024). Changes to virus taxonomy and the ICTV Statutes ratified by the International Committee on Taxonomy of Viruses. *Archives of Virology, 169*(11), Article 236. https://doi.org/10.1007/s00705-024-06143-y

Singhal, P., Baranwal, V. K., Prajapati, M. R., et al. (2022). High-throughput RNA sequencing and genetic structure studies of *Turnip mosaic virus* infecting black and yellow mustard revealing emergence of world-B3 pathotype in India. *Journal of Applied Microbiology, 133*(4), 2618–2630. https://doi.org/10.1111/jam.15731

Supakitthanakorn, S. (2025). Detection of *Turnip mosaic virus* (TuMV) in brassicaceous plants through colorimetric one-step reverse transcription loop-mediated isothermal amplification (RT-LAMP) assay. *International Journal of Agricultural Technology, 21*(4), 1491–1502. https://doi.org/10.63369/ijat.2025.21.4.1491-1502

Sutula, C. L., Gillett, J. M., Morrissey, S. M., & Ramsdell, D. C. (1986). Interpreting ELISA data and establishing the positive-negative threshold. *Plant Disease, 70*(8), 722–726. https://doi.org/10.1094/PD-70-722

Şevik, M. A. (2016). Viruses infecting *Brassica* crops in the Black Sea region of Turkey. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science, 66*(7), 553–557. https://doi.org/10.1080/09064710.2016.1182235

Şevik, M. A. (2022). Evaluation of garden cress (*Lepidium sativum* L.) reactions to *Turnip mosaic virus*. *Journal of Scientific and Engineering Research, 9*(8), 1–5.

Şevik, M. A., & Akcura, C. (2016). Determination of viruses in leaf cabbage production areas in Samsun Province. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 26*(2), 196–201.

Tomimura, K., Gibbs, A. J., Jenner, C. E., Walsh, J. A., & Ohshima, K. (2003). The phylogeny of *Turnip mosaic virus*: Comparisons of 38 genomic sequences reveal a Eurasian origin and a recent emergence in East Asia. *Molecular Ecology, 12*(8), 2099–2111. https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01895.x

Tomlinson, J. A. (1987). Epidemiology and control of virus diseases of vegetables. *Annals of Applied Biology, 110*(3), 661–681. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1987.tb04187.x

Tomlinson, J. A., Boonham, N., Dickinson, M., & Barber, P. (2010). Development and evaluation of a one-hour DNA extraction and loop-mediated isothermal amplification assay for rapid detection of phytoplasmas. *Plant Pathology, 59*(3), 465–471. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2009.02233.x

Urcuqui-Inchima, S., Haenni, A.-L., & Bernardi, F. (2001). Potyvirus proteins: A wealth of functions. *Virus Research, 74*(1–2), 157–175. https://doi.org/10.1016/S0168-1702(01)00220-9

Valli, A., Gallo, A., Rodamilans, B., López-Moya, J. J., & García, J. A. (2018). The HCPro from the *Potyviridae* family: An enviable multitasking helper component that every virus would like to have. *Molecular Plant Pathology, 19*(3), 744–763. https://doi.org/10.1111/mpp.12553

Villamor, D. E. V., Ho, T., Al Rwahnih, M., Martin, R. R., & Tzanetakis, I. E. (2019). High throughput sequencing for plant virus detection and discovery. *Phytopathology, 109*(5), 716–725. https://doi.org/10.1094/PHYTO-07-18-0257-RVW

Walsh, J. A., & Jenner, C. E. (2002). *Turnip mosaic virus* and the quest for durable resistance. *Molecular Plant Pathology, 3*(5), 289–300. https://doi.org/10.1046/j.1364-3703.2002.00131.x

Walsh, J. A., & Tomlinson, J. A. (1985). Viruses infecting winter oilseed rape (*Brassica napus* ssp. *oleifera*). *Annals of Applied Biology, 107*(3), 485–495. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1985.tb03165.x

Wu, G., Fang, X., Yu, T., Chen, J., Yan, F., & Wang, A. (2024). *Turnip mosaic virus* pathogenesis and host resistance mechanisms in *Brassica*. *Horticultural Plant Journal, 10*(4), 947–960. https://doi.org/10.1016/j.hpj.2024.03.001

Yasaka, R., Fukagawa, H., Ikematsu, M., Soda, H., Korkmaz, S., Golnaraghi, A., Katis, N., Ho, S. Y. W., Gibbs, A. J., & Ohshima, K. (2017). The timescale of emergence and spread of *Turnip mosaic potyvirus*. *Scientific Reports, 7*(1), 4240. https://doi.org/10.1038/s41598-017-04373-6

Yasaka, R., Ohba, K., Schwinghamer, M. W., Fletcher, J., Ochoa-Corona, F. M., Thomas, J. E., Ho, S. Y. W., Gibbs, A. J., & Ohshima, K. (2015). Phylodynamic evidence of the migration of *Turnip mosaic potyvirus* from Europe to Australia and New Zealand. *Journal of General Virology, 96*(3), 701–713. https://doi.org/10.1099/jgv.0.000003

Zhao, L., Hao, X., Liu, H., Wang, Q., & Wu, Y. (2014). Rapid detection of *Turnip mosaic virus* by reverse transcription loop-mediated isothermal amplification. *Journal of Phytopathology, 162*(10), 693–696. https://doi.org/10.1111/jph.12239

Zhou, Z., Chen, J., & Ohshima, K. (2001). Molecular evolution of *Turnip mosaic virus* in China. *Annals of the Phytopathological Society of Japan, 67*(2), 153.

Zubareva, I. A., Vinogradova, S. V., Gribova, T. N., Monakhos, S. G., Skryabin, K. G., & Ignatov, A. N. (2013). Genetic diversity of *Turnip mosaic virus* and the mechanism of its transmission by *Brassica* seeds. *Doklady Biochemistry and Biophysics, 450*(1), 119–122. https://doi.org/10.1134/S160767291303003

BÖLÜM 5

Potyvirus phaseovulgaris (Bean common mosaic virus, BCMV)

ALİ ÇELİK[1]
HANDAN ÇULAL KILIÇ[2]

Giriş

Baklagiller (*Fabaceae*), içerdikleri yüksek protein, mineral, antioksidan ve biyoaktif bileşikler açısından küresel ölçekte insan beslenmesinde kritik bir role sahip temel gıda kaynakları olarak bilinmektedir (Tang ve Feng., 2023). Bu familya içerisinde yer alan ve anavatanı Güney Amerika olarak bildirilen fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), taze ve kuru olarak tüketilebilen önemli bir kültür bitkisidir. Yüksek besin değeriyle insan beslenmesinde önemli bir yere sahip olan fasulye hem dünyada hem de ülkemizde en yaygın tüketilen bitkisel protein kaynaklarının başında gelmektedir (Albayrak & Yeşil., 2025). Dünya çapında yaygın bir kullanıma sahip olmasına rağmen fasulye üretimi; verimi ve kaliteyi sınırlandıran fungus, bakteri ve özellikle virüs kaynaklı biyotik stres

[1] Doç. Dr., Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma, Orcid: 0000-0002-5836-8030
[2] Prof. Dr., Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma, Orcid: 0000-0003-4020-9442

faktörlerine maruz kalmaktadır (Rubiales vd., 2015). Bu kapsamda fasulyeyi etkileyen 16 farklı familyaya ait 168' den fazla bitki virüsü saptanmıştır (Chatzivassiliou, 2021). Bunlardan bean common mosaic virus (*Potyvirus phaseovulgaris*-BCMV) fasulyede mozaikleşme ve genel nekroz belirtilerinin başlıca sorumlusu olarak öne çıkmaktadır (Adak vd., 2025). İlk olarak 1917 yılında tanımlanan BCMV, günümüzde 57' den fazla ülke ve bölgede rapor edilmiş olup, dünya çapında fasulye üretimini etkileyen en önemli patojenlerden biri haline gelmiştir (Tang & Feng., 2023). Virüsün tohumla ve vektörler aracılığıyla kolayca taşınabilmesi, küresel anlamda yayılımını hızlandırmış ve epidemiyolojik olarak kontrolünü zorlaştırmıştır (Das vd., 2024). Hastalığın kontrol altına alınabilmesi, virüs-konukçu etkileşimlerinin hücresel ve moleküler düzeyde anlaşılmasını ve dayanıklılık mekanizmalarının etkin bir şekilde kullanılmasını gerektirmektedir.

Taksonomi ve Genomik Özellikler

Bean common mosaic virus, bitki RNA virüsleri arasında tür sayısı bakımından en geniş familyalardan biri olan *Potyviridae* familyasının, *Potyvirus* cinsi içerisinde yer almaktadır (Çelik vd., 2023a). Potyvirüslerin taksonomisinin, sık sık yeni adayların tanımlanması, virüsler arasındaki belirsiz serolojik veriler, viral konakçı aralığındaki değişkenlik ve aynı türün suşları arasındaki simptomatolojik farklılıklar nedeniyle sürekli olarak değiştiği ifade edilmektedir (Ali vd., 2006). Tarihsel süreçte, 1934 yılından önce BCMV, bean virus 1, bean mosaic virus ve phaseolus virus 1 olarak adlandırılmıştır (Morales & Bos., 1988). Tanımlanan ilk izolatın kaybolması nedeniyle virüsün keşfedildiği 1917 yılından 1943' e kadar yayımlanan raporlarda tüm BCMV suşlarının patojenik açıdan özdeş olduğu varsayılmıştır. Ancak 1943 yılında, 10 farklı fasulye çeşidinde gözlenen spesifik simptomlar dikkate alınarak farklı patojenik gruplar keşfedilmiş ve mevcut suşlar yedi ayrı patogruba (I–VII) ayrılmıştır (Drijfhout vd., 1978). İlerleyen süreçte kılıf

proteini (CP) serolojisine dayanan veriler ile birlikte BCMV izolatları A ve B olmak üzere iki serotipe ayrılmıştır (Drijfhout vd., 1978; McKern vd., 1992; Vetten vd., 1992). Serotip A; dominant *I* genini taşıyan fasulye genotiplerinde sıcaklığa duyarlı nekrozlara neden olan TN1, NL3, NL5 ve NL8 gibi suşları (III. ve VI. patotipler) barındırırken, Serotip B geri kalan diğer tüm patotip ve izolatları içermektedir. Günümüzde ise yüksek performanslı sıvı kromatografisi (HPLC) ve nükleotit dizi analizleri sayesinde Serotip A' nın BCMNV (Bean common mosaic necrosis virus) ve Serotip B' nin de BCMV olarak iki ayrı virüs türüne ait olduğu kesinleşmiştir (Tang & Feng., 2023).

Virüsün yaklaşık 750-886 nm uzunluğunda, 11-15 nm çapında zarfsız, ipliksi ve esnek bir virion yapısında olduğu bilinmektedir. Virion partikülleri, 10 kilobaz uzunluğundaki pozitif polariteli ve tek sarmallı RNA (+ssRNA) molekülünü çevreleyen bir kılıf proteininden oluşmaktadır. Virüs genomunun 5' ucunda RNA' ya kovalent olarak bağlanan VPg proteini yer alırken, 3' ucunda ise poliadenilatlı bir poli(A) kuyruğu bulunmaktadır (Hull, 2014). Diğer Potyvirüslere benzer şekilde, BCMV genomu konukçu ribozomları tarafından doğrudan okunarak inaktif poliprotein sentezlenmesini sağlayan büyük bir açık okuma çerçevesi (Open Reading Frame - ORF) kodlar. Sentezlenen 350 kDa büyüklüğündeki bu dev poliprotein, virüse ait üç farklı proteaz enzimi (P1, HC-Pro ve NIa-Pro) tarafından hidrolize edilerek Tablo 1' de sunulan on adet fonksiyonel viral proteine parçalanmaktadır (Ivanov vd., 2014; Worrall vd., 2015; Tang & Feng., 2023). Bu temel proteinlerin yanı sıra, P3 sistronu içerisinde yer alan ve evrimsel olarak yüksek oranda korunmuş "GAAAAAA" nükleotit dizilimi, RNA polimeraz enzimi için bir kayma (slippage) motifi işlevi görmektedir. Replikasyon sırasında bu bölgede meydana gelen okuma çerçevesi kayması (frameshift) sonucunda, P3N-PIPO adı verilen ek bir kısa polipeptit sentezlenmektedir. Sentezlenen bu proteinin virüsün hücreden

hareketinde işlev gördüğü bilinmektedir (Chung vd., 2008; Chai vd., 2020).

Tablo 1. BCMV genomu tarafından kodlanan fonksiyonel proteinler ve temel biyolojik işlevleri

Viral Protein	Enzimatik / Yapısal Sınıfı	Temel Biyolojik İşlevi ve Etki Mekanizması
P1	Serin Proteaz	Poliprotein zincirinin başlangıç kısmından (N-ucu) kendi kendini keserek ayrılır. Konukçu ribozomlarıyla etkileşime girerek viral protein sentezini uyarır ve bitki savunma mekanizmalarının baskılanmasına yardımcı olur.
HC-Pro	Sistein Proteaz	Virüsün yaprak bitleri tarafından taşınmasında, hücreler arası hareketinde ve konukçu bitkinin gen susturma savunmasını baskılamada kritik rol oynar.
P3	Transmembran Proteini	Genomik replikasyon kompleksinin oluşumunda ve virüsün konukçu bitkiye adaptasyon sağlamasında aktif rol oynar.
6K1	Hidrofobik Peptit	Virüsün replikasyon komplekslerinin zarlara bağlanmasında görev alır.
CI	RNA Helikaz	Sitoplazma içerisinde Potyvirüs enfeksiyonunun karakteristik belirtisi olan silindirik inklüzyon cisimciklerini oluşturur.
6K2	Transmembran Peptit	Viral RNA replikasyonunun gerçekleştiği hücresel veziküllerin (keseciklerin) oluşumunu tetikler.
VPg	Uç Bağlayıcı Protein	Genomik RNA' nın 5' ucuna kovalent bağ ile tutunarak replikasyon sırasında polimeraz enzimi için bir başlatıcı görevi görür ve bitkinin ökaryotik translasyon başlatma faktörlerine (eIF4E) bağlanarak hücresel mekanizmayı tetikler.
NIa-Pro	Ana Viral Proteaz	Viral proteinlerin kesilmesinden sorumlu ana proteazdır.
NIb	RNA-bağımlı RNA Polimeraz (RdRp)	Viral genomun kopyalanmasından ve çoğaltılmasından sorumlu olan temel enzimdir. Hata düzeltme mekanizmasına sahip olmaması, virüsün hızla mutasyon geçirmesine ve genetik çeşitliliğin artmasına zemin hazırlar.
CP	Kılıf Proteini	Virionun yapısal bileşenidir ve virüsün taksonomik sınıflandırmasında yaygın olarak kullanılır.

Kaynak: Ivanov vd. (2014), Worrall vd. (2015) ile Tang & Feng (2023) verilerinden derlenmiştir.

Ekonomik Önemi

Dünya genelinde baklagilleri enfekte ettiği rapor edilen 140' tan fazla virüs türü arasında BCMV, yayılım alanının genişliği ve neden olduğu ekonomik tahribatın büyüklüğü bakımından en kritik patojenlerden biri olarak kabul edilmektedir (Usta & Güller., 2023). Virüsün erken enfeksiyon döneminde fasulye tarlalarında verim ve kalitede %50-100 arasında kayıplara neden olabildiği bildirilmiştir (Çelik vd., 2023a; Tang & Feng., 2023). Meydana gelen bu ekonomik kayıpların şiddeti; doğrudan kullanılan fasulye çeşidinin genetiğine, bitkinin enfeksiyona yakalandığı gelişim dönemine ve ortamdaki virüs suşunun patojenik karakterine bağlı olarak değişiklik göstermektedir. Literatür verileri, bitkide fenotipik olarak çok hafif simptomlar gösteren veya tamamen asimptomatik seyreden gizli enfeksiyonların dahi hücresel düzeyde yarattığı stres nedeniyle ürün verimini %50 oranında düşürebildiğini bildirmektedir (Exposito-Goas vd., 2024). Tarladaki bu tahribat, bitkinin asimilat kaybı, fotosentetik alanının azalması ve bodurlaşma gibi fizyolojik parametrelerle ilişkilidir. Niceliksel verim kayıplarının yanı sıra üründe meydana gelen mozaik lekeleri, tohum varyasyonları ve deforme kapsül oluşumu gibi niteliksel zararlar da ürünün ticari pazar değerini doğrudan düşürmektedir (Tang & Feng., 2023). Virüse karşı etkili bir kimyasal mücadelenin bulunmaması, patojeni tarımsal üretim için büyük bir tehdit haline getirmektedir (Usta ve Güller., 2023). Bu durumun önüne geçmek amacıyla, özellikle fasulyenin geniş tarım alanlarında yetiştirildiği bölgelerde en yaygın tercih edilen mücadele yöntemi dayanıklı çeşitlerin kullanımıdır. Nitekim birçok BCMV suşuna karşı yüksek koruma sağlayan dominant *I* genini taşıyan varyetelerin ıslah edilmesi, tüm dünyada önemli bir başarı sağlamıştır (Dell'Olmo vd., 2023).

Ancak, yüksek pazar değerine sahip coğrafi işaretli geleneksel yerel çeşitlerin üretiminde, genotipik özgünlüğün korunması zorunluluğu nedeniyle dayanıklılık genlerinin ıslah

yoluyla bu hatlara aktarımı uygulanabilir bir seçenek değildir. Bu kısıtlama, yerel üreticileri virüs baskısına karşı korumasız bırakmaktadır. Bu tür spesifik alanlarda tohum kaynaklı taşınma oranlarının yüksekliği, salgınların hızla yayılmasına ve bölgesel üreticilerin gelir düzeyinde belirgin kayıplara uğramasına zemin hazırlamakla kalmayıp; modern ve dayanıklı ıslah hatlarının eksik olduğu bu geleneksel yerel popülasyonların tamamen yok olma tehlikesiyle karşı karşıya kalmasına da neden olmaktadır.

Türkiye' deki Durumu

Yayılım

Evrimsel kökeninin Güney veya Doğu Asya' ya dayandığı düşünülen BCMV, tohum kaynaklı yüksek taşınma kapasitesinin de etkisiyle günümüzde Avrupa, Kuzey ve Güney Amerika, Afrika ve Avustralya dahil olmak üzere baklagil yetiştiriciliği yapılan hemen hemen her coğrafyaya yayılmış durumdadır (Worrall vd., 2015). Hastalığın gen merkezi olarak kabul edilen bölgelerde uzun süredir var olmasına rağmen, güncel araştırmalar virüsün yeni konukçulara adapte olarak farklı üretim alanlarında da ortaya çıkmaya devam ettiğini göstermektedir (Li vd., 2014). Türkiye ise ekolojik koşulları ve gen merkezlerinin kesişim noktasında yer alması sebebiyle taze ve kuru fasulye üretiminde küresel ölçekte önemli bir potansiyele sahip olmakla birlikte, bu üretim alanları viral hastalıkların baskısı altındadır (Arlı-Sökmen vd., 2016). Yürütülen geniş kapsamlı sürvey çalışmaları, patojenin coğrafi dağılımının ve hastalık insidansının oldukça yüksek olduğunu göstermektedir. Türkiye' nin 15 farklı ilinde fasulye üretimi gerçekleştirilen kapsamlı bir moleküler ve serolojik taramada, tohum ve yaprak örneklerinin %18.2' sinin BCMV ile enfekte olduğu görülürken, daha agresif karakterdeki BCMNV insidansının ise %1.4 seviyesinde kalarak yalnızca taze fasulye alanlarında sınırlandığı saptanmıştır (Arlı-Sökmen vd., 2016). Bölgesel bazda incelendiğinde, Tokat ilindeki

tohum örneklerinde %59 (Kutluk Yılmaz vd., 2002) ve Denizli ilindeki yaprak örneklerinde %35.6 oranında BCMV varlığı doğrulanmıştır (Usta & Güller, 2023). Samsun yöresinde gerçekleştirilen çalışmalarda, üretim alanlarındaki fasulye bitkilerinin %36'sında BCMV saptanırken; aynı araştırmada tohum kaynaklı BCMV ve BCMNV enfeksiyonları sırasıyla %8.9 ve %17 olarak bildirilmiştir (Güzel ve Arlı Sökmen, 2003). Bunun yanı sıra virüsün Van (Güller & Usta, 2018), Burdur (Çulal-Kılıç & Yardımcı, 2015), Muğla (Kılıç vd., 2013), Antalya (Usta & Güller., 2020) ile Batı Akdeniz ve Göller Yöresi (Çulal Kılıç vd., 2015; Kılıç vd., 2020) gibi farklı ekolojik koşullara sahip üretim bölgelerinde de yaygın olduğu belirlenmiştir. Elde edilen bu veriler, etmenin Türkiye genelindeki geniş dağılımını ve fasulye üretimi üzerindeki etkisini açıkça ortaya koymaktadır.

Konukçu Dizisi

Potyvirüslerin familya düzeyinde geniş bir konukçu dizisine sahip olduğu bilinmekle birlikte, bu familyaya ait bireysel virüs türlerinin konukçu yelpazesi genellikle birkaç bitki türü ile sınırlıdır. Örneğin, evrimsel yakınlığa sahip soya fasulyesi mozaik virüsünün (SMV) konukçu dizisi yalnızca tek bir cinse ait iki bitki türüyle (*Glycine max* ve *Glycine soja*) sınırlıyken; BCMV, 44 farklı cinse ait 100’ den fazla bitki türünü içeren çok daha geniş bir enfeksiyon kapasitesine sahiptir (Hajimorad vd., 2018; Tang & Feng, 2023). Doğal koşullar altında baklagilleri enfekte eden en yaygın bitki virüslerinden biri olan patojenin birincil ve enfeksiyondan en çok etkilenen konukçusu fasulyedir (Tang & Feng, 2023). Patojenin doğal koşullar altında enfekte ettiği diğer önemli kültür bitkilerinin başında bakla (*Vicia faba*), yer fıstığı (*Arachis hypogaea*) ve börülce (*Vigna unguiculata*) gelmektedir (Bos & Gibbs, 1995; Morales & Bos, 1988). Tarımsal üretimi yapılan bu türlerin yanı sıra virüsün küresel izolatları ve Türkiye popülasyonları; soya fasulyesi (*Glycine max*), maş fasulyesi (*Vigna radiata*), lima fasulyesi (*Phaseolus*

lunatus), mercimek (*Lens culinaris*), nohut (*Cicer arietinum*), güvercin bezelyesi (*Cajanus cajan*) ve susam (*Sesamum indicum*) gibi pek çok farklı kültürü de başarıyla enfekte edebilme ve sistemik simptomlara yol açabilme potansiyeline sahiptir. Kültür formlarına ek olarak, *Macroptilium atropurpureum*, *Cassia tora* ve *Vigna trilobata* gibi yabani baklagiller ile tarım alanlarının sınırlarında yer alan çok yıllık yabancı otlar, doğada virüs için potansiyel rezervuar kaynağı oluşturmaktadır. Türkiye' de yürütülen sürveylerle de doğrulanan bu alternatif konukçular, patojenin ekolojik devamlılığını sağlamakta ve vektör böcekler için kışlak vazifesi görmektedir (Worrall vd., 2015; Tang & Feng, 2023; Usta & Güller, 2023).

Taşınma Yolları

BCMV' nin küresel tarım ekosistemlerinde kalıcı bir tehdit oluşturmasının temel nedeni, tohum, yaprak biti, polen ve mekanik sürtünme gibi farklı yollarla bulaşabilmesine dayanmaktadır. BCMV' nin tohum yoluyla bulaşma oranı, virüs suşuna ve konukçu çeşidine bağlı olarak %3 ile %95 arasında değişkenlik göstermekte ve uygun koşullar altında tohum içerisinde 30 yıldan fazla hayatta kalabilmektedir. (Tang & Feng., 2023). Patojenin tohum yoluyla bulaşması, embriyo dokusuna doğrudan istila yoluyla ve/veya polen tanelerini veya ovülleri enfekte ederek dolaylı olarak gerçekleşebilir (Pagan, 2022). Bu nedenle, BCMV' nin tohum yoluyla bulaşması, tarlada primer inokulum kaynağı olduğu için küresel BCMV salgınlarının başlıca nedenidir ve sertifikalı tohum stoklarında bile %1' e varan oranda enfekteli tohum bulunabilir (Morales, 2006; Exposito-Goas vd., 2024).

BCMV *Acyrthosiphon pisum, Aphisfabae, Myzus persicae ve Aphis craccivora* dahil olmak üzere 21 cinste 36 yaprak biti tarafından kalıcı olmayan (non-persistent) şekilde taşınabilmektedir. Bu taşınmada virüs böceğin stiletine fiziksel olarak tutunur ve

saniyeler içinde sağlıklı bitkiye aktarılır. Enfeksiyonun bitkide neden olduğu değişiklikler ve simptomlar vektör böceklerin beslenmesini ve konukçu bitkilere olan transferini etkileyebilir. Bu anlamda vektör böceklerin uzun süreli evrimi sonucu oluşmuş olabilecek sarı ve açık yeşil bitki dokularını seçmeye daha yatkın olduğu bildirilmiştir (Tang & Feng., 2023).

Simptomatoloji

BCMV enfeksiyonunun bitkide oluşturduğu fenotipik simptomlar; konukçunun genetik altyapısına, virüs ırkına, enfeksiyon zamanına ve çevre sıcaklığına bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. Duyarlı genotiplerde virüsün neden olduğu simptomlar; yaprak ayasında koyu ve açık yeşil alanların düzensiz dağılımıyla karakterize olan tipik mozaik, klorotik lekelenmeler, damar bantlaşması, yaprak kıvrılması, etiyolasyon ve gelişim geriliğidir (Şekil 1) (Arlı-Sökmen vd., 2016). Bununla birlikte, dışarıdan belirgin hiçbir simptomun ortaya çıkmadığı asimptomatik enfeksiyonlar da görülebilmektedir (Morales, 2006). Asimptomatik seyreden bu gizli enfeksiyonlar, tarlada görsel teşhisi engelleyerek patojenin vektörler aracılığıyla sessizce yayılmasına zemin hazırlamaktadır.

BCMV enfeksiyonunda, dayanıklılık ile ilişkili dominant *I* genine sahip fasulye bitkilerinde virüse karşı hücresel bir savunma mekanizması olarak lokalize bir aşırı duyarlılık reaksiyonu gelişir. Ancak bazı durumlarda bu kısıtlama yetersiz kalarak virüsün vasküler sisteme ulaşmasına ve yayılımı boyunca bitkinin kendi hücrelerini öldürmesine yol açarak siyah kök nekrozuna neden olmaktadır (Tang & Feng., 2023). Siyah kök reaksiyonunun ortaya çıkması doğrudan çevre sıcaklığına ve virüs suşuna bağlıdır. BCMV' nin nekroz oluşturan suşları (NL-2, NL-6 ve RU-1), *I* genini taşıyan bitkilerde bu hastalığı yalnızca ortam sıcaklığı 30°C' nin üzerine çıktığında tetikler. Bu durum sıcaklığa duyarlı nekroz (TSN) olarak

adlandırılır (Feng vd., 2017). Çevre sıcaklıklarında yaşanan küresel artışlar, bu reaksiyonun üretim alanlarındaki görülme sıklığını giderek artırmaktadır.

Şekil 1. BCMV enfeksiyonuna bağlı olarak fasulye yapraklarında meydana gelen sİmptomatolojik değişimler; tarla koşullarında gözlenen şiddetli mozaikleşme, klorotik lekelenme ve belirgin kabarcıklaşma (a, b, c) ile kontrollü koşullarda tespit edilen damar bantlaşması ve erken dönem mozaik belirtisi (d)



Kaynak: Orijinal görsel

Hastalık Teşhisi ve Tanı Yöntemleri

BCMV enfeksiyonlarının hızlı, hassas ve güvenilir şekilde teşhis edilmesi; epidemilerin kontrol altına alınması ve temiz tohum sertifikasyon süreçlerinin yürütülmesi açısından oldukça kritiktir. Simptomların BCMNV veya diğer potyvirüslerle benzerlik göstermesi ve bazı fasulye çeşitlerinde enfeksiyonun tamamen belirtisiz (asimptomatik) seyredebilmesi nedeniyle, sadece gözleme dayalı fenotipik teşhis genellikle yeterli olmamaktadır (Meziadi vd., 2017; Çelik vd., 2023a; Usta & Güller, 2023). BCMV suşlarının ve patojenite gruplarının teşhisinde, klasik bir yaklaşım olan biyolojik indeksleme testleri günümüzde de temel bir yöntem olarak geçerliliğini korumaktadır. Bu kapsamda; dominant *I* ve resesif *bc* direnç genlerinin farklı kombinasyonlarını barındıran standart fasulye diferansiyel setleri (Dubbele Witte, Stringless Green Refugee, Sanilac) kullanılarak patojenin konukçu reaksiyonları değerlendirilmektedir (Deligöz vd., 2022). Ancak bu zaman alıcı indeksleme yöntemleri, modern teşhis süreçlerinde yerini büyük ölçüde serolojik ve moleküler teknolojilere bırakmıştır.

Geniş çaplı tarla ve tohum taramalarında, antikor-antijen spesifikliğini temel alan DAS-ELISA en yaygın tercih edilen serolojik teşhis yöntemidir (Deligöz vd., 2022). Çok sayıda numunenin hızlıca işlenmesini gerektiren yoğun saha çalışmalarında ise, enfekte dokunun doğrudan membrana aktarıldığı doku basımı (tissue printing) esasına dayanan DIP-ELISA tekniği oldukça pratik bir alternatif olarak öne çıkmaktadır (Exposito-Goas vd., 2024).

Serolojik testlere kıyasla daha yüksek hassasiyet, özgüllük ve doğruluk oranına sahip olan nükleik asit tabanlı moleküler sistemler, kesin teşhis ve doğrulama amacıyla yaygın olarak kullanılmaktadır. Virüs tespitinde, klasik PCR analizleri standart bir yöntem olarak varlığını sürdürmektedir. Bununla birlikte, virüs yükünün tam olarak ölçülebilmesi ve dayanıklı genotiplerin enfeksiyonun henüz

başlangıç evrelerinde (inokülasyondan 3 ila 9 gün sonra) tespit edilebilmesi için SYBR Green tabanlı kantitatif gerçek zamanlı PCR (qRT-PCR) teknolojisi klasik yöntemlere kıyasla çok daha yüksek bir duyarlılık ve doğruluk sunmaktadır (Çelik vd., 2023b). Tarlalarda sıklıkla görülen karışık enfeksiyon durumlarında ise BCMV, hıyar mozaik virüsü (CMV) ve soya mozaik virüsü (SMV) nükleik asitlerini tek bir reaksiyon tüpünde eşzamanlı olarak saptayabilen multipleks RT-PCR analizleri tercih edilmektedir. Bu yaklaşım, teşhis süresini ve kimyasal reaktif maliyetlerini %70'e kadar azaltabilmektedir (Xue vd., 2021).

Bununla birlikte, PCR tabanlı analizlerin spesifik cihazlara (termal döngüleyici vb.) ihtiyaç duyması, saha çalışmalarındaki uygulanabilirliğini sınırlandırabilmektedir. Buna alternatif olarak BCMV teşhisine uyarlanan RT-LAMP (Loop-mediated isothermal amplification) teknolojisi, nükleik asit çoğaltımını sabit bir sıcaklıkta gerçekleştirerek cihaz bağımlılığını ortadan kaldırmaktadır. Standart moleküler testlerle eşdeğer duyarlılığa sahip olan bu sistem, reaksiyon sonucunun sahada doğrudan çıplak gözle değerlendirilebilmesine olanak tanır. Hızlı, düşük maliyetli ve yerinde teşhis imkanı sunan RT-LAMP, tohum ve üretim alanlarında yürütülen erken tanı süreçleri için etkili bir yöntemdir (Çelik vd., 2023b).

Epidemiyoloji

BCMV epidemiyolojisi birincil inokulum kaynaklarının varlığı ve vektör hareketliliği ile doğrudan ilişki içerisindedir. Hastalığın tarlada ortaya çıkması ve uluslararası ticarette uzun mesafelere, hatta kıtalararası yayılması büyük ölçüde tohumla taşınma yoluyla gerçekleşmektedir (Das vd., 2024). Epidemiyolojik açıdan kritik bir diğer faktör enfeksiyonun bitki gelişimindeki zamanlamasıdır. Bitkinin vejetatif gelişiminin ilk 10-20 gününde gerçekleşen erken enfeksiyonlar tohumla taşınma oranını önemli

ölçüde artırırken, çiçeklenmeden sonraki geç enfeksiyonlarda tohumdan geçiş ciddi şekilde düşmektedir (Worrall vd., 2015). Hastalığın tarladaki ikincil yayılımı ise vektör afitler aracılığıyla olmaktadır. Bu iki ana aktarım mekanizmasının birleşimi epidemilerin çok hızlı gelişmesine ve üretim alanlarında ciddi boyutlara ulaşmasına neden olmaktadır. Tarlada afit popülasyonunun yoğun olduğu ve vektörlerin aktif hareket ettiği dönemlerde, başlangıçta yalnızca %2 ila %6 gibi çok düşük tohum kaynaklı enfeksiyon oranına sahip tarlalarda dahi, ikincil yayılımlar sonucunda hasat dönemine kadar bitkilerin %100' ünün enfekte olabildiği tespit edilmiştir (Worrall vd., 2015; Usta & Güller., 2023; Exposito-Goas vd., 2024). Ayrıca *Trifolium* türleri, *Macroptilium atropurpureum* ve diğer yabani baklagil veya yabancı ot konukçuları, virüsün sezonlar arasında hayatta kalmasını sağlayan önemli çevresel rezervuarlar (depo bitkiler) olarak görev yaparak her yeni ekim döneminde inokulum kaynağı oluştururlar (Feng vd., 2019).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Genetik Direnç ve Moleküler Islah

Viral patojenlerin konukçu hücresindeki zorunlu replikasyon mekanizması, doğrudan etmene yönelik kimyasal mücadele imkanlarını büyük ölçüde kısıtlamaktadır. Bu nedenle, BCMV yönetimindeki temel yaklaşım dayanıklı fasulye çeşitlerinin geliştirilmesidir (Deligöz vd., 2022). Fasulyede virüs direnci; dominant *I* geni ile dört farklı lokusta yer alan altı resesif allel (*bc-u*, *bc-1*, *bc-1²*, *bc-2*, *bc-2²*, *bc-3*) arasındaki epistatik etkileşimlerle kontrol edilmektedir (Arlı-Sökmen vd., 2016). Dominant *I* geni nekrotik olmayan suşlara karşı bağışıklık sağlarken, koruyucu resesif genlerin bulunmadığı durumlarda nekrotik suşlar sistemik nekroza neden olmaktadır (Arlı-Sökmen vd., 2016). Resesif allellerden *bc-u*, diğer spesifik resesif genlerin eksprese olabilmesi

için gerekli temel bir faktördür. Dominant *I* geninin, *bc-3* veya *bc-2²* gibi resesif genlerle aynı genotipte birleştirildiği gen piramitlemesi stratejisi; virüsün sistemik hareketini ve yüksek sıcaklıklara bağlı siyah kök reaksiyonunu engelleyerek geniş spektrumlu bir koruma sağlamaktadır (Meziadi vd., 2017; Deligöz vd., 2022). Günümüzde bu genlerin bitkiye aktarımını doğrulamak amacıyla moleküler markör destekli seleksiyon (MAS) yöntemleri kullanılmaktadır (Yeken vd., 2018; Deligöz vd., 2022; Usta & Güller., 2023).

Kültürel Önlemler ve Entegre Mücadele

Yerel popülasyonların genetik yapısının korunmasının amaçlandığı üretim sistemlerinde gen piramitlemesi her zaman uygulanabilir bir seçenek olmamaktadır. Bu alanlarda, virüsün tarlaya girişini ve vektörler aracılığıyla yayılımını sınırlayan entegre mücadele stratejileri uygulanmalıdır. Birincil inokulum kaynağını engellemek amacıyla virüsten ari, sertifikalı tohumluk kullanımı esastır. Vejetasyonun erken dönemlerinde tarla kontrolleri yapılarak, tohum kaynaklı enfeksiyon belirtisi gösteren fideler tarladan uzaklaştırılmalıdır. Vektör hareketliliğini kısıtlamak ve sekonder yayılımı sınırlandırmak amacıyla; sarı yapışkan tuzaklar, mineral yağ uygulamaları, vektör uzaklaştırıcı bitkisel uçucu bileşikler, yansıtıcı malçlama ve uzun boylu bariyer bitkilerin (mısır vb.) kullanımı önerilmektedir (Worrall vd., 2015; Expósito-Goás vd., 2024). Ayrıca biyoteknolojik araştırmalarda, virüsün replikasyonunu engellemeye yönelik RNA interferans (RNAi) teknolojileri alternatif bir kontrol yöntemi olarak incelenmektedir (Worrall vd., 2015; Meziadi vd., 2017).

Kaynakça

Adak, E., Demirezen, S., Karaman, E. Y., Gündoğmuş, B., Yeken, M., Morca, A. F., ... & Çelik, A. (2026). Contrasting antioxidant and metabolic responses of resistant and susceptible common bean varieties to bean common mosaic virus (BCMV)

infection. *Journal of Phytopathology*, *174*(2), e70273. https://doi.org/10.1111/jph.70273

Albayrak, Ç., & Yeşil, S. (2025). Karaman İli Fasulye Ekim Alanlarında fasulye sarı mozaik virüsü (BYMV), fasulye adi mozaik nekroz virüsü (BCMNV) ve fasulye adi mozaik virüsü (BCMV) Varlığı ve Enfeksiyonu. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*,*13*(s3), 3921-3926. https://doi.org/10.24925/turjaf.v13is3.3921-3926.8133

Ali, A., Natsuaki, T., & Okuda, S. (2006). The complete nucleotide sequence of a Pakistani isolate of Watermelon mosaic virus provides further insights into the taxonomic status in the Bean common mosaic virus subgroup. *Virus Genes*, *32*(3), 307-311. https://doi.org/10.1007/s11262-005-6915-z

Arli-Sokmen, M., Deligoz, I., & Kutluk-Yilmaz, N. D. (2016). Characterization of Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus isolates in common bean growing areas in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*, *146*(1), 1-16. https://doi.org/10.1007/s10658-016-0886-x

Bos, L., & Gibbs, A. J. (1995). Bean common mosaic potyvirus. Plant viruses online—descriptions and lists from the VIDE database. http://sdb.im.ac.cn/vide/descr068.htm

Chai, M., Wu, X., Liu, J., Fang, Y., Luan, Y., Cui, X., ... & Cheng, X. (2020). P3N-PIPO interacts with P3 via the shared N-terminal domain to recruit viral replication vesicles for cell-to-cell movement. *Journal of Virology*, *94*(8), 10-1128. https://doi.org/10.1128/jvi.01898-19

Chatzivassiliou, E. K. (2021). An annotated list of legume-infecting viruses in the light of metagenomics. *Plants*, *10*(7), 1413. https://doi.org/10.3390/plants10071413

Chung, B. Y. W., Miller, W. A., Atkins, J. F., & Firth, A. E. (2008). An overlapping essential gene in the Potyviridae. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *105*(15), 5897-5902. https://doi.org/10.1073/pnas.0800468105

Çelik, A., Emiralioğlu, O., Yeken, M. Z., Çiftçi, V., Özer, G., Kim, Y., ... & Chung, Y. S. (2023a). A novel study on bean common mosaic virus accumulation shows disease resistance at the initial stage of infection in *Phaseolus vulgaris*. *Frontiers in Genetics*, *14*, 1136794. https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1136794

Çelik, A., Morca, A. F., Emiralioğlu, O., Yeken, M. Z., Özer, G., & Çiftçi, V. (2023b). The use of colorimetric loop-mediated isothermal amplification assay for naked-eye detection of bean common mosaic virus. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, *125*, 102017. https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2023.102017

Çulal-Kılıç, H., Yardimci, N., 2015. Occurrence of alfalfa mosaic virus (AMV) infecting bean crop in Burdur province, Turkey. Asian *Journal of Agriculture and Food Sciences*, *3*(2): 173-177.

Das, S., Jarugula, S., Bagewadi, B., Fayad, A., Karasev, A. V., & Naidu, R. A. (2024). Characterization of Bean Common Mosaic Virus Isolates Infecting Three Leguminous Bean Crops from South and Southeast Asia. *Plant Disease*, *108*(12), 3453-3462. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-24-1113-SR

Deligöz, İ., Sokmen, M., Yılmaz, N. K., Özçelik, H., & Tekeoğlu, M. (2022). Screening of snap and dry bean (Phaseolus vulgaris L.) genotypes for resistance to Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus. *Plant Protection Bulletin*, *62*(4), 5-13. https://doi.org/10.16955/bitkorb.1130635

Dell'Olmo, E., Tiberini, A., & Sigillo, L. (2023). Leguminous seedborne pathogens: Seed health and sustainable crop management. *Plants*, *12*(10), 2040. https://doi.org/10.3390/plants12102040

Drijfhout, E., Silbernagel, M. J., & Burke, D. W. (1978). Differentiation of strains of bean common mosaic virus. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, *84*(1), 13-26. https://doi.org/10.1007/BF01978099

Exposito-Goas, S., Pinacho-Lieti, L. G., Lago-Pena, F., & Cabaleiro, C. (2024). Epidemiology and Management of Bean Common Mosaic Virus (BCMV) in Traditional Phaseolus vulgaris L. Landraces within Protected Geographical Indications. *Horticulturae*, *10*(7), 699. https://doi.org/10.3390/horticulturae10070699

Feng, X., Guzmán, P., Myers, J. R., & Karasev, A. V. (2017). Resistance to Bean common mosaic necrosis virus conferred by the bc-1 gene affects systemic spread of the virus in common bean. *Phytopathology*, *107*(7), 893-900. https://doi.org/10.1094/PHYTO-01-17-0013-R

Feng, X., Orellana, G. E., Green, J. C., Melzer, M. J., Hu, J. S., & Karasev, A. V. (2019). A new strain of bean common mosaic virus from lima bean (Phaseolus lunatus): biological and molecular characterization. *Plant disease*, *103*(6), 1220-1227. https://doi.org/10.1094/PDIS-08-18-1307-RE

Güller, A., & Usta, M. (2018). Cloning and molecular characterization of the coat protein gene of Bean common mosaic virus (BCMV) isolate isolated from bean plants in Van province. *1st Anatolian International Multidisciplinary Studies Congress*, Diyarbakır, Türkiye, 211.

Güzel, Ö., & Arlı-Sökmen, M. (2003). Determination of some viruses infecting common bean (Phaseoulus vulgaris L.) and their incidences in seed lots in Samsun Province. *Journal of Turkish Phytopathology*, *32*(2), 99-106.

Hajimorad, M. R., Domier, L. L., Tolin, S. A., Whitham, S. A., & Saghai Maroof, M. A. (2018). Soybean mosaic virus: a successful potyvirus with a wide distribution but restricted natural host range. *Molecular Plant Pathology*, *19*(7), 1563-1579. https://doi.org/10.1111/mpp.12644

Hull, R. (2014). Chapter 6—Genome composition, organization, and expression. In R. Hull (Ed.), Plant Virology (5th ed., pp. 247-339). Academic Press.

Ivanov, K. I., Eskelin, K., Lohmus, A., & Mäkinen, K. (2014). Molecular and cellular mechanisms underlying potyvirus infection. *Journal of General Virology*, *95*(7), 1415-1429. https://doi.org/10.1099/vir.0.064220-0

Kılıç, H. C., Yardımcı, N., & Ürgen, G. (2013). Investigation of some important virus diseases on bean plants in Muğla-Fethiye subprovince. *Ziraat Fakültesi Dergisi, Uludağ Üniversitesi*, *27*(1), 1-8

Kılıç, H. Ç., Kök, H., & Yardımcı, N. (2020). Bean common mosaic virus and bean common mosaic necrosis virus infections in bean production areas in The Lakes Region of Turkey. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (19), 386-392. https://doi.org/10.31590/ejosat.705686

Kılıç, H. Ç., Yardımcı, N., Açıkyürek, S., & Uzal, A. (2015). Detection of BCMV, AMV and CMV by DAS-ELISA and immunocapture-RT-PCR in bean-growing areas in the West Mediterranean Region, Turkey. *Feb-Edıtorıal Board*, 1752.

Li, Y. Q., Liu, Z. P., Yang, K., Li, Y. S., Zhao, B., Fan, Z. F., & Wan, P. (2014). First report of Bean common mosaic virus infecting Azuki bean (*Vigna angularis*) in China. *Plant Disease*, *98*(7), 1017. https://doi.org/10.1094/PDIS-01-14-0064-PDN

McKern, N. M., Mink, G. I., Barnett, O. W., Mishra, A., Whittaker, L. A., Silbernagel, M. J., ... & Shukla, D. D. (1992). Isolates of bean common mosaic virus comprising two distinct potyviruses. *Phytopathology*, *82*(9), 923-929.

Meziadi, C., Blanchet, S., Geffroy, V., & Pflieger, S. (2017). Genetic resistance against viruses in Phaseolus vulgaris L.: State of the art and future prospects. *Plant Science*, *265*, 39-50. https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2017.08.009Get rights and content

Morales, F. J. (2006). S. 11. Bean common mosaic and necrosis viruses. *Indian Journal of Virology*, *17*(2), 113-113.

Morales, F. J., & Bos, L. (1988). *Descriptions of plant viruses: Bean common mosaic virus*. DPV337. Association of Applied Biologists.

Rubiales, D., Fondevilla, S., Chen, W., et al. (2015). Achievements and Challenges in Legume Breeding for Pest and Disease Resistance. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *34*(1–3), 195–236. https://doi.org/10.1080/07352689.2014.898445

Tang, M., & Feng, X. (2023). Bean common mosaic disease: etiology, resistance resource, and future prospects. *Agronomy*, *13*(1), 58. https://doi.org/10.3390/agronomy13010058

Usta, M., & Güller, A. (2020). Molecular characterization of polyprotein genes of two BCMV (Bean common mosaic potyvirus) isolates in Antalya (Turkey) and their genomic divergence. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, *7*(2), 411-419. https://doi.org/10.30910/turkjans.725819

Usta, M., & Güller, A. (2023). Bean Common Mosaic Potyvirus (BCMV) Characterized from Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Crops Affected by Mosaic Disease in Denizli Province, Türkiye. *Türkiye Tarımsal Araştırmalar Dergisi*, *10*(2), 199-207. https://doi.org/10.19159/tutad.1294147

Vetten, H. J., Lesemann, D. E., & Maiss, E. (1992). Serotype A and B strains of bean common mosaic virus are two distinct potyviruses. In *Potyvirus taxonomy* (pp. 415-431). Springer https://doi.org/10.1007/978-3-7091-6920-9_44

Worrall, E. A., Wamonje, F. O., Mukeshimana, G., Harvey, J. J., Carr, J. P., & Mitter, N. (2015). Bean common mosaic virus and bean common mosaic necrosis virus: relationships, biology, and prospects for control. *Advances in virus research*, *93*, 1-46. https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2015.04.002

Xue, B., Shang, J., Yang, J., Zhang, L., Du, J., Yu, L., ... & Naeem, M. (2021). Development of a multiplex RT-PCR assay for the detection of soybean mosaic virus, bean common mosaic virus and cucumber mosaic virus in field samples of soybean. *Journal of virological methods*, *298*, 114278. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114278

Yeken, M. Z., Özer, G., Çelik, A., & Çiftçi, V. (2018). Identification of genes related to resistance for bean common mosaic virus and bean common mosaic necrosis virus in commercial common bean cultivars in Turkey. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, *5*(4), 613-619. https://doi.org/10.30910/turkjans.471371

Yılmaz, N. D. K., Gümüş, M., & Erkan, S. (2002). Studies on determination of virus diseases in the seeds of bean from Tokat Province. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *39*(3), 49-55.

BÖLÜM 6

Potyvirus cucurbitaflavitesselati (Zucchini yellow mosaic virus, ZYMV)

ŞERİFE TOPKAYA[1]

Giriş

Potyvirus cucurbitaflavitesselati (Zucchini yellow mosaic virus, ZYMV), kabakgil bitkilerinde şiddetli mozaik belirtileri, yaprak deformasyonları ve meyve şekil bozukluklarına neden olan, ekonomik açıdan son derece önemli bir bitki virüsüdür. Bu virüs, Potyvirus cinsi içerisinde yer almakta olup, bu cins günümüzde moleküler çalışmalarla daha ayrıntılı biçimde tanımlanmış ve genişliği doğrulanmıştır. Güncel literatüre göre Potyvirus cinsi, 200'ün üzerinde tanımlanmış türüyle bitki virüsleri arasında en büyük ve en yaygın gruplardan birini oluşturmaktadır (Hull 2002, Choi vd., 2007).

[1]. Doç. Dr. Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid ID: 000-0002-0095-474X

ZYMV başta olmak üzere Potyvirus türleri; kavun, karpuz, hıyar ve kabak gibi kabakgil ürünlerinde hem verim (kantite) hem de kalite kayıplarına yol açarak dünya genelinde tarımsal üretimi ciddi şekilde tehdit etmektedir. Son yıllarda yapılan çalışmalar, bu virüslerin özellikle yaprak bitleriyle taşınma etkinliğinin yüksek olması ve geniş konukçu aralığı nedeniyle yayılım riskinin arttığını ve ekonomik kayıpların daha da belirgin hale geldiğini ortaya koymaktadır.

Bu bölümde ZYMV' nin taksonomik konumu, genomik özellikleri, ekonomik önemi, yayılımı, konukçu dizisi, taşınma yolları, simptomatolojisi, teşhis yöntemleri, Türkiye'deki durumu ve mücadele stratejileri güncel bilimsel bilgiler doğrultusunda ele alınmıştır.

Taksonomi ve Genomik Özellikler

ZYMV; Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi'ne (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV)'nin yapmış olduğu son güncellemelere göre *Riboviria* alemi içerisinde yer almış ve binominal isimlendirmeye göre tür ismi *Potyvirus cucurbitaflavitesselati* olmuştur (ICTV, 2025). Güncel sınıflandırmaya göre taksonomik sınıflaması aşağıdaki gibidir (ICTV, 2025).

Kingdom: Orthornavirae

Bölüm: Pisuviricota

Sınıf: Stelpaviricetes

Takım: Patatavirales

Familya: Potyviridae

Cins: Potyvirus

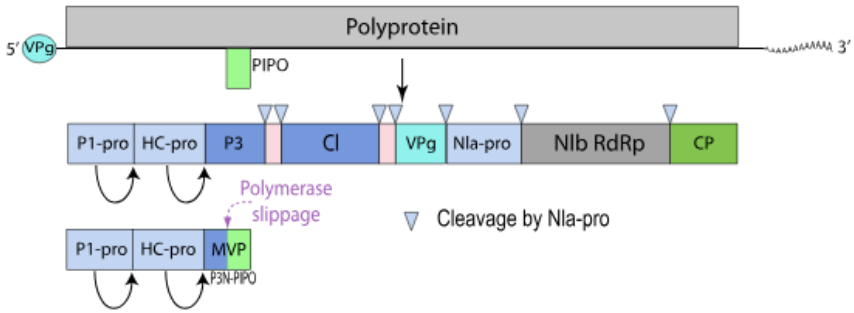
Tür: *Potyvirus cucurbitaflavitesselati*

Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), yaklaşık 750 nm uzunluğunda, ipliksi morfolojiye sahip virionlar oluşturan ve pozitif polariteli tek iplikçikli RNA genomu taşıyan bir polyproteindir (Lisa & Lecoq, 1984; Siaw vd., 1985; Hull, 2002). Virüs genomu, tek bir büyük açık okuma çerçevesi (ORF) içeren ve konak hücrede proteolitik olarak işlenerek çok sayıda fonksiyonel proteine ayrılan bir poliprotein şeklinde organize olmuştur. Genomun 5′ ucunda genoma kovalent bağlı bir protein olan VPg (viral protein genome-linked) bulunurken, 3′ ucunda poliadenil (polyA) kuyruğu yer almaktadır (Gallie, 2001; Revers vd., 1999, Glasa & Pittnerova 2006; Urcuqui-Inchima vd., 2001).

ZYMV genomu tarafından kodlanan proteinler, virüsün çoğalması, hücreler arası hareketi ve konak savunma mekanizmalarının baskılanmasında önemli roller üstlenmektedir. Bu proteinler arasında; poliproteinin ilk parçalanma ürünlerinden biri olan ve proteaz aktivitesi göstererek genomun işlenmesinde görev alan P1 proteini; yaprak bitleriyle taşınmada ve bitkide gen susturulmasının baskılanmasında kritik rol oynayan yardımcı bileşen proteini (HC-Pro); hücreden hücreye hareketi sağlayan ve aynı zamanda RNA helikaz aktivitesi gösteren silindirik inklüzyon proteini (CI); virüs replikasyonunda görev alan nükleer inklüzyon proteini (NIb); ve hem hücreler arası hem de sistemik taşınmada önemli işlevlere sahip olan örtü proteini (CP) bulunmaktadır. ZYMV, enfekteli bitkilerde genellikle tip1 silindirik inclusionlar oluşturmaktadır (Desbiez & Lecoq, 1997; Lecoq & Desbiez, 2012) (Şekil 1).

Bu proteinlerin koordineli işlevi, ZYMV'nin konak bitki içerisinde etkin bir şekilde çoğalmasını ve yayılmasını mümkün kılmaktadır.

Şekil 1. Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV)'nin dahil olduğu potyvirus cinsinin genomu



Kaynak: https://viralzone.expasy.org/48 (Erişim tarihi: 10.06.2026)

ZYMV' nin Ekonomik Önemi

Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV), kabakgil üretim alanlarında neden olduğu ciddi verim ve kalite kayıpları nedeniyle küresel ölçekte ekonomik açıdan büyük önem taşıyan bir bitki patojenidir. Virüs enfeksiyonu sonucunda bitkilerde ortaya çıkan şiddetli mozaik, yaprak daralması, bodurlaşma ve meyvelerde şekil bozuklukları, pazarlanabilir ürün miktarını doğrudan azaltmaktadır. Enfeksiyonun erken dönemde gerçekleştiği durumlarda verim kayıplarının %50–100'e kadar ulaşabildiği; geç enfeksiyonlarda ise özellikle meyve kalitesinin düşmesi nedeniyle ürünün ticari değerinin ciddi ölçüde azaldığı bildirilmektedir (Desbiez & Lecoq 1997; Lecoq & Desbiez 2012; Provvidenti, 1996).

ZYMV'nin ekonomik önemini artıran başlıca faktörlerden biri, virüsün yaprak bitleri (Aphididae) tarafından non-persistent şekilde çok hızlı ve etkin biçimde taşınabilmesidir (Brunt vd., 1996; Desbiez & Lecoq 1997). Bu durum, kimyasal mücadele yöntemlerinin etkinliğini sınırlamakta ve virüsün kısa sürede geniş alanlara yayılmasına neden olmaktadır. Ayrıca virüsün geniş konukçu aralığı ve yabancı otlarda da varlığını sürdürebilmesi,

inokulum kaynağının sürekliliğini sağlayarak epidemilerin kontrolünü zorlaştırmaktadır.

Kabakgil üretiminde ZYMV enfeksiyonları sadece verim kaybına yol açmakla kalmamakta, aynı zamanda meyve görünümünde oluşturduğu deformasyonlar nedeniyle ihracat standartlarını karşılamayan ürün oranını artırmaktadır. Bu durum özellikle taze tüketim pazarına yönelik üretim yapan işletmelerde ciddi ekonomik kayıplara neden olmaktadır. Bunun yanı sıra, üreticilerin dayanıklı çeşit kullanımı, vektör kontrolü ve kültürel önlemler için yaptığı ek harcamalar da üretim maliyetlerini yükseltmektedir.

Son yıllarda yapılan araştırmalar, iklim değişikliği ve vektör popülasyonlarındaki artışın ZYMV'nin yayılımını hızlandırabileceğini ve bu nedenle ekonomik kayıpların gelecekte daha da artabileceğini göstermektedir (Jones, 2016; Garrett vd., 2006). Bu bağlamda, ZYMV'ye karşı sürdürülebilir mücadele stratejilerinin geliştirilmesi, dayanıklı çeşitlerin yaygınlaştırılması ve entegre hastalık yönetimi uygulamalarının benimsenmesi, kabakgil üretiminde ekonomik kayıpların azaltılması açısından kritik öneme sahiptir.

Türkiye'de ZYMV' nin Durumu

Türkiye'de ZYMV'nin varlığı ilk kez Yılmaz ve Davis tarafından 1985 yılında gerçekleştirilen çalışmalarla ortaya konmuştur. Araştırmacılar, biyolojik ve serolojik testlerin yanı sıra elektron mikroskobu incelemeleri kullanarak yaptıkları teşhisler sonucunda, Akdeniz Bölgesi'nde karpuz bitkilerinde ZYMV ile birlikte Cucumber mosaic virus'ün bulunduğunu; kabak bitkilerinde ise ZYMV enfeksiyonunun yaygın olduğunu belirlemişlerdir. Bu çalışma, ZYMV'nin ülkemizdeki varlığını ortaya koyan ilk kayıt olması bakımından önem taşımaktadır.

Türkiye'de ZYMV'nin yayılışını belirlemeye yönelik çalışmalar 2000'li yılların başından itibaren farklı bölgelerde yürütülmüş ve zamanla ülkenin birçok ilini kapsayacak şekilde genişlemiştir. Türkiye'de ZYMV'nin varlığına ilişkin ilk kapsamlı çalışmalar, Doğu Karadeniz ve Doğu Anadolu Bölgeleri'nde Erzurum, Erzincan ve Artvin illerinde gerçekleştirilmiş ve virüsün kabak yetiştiriciliğinde önemli bir tehdit oluşturduğu bildirilmiştir (Bostan vd., 2002). Bunu izleyen yıllarda Samsun'da yürütülen sürveylerde ZYMV'nin kavun, karpuz, kabak ve hıyarda yaygın olarak bulunduğu ortaya konmuştur (Şevik & Arlı-Sökmen, 2003).

Daha sonraki araştırmalarda Marmara Bölgesi'nde Tekirdağ, Edirne ve Kırklareli (Köklü & Yılmaz, 2006), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Gaziantep (Ozaslan vd., 2006), Ege Bölgesi'nde Balıkesir, İzmir ve Manisa (Kaya & Erkan, 2011), İç Anadolu Bölgesi'nde Konya, Karaman ve Aksaray (Yeşil, 2013; Yeşil & Ertunç, 2013), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Diyarbakır ve Mardin (Kızmaz vd., 2016), Akdeniz Bölgesi'nde Adana ve Mersin (Kamberoğlu vd., 2016) ile Antalya (Topkaya vd., 2016), Karadeniz Bölgesi'nde Tokat (Korkmaz vd., 2018), Doğu Anadolu Bölgesi'nde Bingöl (Güller & Usta, 2019) ve Malatya (Örs vd., 2021), İç Anadolu Bölgesi'nde Yozgat (Yeşil, 2019), Ankara (Topkaya vd., 2019), Nevşehir (Yeşil, 2020) ve Eskişehir (Karabıyık & Yeşil, 2021) ile Marmara Bölgesi'nde Çanakkale'de (Sarı vd., 2024) ZYMV enfeksiyonları rapor edilmiştir.

Bu çalışmaların büyük çoğunluğunda virüsün tanılanmasında DAS-ELISA ve RT-PCR yöntemleri kullanılmış, son yıllarda ise moleküler karakterizasyon ve filogenetik analizlere ağırlık verilmiştir. Elde edilen bulgular, ZYMV'nin Türkiye'nin hemen hemen tüm kabakgil üretim bölgelerinde yayılış gösterdiğini ve başta kabak (*Cucurbita* spp.), kavun (*Cucumis melo*), karpuz (*Citrullus lanatus*) ve hıyar (*Cucumis sativus*) olmak üzere ekonomik öneme sahip birçok kabakgil türünde enfeksiyon

oluşturduğunu ortaya koymaktadır. Türkiye'de bugüne kadar bildirilen ZYMV kayıtlarının bölgelere göre dağılımı, konukçu bitkileri ve kullanılan tanı yöntemleri Tablo 1'te özetlenmiştir.

Tablo 1: ZYMV'nin tespit edildiği bölgeler iller ve belirtileri

Bölge	İl	Konukçu	Kaynak
Marmara	Balıkesir	Kavun, Balkabağı	Kaya & Erkan, 2011
	Çanakkale	Hıyar	Sarı vd., 2024
	Edirne	Kavun, Karpuz	Köklü & Yılmaz, 2006
	Kırklareli	Kavun, Karpuz	Köklü & Yılmaz, 2006
	Tekirdağ	Kavun, Karpuz	Köklü & Yılmaz, 2006
Ege	İzmir	Kavun	Kaya &Erkan, 2011
	Manisa	Kavun	Kaya & Erkan, 2011
Akdeniz	Adana	Kabakgiller	Kamberoğlu vd., 2016
	Antalya	Kabak, Hıyar	Çat vd., 2016
	Mersin	Kabakgiller	Kamberoğlu vd., 2016
	Burdur	Kabakgiller	Çulal Kılıç vd.,. 2016
İç Anadolu	Ankara	Kabakgiller	Topkaya vd., 2019
	Aksaray	Kabakgiller	Yeşil 2013
	Eskişehir	Çerezlik kabak, Karpuz	Karabıyık & Yeşil, 2021
	Karaman	Kabakgiller	Yeşil 2013
	Konya	Kabakgiller	Yeşil 2013
	Nevşehir	Kabak	Yeşil 2020
	Yozgat	Kabak	Yeşil 2019
Karadeniz	Artvin	Kabak	Bostan vd., 2002
	Kastamonu	Kabakgiller	Topkaya 2020
	Samsun	Kabakgiller	Şevik &Arlı-Sökmen, 2003
	Tokat	Kabakgiller	Korkmaz vd., 2018
Doğu Anadolu	Bingöl	Kabak	Güller & Usta, 2019
	Bitlis	Kavun	Özer vd., 2012
	Erzincan	Kabak	Bostan vd., 2002
	Erzurum	Kabak	Bostan vd., 2002
	Malatya	Kabak	Örs vd., 2021
	Diyarbakır	Kabakgiller	Kızmaz vd., 2016

Güneydoğu Anadolu	Gaziantep	Kabakgiller	Ozaslan vd., 2006
	Mardin	Kabakgiller	Kızmaz vd., 2016

Konukçular

ZYMV**,** Potyviridae familyasının Potyvirus cinsinde yer alan ve doğal konukçu dizisi büyük ölçüde Cucurbitaceae (kabakgiller) familyası ile sınırlı olan önemli bir bitki virüsüdür. Virüsün başlıca doğal konukçuları arasında kabak (*Cucurbita pepo*), bal kabağı (*C. maxima*), kestane kabağı (*C. moschata*), hıyar (*Cucumis sativus*), kavun (*C. melo*), karpuz (*Citrullus lanatus*) ve diğer kültürü yapılan kabakgil türleri yer almaktadır. Bununla birlikte, deneysel inokulasyon çalışmaları ZYMV'nin farklı bitki familyalarına ait bazı türleri de enfekte edebildiğini göstermiştir. Ancak bu türlerin çoğu doğal epidemi döngüsünde önemli bir rol oynamamakta, esas epidemiyolojik önemi kabakgil türleri taşımaktadır (Desbiez & Lecoq, 1997; Lecoq & Desbiez, 2008).

Virüsün yaşam döngüsünün devamlılığında yabancı otlar da önemli bir yere sahiptir. Kabakgil üretim sezonu dışında enfekte yabancı ot türlerinde canlılığını sürdürebilen ZYMV, yeni üretim döneminde yaprak bitleri aracılığıyla kültür bitkilerine taşınarak ilk enfeksiyon kaynaklarını oluşturabilmektedir. Bu nedenle yabancı otlar, birçok üretim alanında virüs için doğal rezervuar görevi görmekte ve epidemilerin başlamasında önemli rol oynamaktadır (Lecoq & Desbiez, 2012).

Virüsün doğal konukçu dizisinin büyük ölçüde Cucurbitaceae ile sınırlı olması, ZYMV'nin bu familyaya yüksek derecede adaptasyon gösterdiğini ortaya koymaktadır. Bununla birlikte, geniş coğrafi yayılışı, farklı iklim koşullarına uyum sağlayabilmesi ve yaprak bitleriyle non-persistent şekilde çok sayıda

tür tarafından taşınabilmesi, ZYMV'yi dünya genelinde kabakgil üretimini tehdit eden en önemli viral etmenlerden biri haline getirmiştir. Bu nedenle dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, yabancı ot rezervuarlarının kontrolü ve entegre hastalık yönetimi uygulamaları, ZYMV epidemilerinin azaltılmasında temel stratejiler olarak kabul edilmektedir (Agrios, 2005; Lecoq & Desbiez, 2012). Deneysel konukçular arasında Chenopodium spp., Nicotiana benthamiana ve bazı Leguminosae türleri yer almakla birlikte, bu bitkilerin doğal epidemiyolojideki rolleri sınırlıdır (Lecoq & Desbiez2008).

Taşınma Yolları

ZYMV, diğer potyvirüslerde olduğu gibi yaprak bitleri tarafından non-persistent (kalıcı olmayan) şekilde etkili biçimde taşınmaktadır. İlk çalışmalarda, tek bir *Myzus persicae* bireyinin virüsü yaklaşık %30 oranında bulaştırabildiği belirlenmiştir. Üç virüs taşıyan yaprak biti kullanıldığında *ise Myzus persica*e ve *Aphis gossypii* virüsü %70–90 oranında aktarabilmiştir. Ayrıca *Macrosiphum euphorbiae* ve *Aphis citricola* da ZYMV' nin vektörleri arasında yer almaktadır.

ZYMV en az 26 afit türü ile nonpersistent tarzda taşınır. *A. craccivora, A. gossypii, Macrosiphum euphorbiae* ve *M. persicae* etkili vektörleridir. Bazı afit türleri (*Lipaphis erysimi, Myzus ascalonicus*) virüs-vektör etkileşimde belli bir spesifiklik seviyesi gösteren ZYMV' yi taşıyamamaktadır.

Florida'da yapılan çalışmalarda, doğadan yakalanan kanatlı yaprak biti türlerinin *Cucurbita pepo* bitkilerine ZYMV' yi ortalama %28.4 etkinlikle taşıdığı belirlenmiştir. Kaliforniya'daki benzer bir araştırmada ise *M. persicae* ve *A. gossypii* sırasıyla %41 ve %35 oranında bulaştırma göstermiştir. Buna karşılık bazı diğer yaprak biti türlerinde bulaştırma oranı %10'un altında kalmıştır. Doğadan toplanan kanatlı yaprak bitlerinin, laboratuvarda yetiştirilenlere göre virüsü daha etkili taşıdığı görülmüştür.

Araştırmalar, ZYMV ile enfekteli kabak bitkilerinde yaprak bitlerinin beslenme ve kolonizasyon davranışlarının değiştiğini göstermiştir. Enfeksiyonun erken dönemlerinde yaprak bitlerinin yaşam süresi ve üreme kapasitesi artmış, ayrıca daha fazla kanatlı birey oluşmuştur. İleri dönem enfeksiyonlarda ise bitkilerin sararması yaprak bitlerini daha fazla çekmiş; ancak yaprak bitleri bitkide daha kısa süre kalmış, daha fazla deneme sokması yapmış ve floemle daha az temas etmiştir. Bu değişikliklerin ZYMV' nin yayılmasını dolaylı olarak artırdığı düşünülmektedir.

Potyvirüslerin yaprak bitleriyle taşınabilmesi için iki viral protein gereklidir: Kılıf proteini (CP – Coat Protein) ve Yardımcı bileşen proteini (HC – Helper Component)

Saflaştırılmış ZYMV, Papaya ringspot virus ve Watermelon mosaic virus virüsleriyle yapılan in vitro bulaştırma deneylerinde, virüs ile HC proteini arasında belirli düzeyde özgüllük olduğu belirlenmiştir. Ancak tüm durumlarda bir miktar bulaşma yine gerçekleşmiştir.

Yaprak bitiyle taşınma yeteneğini kaybetmiş bazı ZYMV suşları, başka bir potyvirüsle karışık enfeksiyon halinde bulunduğunda tekrar taşınabilir hale gelmiştir. Çünkü diğer virüs eksik olan işlevsel proteini sağlamaktadır. Bu durum "heteroassistance" olarak adlandırılmıştır ve özellikle WMV ile karışık enfeksiyonlarda gözlenmiştir. Ayrıca kılıf proteini eksik olan ve normalde yaprak bitiyle taşınamayan ZYMV-NAT suşunun, PRSV varlığında yaprak bitleriyle taşınabildiği bildirilmiştir.

ZYMV ve *A. gossypii* arasında ilginç bir etkileşim gözlemlenmiştir. A. gossypii'nin enfekteli olmayan bitkilere göre enfekteli bitkiler üzerinde daha uzun yaşadığı ve daha çok ürediği rapor edilmiştir. Aynı zamanda ZYMV' nin yayılmasını artıran daha fazla kanatlı afit formlar oluşturduğu gözlenmiştir (Lecoq & Desbiez, 2012).

Simptomatoloji

ZYMV enfeksiyonunda ortaya çıkan belirtilerin şiddeti; virüs izolatının virülansı, bitki türü ve çeşidi, bitkinin gelişme dönemi, çevresel koşullar ve enfeksiyon zamanına bağlı olarak değişiklik göstermektedir. Özellikle genç bitkilerde meydana gelen erken dönem enfeksiyonları, bitki gelişimini önemli ölçüde baskılayarak daha şiddetli belirtilere ve yüksek verim kayıplarına neden olur. Buna karşılık, gelişmiş bitkilerde meydana gelen geç enfeksiyonlarda belirtiler nispeten hafif seyredebilmekle birlikte, meyve kalitesinde meydana gelen bozulmalar nedeniyle ekonomik kayıplar yine önemli düzeylere ulaşabilmektedir (Desbiez & Lecoq, 1997; Walkey, 2012).

Enfeksiyonun ilk belirtileri genellikle genç yapraklarda damar açılması (vein clearing), açık ve koyu yeşil alanların düzensiz dağılımıyla karakterize mozaik görünümü ve hafif kloroz şeklinde ortaya çıkar (Şekil 2). Hastalık ilerledikçe yapraklarda kabarcıklanma (blistering), kırışıklık (rugosity), daralma, iplikleşme (shoestring), deformasyon ve aşağı doğru kıvrılma gibi tipik belirtiler gelişir (Şekil 3). Şiddetli enfeksiyonlarda bitkiler bodur kalır, boğum araları kısalır ve sürgün gelişimi belirgin şekilde geriler. Fotosentetik yaprak alanının azalması ve bitki gelişiminin baskılanması sonucunda çiçeklenme ve meyve bağlama olumsuz etkilenir (Agrios, 2005; Desbiez & Lecoq, 1997; Lecoq & Desbiez, 2012).

ZYMV enfeksiyonunun en belirgin ekonomik etkileri meyvelerde görülmektedir. Enfekteli bitkilerde oluşan meyveler çoğunlukla normal büyüklüğüne ulaşamaz; şekil bozuklukları, düzensiz yüzey oluşumu, siğilimsi çıkıntılar, sarı-yeşil mozaik desenleri, renk düzensizlikleri ve kabuk deformasyonları meydana gelir. Bazı konukçularda meyve yüzeyinde nekrotik çatlaklar, iç dokularda mermerleşme, sertleşme ve tohum deformasyonları da görülebilmektedir. Özellikle kabakta belirgin iplikleşme ve meyve

deformasyonu, kavunda ise genç yapraklarda nekroza kadar ilerleyebilen şiddetli kloroz dikkat çekici belirtiler arasında yer almaktadır. Salatalık ve karpuzda ise hem yapraklarda hem de meyvelerde şiddetli mozaik, deformasyon ve gelişme geriliği yaygın olarak gözlenmektedir (Coutts vd., 2011; Desbiez & Lecoq, 1997; Lecoq & Desbiez, 2012).

Virüsün neden olduğu belirtilerin şiddeti yalnızca konukçu türüne değil, aynı zamanda ZYMV izolatlarının biyolojik özelliklerine de bağlıdır. Farklı izolatlar arasında virülans ve patojenite bakımından önemli farklılıklar bulunmakta olup, bazı izolatlar hafif mozaik belirtileri oluştururken, bazıları şiddetli bodurlaşma, yaprak deformasyonu ve pazarlanabilir meyve oluşumunun tamamen engellenmesine neden olabilmektedir. Ayrıca çevre sıcaklığı ve bitkinin fizyolojik durumu da belirtilerin ortaya çıkışını ve şiddetini etkileyen önemli faktörler arasında yer almaktadır (Desbiez & Lecoq, 1997; Gal-On, 2007).

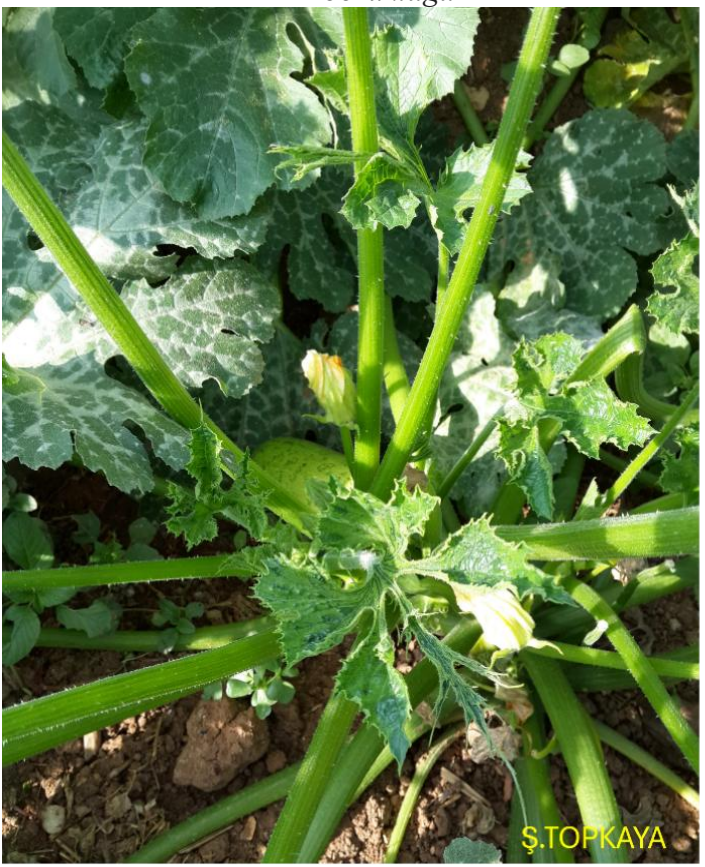
ZYMV enfeksiyonları sonucunda oluşan morfolojik bozukluklar doğrudan verim ve kalite kayıplarına yol açmaktadır. Erken enfeksiyonlarda meyve sayısı ve meyve ağırlığında ciddi azalmalar meydana gelirken, geç enfeksiyonlarda özellikle dış görünüşte oluşan deformasyonlar nedeniyle ürünlerin pazarlanabilirliği önemli ölçüde düşmektedir. Uygun epidemiyolojik koşullarda ve duyarlı çeşitlerde verim kayıplarının %80'e kadar ulaşabildiği, bazı salgın yıllarında ise ekonomik zararların daha yüksek seviyelere çıkabildiği bildirilmektedir (Walkey, 2012; Lecoq & Desbiez, 2012).

Şekil 2. ZYMV'nin kabak yapraklarında oluşturduğu mozaik belirtisi



Kaynak: Şerife TOPKAYA'ya aittir.

Şekil 3. ZYMV ile enfekteli kabak bitkisinde iplikleşme ve şekil bozukluğu



Kaynak: Şerife TOPKAYA'ya aittir.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Bitkilerde virüs enfeksiyonu başladıktan sonra kimyasal bir tedavisi olmadığı için, mücadele yöntemleri tamamen koruyucu önlemlere, vektör kontrolü ve kültürel uygulamalara dayanan entegre mücadele uygulanmalıdır.

ZYMV ile entegre mücadele yöntemleri şu ana başlıklar altında toplanır:

1. **Kültürel Önlemler**

Kültürel işlemler, virüsün tarlaya girişini ve bitkiler arasında mekanik olarak yayılmasını engellemede ilk savunma mekanizmasıdır.

- **Sertifikalı ve Temiz Tohum Kullanımı**: Virüs tohumla düşük oranda da olsa taşınabildiğinden, kesinlikle temiz ve sertifikalı tohum kullanılmalıdır.

- **Dayanıklı/Toleranslı Çeşitler**: Viral hastalıklara karşı etkili bir kimyasal mücadele yöntemi bulunmadığından, dayanıklı veya tolerant çeşitlerin geliştirilmesi ZYMV ile mücadelede en etkili yaklaşım olarak değerlendirilmektedir. Islah edilmiş, ZYMV'ye dirençli ticari çeşitlerin tercih edilmesi en güvenli uzun vadeli çözümdür. Dalda-Şekerci ve ark. (2024) tarafından yürütülen çalışmada Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan kabakgil genotiplerinin ZYMV'e karşı dayanıklılık düzeyleri araştırılmıştır. Çalışma sonuçlarına göre, karpuz genotipleri arasında ZYMV'ye karşı farklı düzeylerde duyarlılık bulunduğu belirlenmiştir. Bunun yanında bazı karpuz ve süs kabağı genotipleri tolerant olarak değerlendirilirken, incelenen tüm kabak genotiplerinin ZYMV'ye duyarlı olduğu ortaya konulmuştur.

Zucchini Sarı Mozaik Virüsü (ZYMV) Dirençliliği ve Moleküler Islah

Moleküler tekniklerdeki son gelişmeler, kabakta (*Cucurbita pepo* L.) ZYMV direnciyle ilişkili spesifik genetik markörlerin tanımlanmasını kolaylaştırmış ve ıslah programlarında **markör destekli seçimi (MAS)** mümkün kılmıştır (Pachner vd., 2015; Sawazaki vd., 2018).

- **Direnç Genleri ve Piramitleme:** Çalışmalarda, direnç dayanıklılığını artırmak amacıyla bir araya getirilebilecek (piramitleme) *Zym-0*, *Zym-1* ve *Zym-2* gibi birkaç baskın

direnç geni tanımlanmıştır (Pachner vd., 2015; Sawazaki vd., 2018).

- **Zym-1 Geninin Kritik Rolü:** *Zym-1* ana geninin, yüksek düzeyde ZYMV direnç ekspresyonu için gerekli olduğu hem fenotipik hem de genotipik olarak rapor edilmiştir (Capuozzo vd., 2017). Bu genin dirençteki temel rolü, analiz edilen popülasyonlarda **SNP1** markörü ile dirençli fenotipler arasındaki yüksek eş-ayrışım (co-segregation) oranıyla da doğrulanmıştır (Capuozzo vd., 2017).
- **Maksimum Dayanıklılık:** *C. pepo* L.'de tanımlanan yedi ZYMV direnç geninin kombinasyon halinde bulunması, maksimum direnç ekspresyonu ve kalıcılığı için temel şarttır; bu genlerin farklı kombinasyonları farklı direnç spektrumları oluştursa da *Zym-1* geninin varlığı her halükarda zorunludur (Pachner vd., 2015). Bu doğrultuda ele alınan çalışmada, moleküler genetik seleksiyon için *Zym-1* geni kullanılmıştır.

ZYMV direnci sağlayan *Zym-1* geninin ZYMV-SNP1 markörü ile taranması ve kabak genotiplerinin agro-morfolojik özelliklerinin belirlenmesi, geleneksel ıslah yöntemlerini modern genetik tekniklerle entegre eden çok boyutlu bir yaklaşımı temsil etmektedir. Bu kapsamlı araştırma, küresel kabak talebi artarken mahsul verimliliğini ve virüslere karşı direncini artırmayı hedeflemenin yanı sıra, sürdürülebilir tarım ve biyolojik çeşitliliğin korunması hedeflerine de önemli katkılar sunmaktadır.

Van Gölü Havzası'ndan toplanan 22 yerel kavun (*Cucumis melo* L.) genotipi ile 3 dayanıklı genotip ve 2 ticari çeşidin Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV)'ye karşı dayanıklılık düzeyleri mekanik inokülasyon ve moleküler belirteç analizleri kullanılarak değerlendirilen çalışmada genotiplere ZYMV'nin şiddetli bir izolatı mekanik olarak inokule edilmiş ve hastalık belirtileri 0–5 skalasına göre değerlendirilmiştir. Sonuçlar, test edilen genotiplerin hiçbirinin ZYMV'ye karşı tolerant, dayanıklı veya immün olmadığını ortaya

koymuştur. Genotiplerde gözlenen hastalık şiddeti %8,80 ile %95,00 arasında değişmiş ve ZYMV' ye karşı farklı düzeylerde duyarlılık bulunduğu belirlenmiştir. Moleküler analizlerde, ZYMV dayanıklılığı ile ilişkili belirteçler de incelenmiştir. SCOPE14541 primeri 21 genotipte bant oluştururken, *Creb-2* dayanıklılık geniyle ilişkili SCAPB051046 primeri yalnızca U6, U13 ve YYU6 genotiplerinde pozitif sonuç vermiştir. Ayrıca ZYMV ve WMV dayanıklılığıyla ilişkili VirSq-F19 primeri, YYU47 genotipi dışında tüm genotiplerde bant oluşturmuştur. *Zym* dayanıklılık geniyle ilişkili dört CAPS primerinden ise yalnızca ikisi başarılı sonuç vermiştir. Araştırma sonuçları, fenotipik olarak ZYMV'ye dirençli kavun genotipi belirlenememesine rağmen, bazı moleküler belirteçlerin gelecekte yürütülecek dayanıklılık ıslahı çalışmalarında kullanılabilecek genetik materyallerin belirlenmesine katkı sağlayabileceğini göstermektedir (Turan & Erdinç, 2022).

- **Yabancı Ot Temizliği**: Tarla içi ve çevresindeki kabakgil yabancı otları (örneğin Eballium elaterium - it hıyarı), virüsün ve vektör yaprak bitlerinin kışlama noktalarıdır. Bu otlar titizlikle imha edilmelidir.

- **Enfekteli Bitkilerin Sökülmesi** (Roguing): Üretim sezonunun başında mozaik, deformasyon veya bodurluk gösteren ilk bitkiler hemen sökülmeli, bir torbaya konularak tarladan uzaklaştırılmalı ve yakılmalıdır.

- **Mekanik Yayılmanın Önlenmesi:** Virüs, budama bıçakları, eller ve aletlerle mekanik olarak kolayca taşınır. Enfekteli bitkiyle temastan sonra eller ve aletler %10'luk trisodyum fosfat (TSP) veya çamaşır suyu çözeltisi ile dezenfekte edilmelidir.

2**. Vektör (Yaprak Biti) Mücadelesi**

ZYMV, yaprak bitleri (Aphididae) tarafından non-persistent (kalıcı olmayan) tarzda taşınır. Yaprak biti virüslü bitkiden emgi yaptıktan sonra saniyeler içinde virüsü kapar ve sağlıklı bitkiye hemen bulaştırır.

- **Malçlama**: Vektörlerin tarlaya gelişini engellemek için gümüş veya alüminyum yansıtıcılı plastik malç kullanımı etkilidir. Bu malçlar gökyüzünden gelen ışığı yansıtarak yaprak bitlerinin yön duygusunu bozar ve bitkiye konmalarını engeller.

- **Agrotextile** (Tül) Kullanımı: Özellikle fide döneminde, tarlanın veya seranın üzeri yaprak biti geçirmeyen gözenekli tüllerle kapatılarak vektör teması tamamen kesilebilir.

- **Yazlık Yağlar**: Bitki yüzeyine uygulanan mineral/yazlık yağlar, yaprak bitinin iğnesindeki (stylet) virüs partiküllerinin bitki dokusuna geçmesini fiziksel olarak zorlaştırır.

Önemli Not (Sistemik İnsektisit Dezavantajı): Yaprak bitlerine karşı sadece kimyasal insektisit kullanmak virüsün yayılmasını engellemede çoğunlukla yetersiz kalır. Çünkü insektisit yaprak bitini öldürmeden önce, bitki panik halinde hızlı emgi yapar ve virüsü daha fazla bitkiye bulaştırabilir. Bu yüzden insektisitler, kültürel önlemlerle kombine edilmelidir.

3. Biyoteknolojik ve Alternatif Yöntemler

- **Zayıf Irk ile Çapraz Koruma (Cross-Protection):** Virüsün hastalık yapma yeteneği zayıflatılmış (atenu edilmiş) bir ırkı, bitkilere fide döneminde inoküle edilir. Bu zayıf ırk, bitkinin bağışıklık sistemini (RNA interference mekanizmasını) uyararak ilerleyen dönemde bitkiyi ZYMV'nin şiddetli ve yıkıcı ırklarına karşı korur.

Kaynaklar

Agrios, G. N. (2005). *Plant Pathology* (5th ed.). Elsevier Academic Press.

Altınay, G. (2017). Tekirdağ ili kabakgil üretim alanlarında görülen viral etmenlerin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi.

Bostan, H., Kaymak, H.Ç. & Haliloğlu, K. (2002). Detection of CMV and ZYMV in squash in Erzurum, Erzincan and Artvin provinces. Journal of Turkish Phytopathology, 31(1), 9-14.

Brunt, A. A. (1996).*Plant viruses online: descriptions and lists from the VIDE database*. University of Idaho.

Capuozzo C, Formisano G, Iovieno P, Andolfo G, Tomassoli L, Barbella M et.al., (2017). Inheritance analysis and identification of snp markers associated with zymv resistance in Cucurbita pepo. Mol Breed. https://doi.org/10.1007/ s11032-017-0698-5

Choi, S. K., Choi, J. K., Park, W. M., & Kim, K. H. (2007). First report of *Zucchini yellow mosaic virus* on cucurbitaceous crops in Korea. *Plant Pathology Journal*, *23*(3), 212–218.

Coutts, B. A., Kehoe, M. A., Webster, C. G., Wylie, S. J., & Jones, R. A. C. (2011). *Zucchini yellow mosaic virus* biological and molecular properties of isolates from Western Australia. *Plant Disease*, *95*(3), 312–319.

Çat, A., Yardımcı, N., Çulal-Kılıç, H. 2016. Antalya ili ve ilçelerindeki örtüaltı hıyar (Cucumis sativus L.) ve kabak (Cucurbita pepo L.) üretim alanlarında viral etmenlerin saptanması. Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 1: 129-132.

Çulal Kılıç, H., Doğan, K., Yardımcı, N. & Isparta, L. (2016). Detection of Zucchini Yellow mosaic virus from cucurbits in Burdur Province, Turkey. Journal of Multidisciplinary Engineering Science and Technology, 3(4), 4510-4512.

Desbiez, C., & Lecoq, H. (1997). *Zucchini yellow mosaic virus*. *Plant Pathology*, *46*(6), 809–829.

Gallie, D. R. (2001). Cap-independent translation conferred by the 5′ leader of tobacco mosaic virus is mediated by cell-type specific factors. *Journal of Virology*, *75*(24), 12141–12152.

Gal-On, A. (2007). *Zucchini yellow mosaic virus*: From molecular biology to inhibition of disease. *Molecular Plant Pathology*, *8*(3), 223–234.

Garrett, K. A., Dendy, S. P., Frank, E. E., Rouse, M. N., & Travers, S. E. (2006). Climate change effects on plant disease: genomes to ecosystems. *Annual review of phytopathology*, *44*, 489–509. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.44.070505.143420

Glasa, M., & Pittnerova, S. (2006). Complete genome sequence of a Slovak isolate of *Zucchini yellow mosaic virus*. *Acta Virologica*, *50*(4), 263–268.

Güller, A. & Usta, M. (2019). Occurrence and characterization of coat protein gene of Zucchini yellow mosaic virus isolate infecting pumpkin in Bingol. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi, 6(4), 798-807.

Hull, R. (2002). *Matthews' plant virology* (4th ed.). Academic Press.

ICTV 2025. International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). (2025). *Virus taxonomy: 2024 release*. https://ictv.global

Jones R. A. (2016). Future Scenarios for Plant Virus Pathogens as Climate Change Progresses. *Advances in virus research*, *95*, 87–147. https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2016.02.004

Kamberoğlu, M.A., Çalışkan, A.F. & Desbiez, C. (2016). Current status of some cucurbit viruses in Çukurova Region and molecular characterization of ZYMV isolates. Romanian Biotechnological Letters, 21(4), 11709-11719.pp 123-130, 37.

Karabiyik, M. & Yeşil, S. (2021). Detection of virus diseases in cucurbit growing areas in Eskişehir province. Journal of Agriculture Faculty of Ege University, 58(4), 591-600.

Karakurt, F. (2015). İstanbul ili karpuz üretim alanlarındaki viral etmenlerin saptanması. Yüksek Lisans Tezi.

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

Kızmaz, M.Z., Sağır, A. & Baloğlu, S. (2016). Diyarbakır ve Mardin illeri kabakgil üretim alanlarında görülen viral hastalıkların belirlenmesi. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 53(4), 397-406.

Korkmaz, F., Topkaya, Ş. & Yanar, Y. (2018). Tokat ili kabakgil üretim alanlarında enfeksiyon oluşturan virüslerin belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Journal of Scientific Research, 7(2), 46-56.

Köklü, G. & Yılmaz, Ö. (2006). Occurrence of cucurbit viruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey. Phytoprotection, 87(3), 123-130.

Lecoq, H., & Desbiez, C. (2008). Watermelon mosaic virus and Zucchini yellow mosaic virus. *Encyclopedia of virology*. *irology*, Academic Press, 2008, 0-12-373935-7.

Lecoq, H., & Desbiez, C., (2012). *Zucchini yellow mosaic virus*. In G. Loebenstein & H. Lecoq (Eds.), *Viruses and virus diseases of vegetables in the Mediterranean basin* (pp. 312–325). Academic Press.

Lecoq, H., & Loebenstein, G. (2012). Viruses of cucurbit crops in the Mediterranean region. In G. Loebenstein & H. Lecoq (Eds.), Viruses and virus diseases of vegetables in the Mediterranean basin (pp. 111–125). Academic Press.

Lisa, V., & Lecoq, H. (1984). Zucchini yellow mosaic virus. AAB Descriptions of Plant Viruses, No. 282.

Ozaslan, M., Aytekin, T., Bas, B., Kılıç, I. H., Afacan, I.D. & Dağ, D.S. (2006). Virus diseases of cucurbits in Gaziantep, Turkey. Plant Pathology Journal, 5(1), 24-27.

Örs, F., Oksal, H.D. & Sipahioğlu, H.M. (2021). Occurrence and molecular characterization of some economically relevant cucurbit viruses in Malatya, Turkey. Alinteri Journal of Agriculture Sciences, 36(1), 14-20.

Pachner M, Paris H, Winkler J, Lelley T (2015) Phenotypic and marker-assisted pyramiding of genes for resistance to Zucchini yellow mosaic virus in oilseed pumpkin (Cucurbita pepo). Plant Breed 134(1):121–128. https://doi.org/10. 1111/pbr.12219

Provident, R. (1996) Disease Caused by Viruses. In: Zitter T.A., Hopkins, D.L. and Thomas, C.E., Eds., Compendium of Cucurbit Diseases, APS Press, St. Paul, 37-45.

Revers, F., Le Gall, O., Candresse, T., & Maule, A. J. (1999). New advances in potyvirus-host interactions. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, *12*(5), 367–376.

Sarı, M., Karanfil, A., & 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.

Sawazaki H, Yuki V, Ortiz M, Banja W, Marubayashi J, Fonseca K et., al (2018) Markers for rapid evaluation of virus resistance for tylcv in tomato, zymv and prsv-w in zucchini and lmv in lettuce and hybrid seeds in pumpkin. Am J Plant Sci 9(11):2205–2216. https://doi.org/10.4236/ajps. 2018.911159

Siaw, M. F., Shahabuddin, M., Ballard, S., Shaw, J. G., & Rhoads, R. E. (1985). Identification of a protein covalently linked to the 5′ terminus of tobacco vein mottling virus RNA. *Virology*, *142*(1), 134–143.

Topkaya, S., Desbiez, C. & Ertunc, F. (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.

Turan, S., & Erdinç, Ç. (2022). Van Gölü Havzası'ndan Toplanan Bazı Kavun Genotiplerinde Virüse Karşı Dayanıklılığın Mekanik İnokulasyon ve Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi *Tarim ve Doga Dergisi*, *25*(4), 735.

Urcuqui-Inchima, S., Haenni, A. L., & Bernardi, F. (2001). Potyvirus proteins: A wealth of functions. *Virus Research*, *74*(1-2), 157–175.

Walkey, D. G. A. (2012). *Applied plant virology* (2nd ed.). Springer Science & Business Media.

Yeşil, S. (2013). Konya, Karaman ve Aksaray illeri kabakgil ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının serolojik ve moleküler yöntemlerle tespiti. Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi.

Yeşil, S. (2020). Detection of some virus diseases of edible seed squash in Nevşehir Province, Turkey. Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences, 34(1), 49-56.

Yılmaz, M. A., & Davis, R. F. (1985). Identification of *Zucchini yellow mosaic virus* in the Mediterranean region of Turkey. *Journal of Turkish Phytopathology*, *14*(1), 1–8.

BÖLÜM 7

Polerovirus CABYV (Cucurbit aphid-borne yellows virus, CABYV)

SERKAN YEŞİL[1]

Giriş

Kabakgil bitkileri; Plantae alemi, Magnoliophyta şubesi, Magnoliopsida sınıfı, Cucurbitales takımı, Cucurbitaceae familyasında bulunmaktadır. Bu familya 119 cins ve 825 tür içermektedir. Dünya'nın tropikal ve subtropikal bölgelerinde kabakgil bitkilerinin üretimi yapılmaktadır. Kavun (*Cucumis melo* L.), hıyar (*Cucumis sativus* L.), kabak (*Cucurbita pepo* L.), karpuz (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai), bal kabağı (*Cucurbita moschata* L.), kestane kabağı (*Cucurbita maxima* L.) ve acur (*Cucumis anguria* L.) bu familyada üretimi yapılan türlerdir (Günay, 1992). Türkiye, Dünya'da en fazla sebze üreten ülkelerden bir tanesi konumundadır. FAO 2024 yılı üretim verilerine göre Dünya'da üretimi yapılan kabakgil bitkileri arasında ülkemiz, hıyar üretiminde 1.742.900 ton ile üçüncü, karpuz 3.198.000 tonluk üretim ile üçüncü, kavun üretiminde 1.479.000 ton ile dördüncü ve ve kabak

[1] Doçent Doktor, Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0001-5033-0452

üretiminde ise 741.952 ton üretim ile dokuzuncu sırada yer almaktadır (FAO, 2026).

Kabakgil tarımı yapılan arazilerde verim ve kaliteyi olumsuz etkileyen hastalıklar arasında fungal, bakteriyel ve viral etmenler önemli bir yer almaktadır. Viral hastalıklara karşı kimyasal mücadelenin olmayışı virüs hastalıklarını önemli hale getirmektedir. Kabakgiller dünya çapında 60 virüs tarafından hastalandırılabilmekte ve her geçen gün ise bu virüslere yeni bir virüs tespit edilerek eklenmektedir (Provvidenti, 1996; Lecoq & Desbiez, 2012; Romay vd., 2014). Günümüzde, kabakgil bitkilerinde enfeksiyon yapma potansiyeline sahip olan virüs türü sayısının 96'ya yükseldiği bildirilmektedir (Khanal vd., 2021) Dünya'da ZYMV, CMV, SqMV, WMV, CABYV ve PRSV-W kabakgillere zarar veren en yaygın ve ekonomik olarak da en önemli virüsler olarak kabul edilmektedir (Bananej & Vahdat, 2008; Lecoq & Desbiez, 2012; Kone vd., 2017; Zarzyńska-Nowak vd., 2019; Menzel vd., 2020). Türkiye'de ise yine aynı virüslerin yaygın olduğu bildirilmiştir (Erdiller & Ertunç, 1988; Yılmaz vd., 1992; Köklü & Yilmaz, 2006; Kaya & Erkan, 2011; Topkaya & Ertunc, 2012; Yeşil, 2013; Yeşil, 2019; 2020; Usta vd., 2020).

Tarihsel olarak kabakgillerde en çok çalışılan virüsler mozaik ve nekroz oluşturan virüsler olsa da, 1980'li yıllardan itibaren kabakgil yetiştirme alanlarında gözlemlenen "kloroz-sarılık" belirtileri büyük dikkat çekmiştir.

Magnezyum veya mangan gibi besin elementi eksiklikleriyle sıklıkla karıştırılan bu belirtinin en olası sebeplerinden bir tanesi viral etmenlerden biri *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV) olarak tespit edilmiştir. CABYV, ilk defa 1992 yılında Fransa'da Lecoq ve çalışma arkadaşları tarafından kavun ve hıyar bitkilerinde tanımlanmıştır (Lecoq vd., 1992). Tespit edilmesinin ardından, CABYV, afit vektörlerinin geniş yayılış alanları sayesinde küresel bir tehdit halini almıştır (Mnari-Hattab vd., 2009).

Taksonomi ve Genomik Özellikler

Bu virüs, önceleri *Luteoviridae* familyasında sınıflandırılmış olsa da güncel virolojik taksonomide *Solemoviridae* familyasının *Polerovirus* cinsi içerisinde yer almaktadır ve virüs binomial isimlendirilme sisteminde *Polerovirus CABYV* olarak isimlendirilmiştir (Pouraziz vd., 2023).

CABYV genomu, yaklaşık 5.7 kb (kilobaz) uzunluğunda, tek iplikçikli ve pozitif sarmallı bir RNA (ssRNA+) molekülünden oluşmaktadır (Kwak vd., 2018). Poleroviruslerin tipik bir özelliği olarak viral genom, ~200 nükleotitlik kodlanmayan bir iç bölge (Internal Region - IR) ile birbirinden ayrılan altı ana Açık Okuma Çerçevesi (ORF) içermektedir. İlk üç ORF (ORF 0, 1 ve 2) genomik RNA'dan eksprese edilirken, diğer dördü (ORF 3, 3a, 4 ve 5) bir subgenomik RNA'dan (sgRNA1) eksprese edilir. Ek bir ORF olan ORF6 ise ikinci bir subgenomik RNA'dan (sgRNA2) eksprese edilebilir (Ashoub vd., 1998).

ORF 0 (P0): Viral RNA susturucu baskılayıcı (silencing suppressor) proteini kodlar. Bitkinin savunma mekanizmalarını alt etmede görevlidir.

ORF 1 (P1): Serin proteaz aktivitesine sahip poliproteini kodlar.

ORF 2 (P2): Ribozomal okuma kayması (frameshift) yoluyla P1 ile birleşerek RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (RdRp) enzimini oluşturur (Kwak vd., 2018).

ORF 3 (P3): Kapsit proteinini (CP) kodlar; partikül paketlenmesi ve hücre içi birikimde rol alır.

ORF 4 (P4): Hücreden hücreye hareketi sağlayan hareket proteinini (MP) kodlar.

ORF 5 (P5): ORF 3'ün sonundaki stop kodonunun okunmadan geçilmesiyle (readthrough) üretilen P3-P5 birleşik

proteinini kodlar. Bu protein, virüsün afitlerle taşınması için zorunludur (Kassem vd., 2013).

Genetik analizler, CABYV popülasyonlarının dünya genelinde Asya (Asian), Akdeniz (Mediterranean), Tayvan (Taiwanese) ve Rekombinant (R) olmak üzere dört ana gruba ayrıldığını göstermiştir (Kwak vd., 2018).

Ekonomik Önemi

Bu virüsün ilk teşhisi yakın zamana dayansa da, günümüzde farklı ekolojik koşullara sahip birçok bölgede açıkta yetiştirilen kabakgillerde en yaygın görülen virüslerden biridir (Lecoq, 1999). Ayrıca son yıllarda, ılıman ve Akdeniz iklimine sahip bölgelerde virüsün yaygınlığı artış göstermiştir (Ahsan vd., 2020; Juarez vd., 2013; Kassem vd., 2007; Lecoq, 1999; Mnari-Hattab vd., 2009; Tomassoli & Meneghini, 2007). Buna ek olarak CABYV; iklim değişikliklerinin vektörlerin varlığını sürdürmesine ve dolayısıyla sıcak iklimlere özgü vektör kaynaklı hastalıkların ortaya çıkmasına yol açtığı Kuzey Avrupa ülkelerinde de tanımlanmıştır (Mehle vd., 2020; Menzel vd., 2020; Zarzyńska-Nowak vd., 2019). CABYV' nin meyvelerde ciddi belirtilere yol açtığı bilinmemekle birlikte, virüsle enfekte olmuş bitkilerde meyve sayısında azalma ve çiçek dökümü görüldüğü yakın zamanda bildirilmiştir (Menzel vd., 2020; Rabadán vd., 2021). Sıcaklık artışlarının ve CABYV' yi taşıyan vektörlerin varlığını sürdürmesinin, CABYV görülme sıklığındaki artıştan sorumlu olması muhtemeldir. Bunun doğrudan bir sonucu olarak, yakın zamanda İspanya'nın güneydoğusunda gözlemlenenlere benzer şekilde, daha agresif CABYV varyantları daha hızlı bir şekilde ortaya çıkabilmektedir (Rabadán vd., 2021).

CABYV enfeksiyonunun ekonomik bilançosu temelde iki ana faktör üzerinden ölçülmektedir. Bunlar; doğrudan ürün kaybı ve pazar değerini düşüren kalite bozulmaları olarak iki alt başlıkta incelenebilir.

Kantitatif (Miktarsal) Kayıplar: CABYV, bitkinin fotosentetik kapasitesini düşürerek büyüme geriliğine ve çiçek/meyve dökümlerine yol açar. Fransa ve İspanya'da yapılan kontrollü arazi çalışmalarında, CABYV ile erken dönemde enfekte olan kavun ve hıyar bitkilerinde %40 ila %50 arasında doğrudan verim kayıpları rapor edilmiştir (Lecoq vd., 1992). Sera koşullarında bu oran, vektör yoğunluğuna bağlı olarak %60'lara kadar çıkabilmektedir.

Kalitatif (Niteliksel) Kayıplar: Meyve sayısındaki azalmanın yanı sıra, virüs meyve gelişimini de olumsuz etkiler. Enfekte kavunlarda meyve boyutunun küçüldüğü, kabuk dokusunda deformasyonlar oluştuğu ve en önemlisi pazarlanabilirlik için kritik olan meyve içi şeker oranının (Brix derecesi) belirgin şekilde düştüğü kanıtlanmıştır (Lecoq & Desbiez, 2012). Düşük şeker oranı ve zayıf meyve kalitesi, ürünün ihracat standartlarını karşılayamamasına ve doğrudan ıskartaya ayrılmasına neden olmaktadır.

Günümüzde polerovirüslerle mücadelenin en etkili ve sürdürülebilir yolu, genetik olarak dayanıklı çeşitlerin kullanılmasıdır. Ancak CABYV'ye karşı tam dayanıklılık sağlayan ticari kabakgil çeşitleri (özellikle kavun ve kabakta) henüz yaygın olarak geliştirilebilmiş değildir. Islah programlarında yabani akrabalardan (örneğin *Cucumis melo* var. *agrestis* hatları) dayanıklılık genlerinin aktarılmaya çalışılması, milyonlarca dolarlık Ar-Ge bütçeleri ve uzun yıllar gerektiren pahalı bir süreçtir (Kassem vd., 2013). Bu ticari boşluk, üreticileri sürekli vektör kontrolüne ve dolayısıyla yüksek üretim maliyetlerine mahkûm etmektedir.

Türkiye’deki Durumu

Yayılım

Türkiye, sebze yetiştiriciliğinde dünyanın önde gelen ülkelerinden biridir. Türkiye'de CABYV'nin varlığına dair ilk resmi kayıt, 2007 yılında Isparta yöresindeki kabakgil alanlarında yapılan sürvey çalışmalarıyla ortaya konmuştur. Yardımcı & Özgönen (2007), DAS-ELISA yöntemiyle yaptıkları analizlerde, incelenen kavun, karpuz, kabak ve hıyar örneklerinin %30 ila %100 arasında değişen yüksek oranlarda CABYV ile enfekte olduğunu bildirmişlerdir. Bu durum, virüsün yeni giriş yapmadığını, aksine bölgede uzun süredir var olduğunu ve afit popülasyonlarının yoğunluğu sayesinde yerleşik hale geldiğini göstermiştir.

İlerleyen yıllarda yapılan moleküler ve serolojik çalışmalar, virüsün Isparta ile sınırlı kalmadığını ortaya koymuştur. Kamberoğlu vd. (2016), Adana ilindeki kabakgil üretim alanlarında yaptıkları çalışmalarda CABYV enfeksiyonlarının yüksek oranlarda bulunduğunu tespit etmiştir. Antalya, Hatay ve Muğla gibi örtü altı yetiştiriciliğinin yoğun olarak yapıldığı illerde de CABYV' nin geniş alanlara yayıldığı rapor edilmiştir (Topkaya & Desbiez, 2020). Virüs, sadece sıcak Akdeniz ikliminde değil, Eskişehir, Nevşehir, Niğde, Yozgat, Aksaray (Yeşil, 2021), Ankara, Burdur ve Tokat illerindeki tarım alanlarında da tespit edilmiştir (Topkaya & Desbiez, 2020). Özellikle Ankara ve Tokat'ta saptanması, virüsün farklı ekolojik koşullara ve sıcaklık rejimlerine adapte olabildiğinin bir kanıtıdır. Eskişehir'de çerezlik kabak üretim alanlarında yapılan yakın tarihli bir araştırmada CABYV, sahadaki en yaygın virüslerden biri (%49.35) olarak bulunmuştur (Karabıyık & Yeşil, 2021).

Tablo 1. Kabakgil afit-kaynaklı sarılık virüsünün tespit edilen konukçuları

Türkçe Adı	**Bilimsel Adı**	**Bitki Tipi / Familya**	**Kaynak**
Kavun	*Cucumis melo*	Birincil Kültür Bitkisi Cucurbitaceae	Lecoq vd., 1992
Kabak / Çerezlik Kabak	*Cucurbita pepo*	Birincil Kültür Bitkisi Cucurbitaceae	Juarez vd., 2004;
Hıyar (Salatalık)	*Cucumis sativus*	Birincil Kültür Bitkisi Cucurbitaceae	Lecoq vd., 1992
Karpuz	*Citrullus lanatus*	Birincil Kültür Bitkisi Cucurbitaceae	Lecoq vd., 1992
Marul	*Lactuca sativa*	Alternatif Kültür Bitkisi Asteraceae	Lecoq vd., 1992
Bakla	*Vicia faba* L.	Alternatif Kültür Bitkisi Fabaceae	Buzkan vd., 2017
Yer Fıstığı	*Arachis hypogaea* L.	Alternatif Kültür Bitkisi Fabaceae	Mabele vd., 2023
Çarkıfelek Meyvesi	*Passiflora edulis* Sims	Alternatif Kültür Bitkisi Passifloraceae	Vidal vd., 2023
Yemeklik / Yem Pancarı	*Beta vulgaris* L.	Alternatif Kültür Bitkisi Amaranthaceae	Lecoq vd., 1992
Çoban Çantası	*Capsella bursa-pastoris*	Yabancı Ot / Rezervuar Brassicaceae	Mnari-Hattab vd., 2009
Kanarya otu	*Senecio vulgaris*	Yabancı Ot / Rezervuar Asteraceae	Lecoq vd., 1992

Eşek Hıyarı	*Ecballium elaterium*	Yabancı Ot / Rezervuar Cucurbitaceae	Mnari-Hattab vd., 2009
Yabani Asma	*Bryonia dioica* Jacq.	Yabancı Ot / Rezervuar Cucurbitaceae	Knierim vd., 2010
Ballıbaba	*Lamium amplexicaule* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Lamiaceae	Lecoq vd., 1992
Misk Bamyası	*Abelmoschus moschatus* Medik.	Yabancı Ot / Rezervuar Malvaceae	Verma vd., 2023
Sisymbrium irio L.	Londra Roketi	Yabancı Ot / Rezervuar Brassicaceae	Vafaei & Mahmoodi, 2017
Ebu Cehil Karpuzu	*Citrullus colocynthis* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Cucurbitaceae	Vafaei & Mahmoodi, 2017
Tek Tohumlu Dikenli Hıyar/ İtdolanbacı	*Sicyos angulatus* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Cucurbitaceae	Vidal vd., 2018
Kazayağı	*Chenopodium murale* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Amaranthaceae	Lecoq vd., 2020
Köpek Üzümü	*Solanum nigrum* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Solanaceae	Lecoq vd., 2020
Eşek Marulu	*Sonchus oleraceus* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Asteraceae	Lecoq vd., 1992
Kırmızı Köklü Tilki Kuyruğu	*Amaranthus retroflexus* L.	Yabancı Ot / Rezervuar Amaranthaceae	Karabıyık & Yeşil, 2021

Taşınma Yolları

Virüslerin bitkilere bulaşma şekilleri, tarımsal mücadele stratejilerinin temelini oluşturmaktadır. Birçok bitki virüsü temas, tohum veya polen yoluyla bulaşabilirken, *Polerovirus* cinsinin bir üyesi olan CABYV son derece spesifik bir bulaşma rotasına sahiptir. CABYV, konukçu bitkinin yalnızca floem dokusunda çoğalır ve mezofil hücrelerinde bulunmamaktadır. Bu dokusal kısıtlama, virüsün dış çevreye salınmasını engeller ve virüsü yeni konukçulara taşımak için floem özsuyu ile beslenen böceklere (yaprakbitleri) mutlak bağımlı hale getirir (Lecoq vd., 1992). CABYV, *Aphis gossypii* Glover, *Myzus persicae* Sulzer ve *Macrosiphum euphorbiae* Thomas gibi yaprakbiti türleri ile persistent ve sirkülatif olarak taşınabilmektedir fakat virüs böcek bünyesinde çoğalamaz (Dogimont vd., 1996; Lecoq vd., 1992). Bununla birlikte, Brezilya'daki görünüşte yaprakbitleri ile bulaşık olmayan kavun tarlalarında CABYV'nin tespit edilmesi, belirlenen izolatın, yani rekombinant varyantın, vektör özgüllüğünü değiştirerek sadece beyazsinek (*Bemisia tabaci*) ile taşınabileceği varsayımına yol açmıştır (Costa vd., 2020),

CABYV partikülleri, bulaşık hıyar bitkilerinden elde edilen bitki özsuyunda geçirimli elektron mikroskobu ile gözlemlenmiş (Boissinot vd., 2014), ancak CABYV'nin floem özsuyundaki stabilitesine rağmen, CABYV'nin mekanik veya tohum yoluyla taşınamadığı saptanmıştır (d'Arcy vd., 2005; Dogimont vd., 1997; Lecoq, 1999). Patates yaprak kıvrılma virüsü (PLRV) de dahil olmak üzere birkaç polerovirüs için aşı yoluyla bulaşabilme tanımlanmış olsa da, CABYV'nin aşı materyali ile taşınmadığı bilinmektedir (Chiaki & Ito, 2020; Li vd., 2018).

Simptomatoloji

Virüs hastalıklarının arazideki teşhisi, büyük ölçüde bitkinin gösterdiği makroskobik simptomlara göre yapılmaktadır. Ancak

CABYV, kabakgil yetiştiriciliğinde uzun yıllar "gizli" kalmış bir patojendir. Bunun temel nedeni, virüsün neden olduğu belirtilerin tarımsal stres faktörleriyle (besin eksikliği, yaşlanma) büyük benzerlik göstermesidir. Bu virüs enfeksiyonunun oluşturduğu başlıca belirti, yaşlı yaprakların sararmasıdır; bu yapraklar giderek kalınlaşır ve kırılgan hale gelir (Şekil 1, 2). Nişasta birikimi ve yaprak kuruması nedeniyle bazal yapraklarda nekrotik halkalar oluşabilir ve sonunda bitki ölebilir. Belirti şiddeti, bitki türüne, virüs izolatına, enfeksiyon zamanındaki bitki gelişim aşamasına ve çevresel koşullara bağlıdır. Belirtiler, birkaç yaşlı yaprakla sınırlı sararmadan tüm bitkinin renk değişimine kadar değişebilir (Lecoq vd., 1992). CABYV enfeksiyonu meyve kalitesini etkilemez, ancak çiçek dökülmesini teşvik etmesi sebebiyle meyve üretimini azaltır (Lecoq vd., 1992). Son zamanlarda, artan sararma ve damarlar arası kloroz belirtilerine yol açan yeni ve ortaya çıkan CABYV varyantları tanımlanmıştır (Rabadán vd., 2021). Kabakgillerde CABYV ile beraber veya karışık enfeksiyonların belirti ortaya çıkışına etkisi detaylı şekilde ele alınmamış olsa da, karışık enfeksiyonların bitki belirtilerini şiddetlendirebileceği düşünülebilir (Moreno & López-Moya, 2020). Bu durum, beyazsinekler tarafından taşınan Kabakgil sarı bodurlaşma bozukluğu virüsü (CYSDV, *Crinivirus*) ve Hıyar damar sarılığı virüsü (CVYV, *Ipomovirus*) ile enfekte edilen kabaklarda bildirilmiştir. Tekli enfeksiyonlarında, bitkilerde belirti oluşturmadığı veya hafif belirtiler görülmüşken, bu iki virüs aynı bitkide karışık enfeksiyonlara sebep olduğunda şiddetli belirtilerin ortaya çıktığı gözlenmiştir (Gil-Salas vd., 2011).

Şekil 1. Kabakgil afid kaynaklı sarılık virüsü ile bulaşık bitkilerin bulunduğu bir bahçe



Kaynak: Karabıyık & Yeşil, 2021

Şekil 2. Kabakgil afid kaynaklı sarılık virüsü ile bulaşık çerezlik kabak bitkisi.



Kaynak: Karabıyık & Yeşil, 2021

Teşhis

Bu virüsün konukçu bitkilerinde oluşturduğu makroskobik belirtilerine bakılarak teşhis edilebilmesi çoğu zaman oldukça zordur, çünkü diğer virüs enfeksiyonları, fizyolojik bozukluklar ve besin maddesi eksiklikleri benzer sararma belirtilerine yol açabilir. Bu sebeple bu virüsün kesin teşhisi neredeyse tamamen laboratuvar altyapısına dayanmaktadır Sürvey çalışmalarında binlerce örneğin hızlı taranması için DAS-ELISA hala kullanışlı bir ön eleme aracı olsa da; kesin tanılama için, çapraz reaksiyonların elenmesi ve karma enfeksiyonların tespiti için spesifik primerlerin kullanıldığı RT-PCR ve Multipleks PCR yöntemleri zorunludur. Örneğin Tissue-Print, CABYV-RNA probları kullanılarak Dot-Blot hibridizasyonu (Kassem vd., 2007), CABYV'ye özgü primerlerle RT PCR ve qRT-PCR (Kassem vd., 2013; Rabadán vd., 2021). Günümüzde ise

Yüksek Verimli Dizileme (HTS) teknolojileri, sadece CABYV'nin varlığını doğrulamakla kalmayıp, virüsün taksonomik statüsünü, genomik evrimini ve yeni rekombinant suşlarını belirleyerek moleküler tanı standartlarını en üst seviyeye taşımıştır (Maachi vd., 2022).

Epidemiyoloji

Bitki virüs hastalıklarının epidemiyolojisi; patojen, konukçu bitki, çevresel faktörler ve vektör organizma arasındaki karmaşık etkileşimlerin bir sonucudur. Bir *Polerovirus* olan CABYV'nin epidemiyolojisi, tohum veya mekanik yolla taşınmadığı için tamamen afid (yaprakbiti) vektörlerinin biyolojisine ve hareketlerine bağımlıdır.

Epidemiyolojik açıdan CABYV'yi tehlikeli kılan en önemli faktör, neden olduğu sararma (kloroz) simptomlarının besin noksanlıklarıyla karıştırılması sonucu tarladaki varlığının uzun süre fark edilememesidir. Bu "sessiz yayılım", virüsün geniş coğrafyalara endemik olarak yerleşmesine olanak tanımıştır (Lecoq & Desbiez, 2012).

CABYV epidemiyolojisinin itici gücü, virüs ile vektör böcekler arasındaki etkileşimdir. Virüs sirkülatif ve propagatif olmayan bir yolla taşınır; yani virüs böceğin içinde çoğalmaz ancak böcek hayatı boyunca virüsü bulaştırma yeteneğini korur. Tarlada epidemileri başlatan ve yayan en önemli vektör pamuk yaprak biti olan *Aphis gossypii*'dir. Bunu *Myzus persicae* ve *Macrosiphum euphorbiae* izler (Lecoq vd., 1992). Fransa'da yapılan laboratuvar testlerinde, *A. gossypii* bireylerinin tek bir hastalıklı bitkiden beslendikten sonra %70 ila %80 gibi çok yüksek bir etkinlikle virüsü sağlıklı bitkilere aktarabildiği kanıtlanmıştır.

Epidemiyolojik döngüde kanatlı afidler virüsü yeni tarlalara ve uzak mesafelere taşıyarak "birincil (primer) enfeksiyonları" başlatır. Tarlaya yerleşen ve hızla çoğalan kanatsız formlar ise

bitkiden bitkiye geçerek hastalığın tarla içindeki "ikincil (sekonder) yayılımını" gerçekleştirir (Kassem vd., 2013).

Bu virüsün bir tarım alanında yıldan yıla varlığını sürdürebilmesi kış mevsimini nasıl geçirdiğine bağlıdır. Virüs, kültür bitkilerinin (kavun, hıyar, kabak) bulunmadığı kış aylarında, tarla kenarlarında veya seraların çevresinde büyüyen yabancı otlara sığınır. Akdeniz Havzası'nda yapılan geniş çaplı saha çalışmalarında, *Capsella bursa-pastoris* (çoban çantası), *Senecio vulgaris* (kanarya otu), *Lamium amplexicaule* ve *Papaver rhoeas* (gelincik) gibi çok yaygın yabancı otların CABYV için mükemmel birer kışlık rezervuar olduğu belirlenmiştir (Kassem vd., 2013). İlkbaharda havaların ısınmasıyla birlikte bu enfekte yabancı otlarda çoğalan afidler kanatlanır ve yeni dikilmiş, taze kabakgil fidelerine göç eder. Erken dönemde gerçekleşen bu bulaşmalar, en yüksek verim kaybına neden olan epidemiyolojik tablolardır.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Virüs hastalıklarının doğrudan bir kimyasal mücadelesi bulunmamaktadır. Bu nedenle bitki virolojisinde hastalık yönetimi, her zaman "koruyucu" önlemlere dayanır. CABYV özelinde mücadele stratejileri, enfeksiyon döngüsünün en zayıf halkalarını hedef almak zorundadır. Bunlar; virüsün kışlık rezervuarları, vektörün (afidin) bitkiye ulaşması ve bitkinin genetik duyarlılığıdır (Lecoq & Desbiez, 2012).

Bu virüsün mekanik yolla bulaşmaması, sera ve tarladaki işçilik faaliyetlerinin (budama, hasat) hastalık yayılımında rol oynamadığı anlamına gelir. Odak noktası tamamen afid-bitki-virüs üçgeninin kırılmasıdır.

CABYV'nin doğadaki en önemli inokulum kaynağı yabancı otlardır. *Capsella bursa-pastoris*, *Senecio vulgaris* ve *Lamium*

amplexicaule gibi bitkiler, kış mevsiminde hem virüsü hem de enfektif afidleri barındırır (Kassem vd., 2013). Tarla hazırlığı aşamasında ve üretim sezonu boyunca, tarlanın içinde ve sınırlarında bulunan bu yabancı otların mekanik veya herbisitlerle yok edilmesi, ilkbahardaki "birincil inokulum" baskısını önemli ölçüde düşürür.

Örtüaltı (sera) üretiminde fiziksel engeller en etkili koruma yöntemlerinden biridir.

Sera havalandırma açıklıklarının, afidlerin geçemeyeceği incelikte (genellikle 50 mesh ve üzeri) tüllerle kapatılması, virüs taşıyan vektörlerin girişini engeller (Lecoq & Desbiez, 2012).

Açık alanda, bir başka ifadeyle, tarla üretiminde, bitki yataklarının gümüş renkli veya alüminyum kaplı plastik malçlarla örtülmesi, gökyüzünden gelen UV ışınlarını yansıtarak afidlerin yön bulma (navigasyon) yeteneğini bozar (Goggin, 2007). Bu durum, afidlerin tarlaya inmesini ve CABYV'yi bulaştırmasını geciktirir.

CABYV sirkülatif bir virüstür. Afidin virüsü sağlıklı bitkiye bulaştırabilmesi için uzun süreli bir beslenme periyoduna (dakikalar ile saatler arası) ihtiyacı vardır (Brault vd., 2010). Bu biyolojik gerçeklik, kimyasal mücadeleye bir avantaj sağlar; çünkü insektisit, böcek henüz virüsü iletemeden onu öldürmek için yeterli zamana sahip olur.

Sistemik insektisitler (özellikle neonikotinoid sınıfı), böceğin floemden beslenmesini engelleyerek CABYV aktarımını ciddi oranda düşürür. Ancak *Aphis gossypii* gibi ana vektörler, bu kimyasallara karşı çok hızlı ve yüksek düzeyde genetik dayanıklılık geliştirmiştir (Goggin, 2007). Ayrıca, yoğun ilaç kullanımı doğal düşmanları öldürerek ikincil zararlı patlamalarına yol açmaktadır.

Özellikle sera koşullarında *Aphidius colemani* gibi parazitoit yaban arılarının veya *Coccinella septempunctata* (Uğur böceği) gibi

predatörlerin salınımı, afid popülasyonunu baskılamada etkili ve çevre dostu bir yaklaşımdır.

CABYV ile mücadelenin en sürdürülebilir, ekonomik ve kalıcı yolu, virüse karşı genetik olarak dayanıklı veya toleranslı kültür bitkisi çeşitlerinin geliştirilmesidir. Son yirmi yılda klasik ıslah ve moleküler genetik, bu alanda büyük ilerlemeler kaydetmiştir.

Kavunda (*Cucumis melo*) tanımlanan Vat (Virus aphid transmission) geni, bitkinin doğrudan *Aphis gossypii* beslenmesine karşı geliştirdiği morfolojik ve kimyasal bir savunma mekanizmasıdır (Dogimont vd., 1996). *Vat* genini taşıyan çeşitlerde afidler beslenmekten kaçınır veya ölür, bu da dolaylı olarak CABYV'nin inokülasyon oranını düşürür. Ancak bu gen virüsün kendisine karşı bir direnç sağlamaz; başka bir afid türü (örn. *Myzus persicae*) veya aşırı yüksek böcek yoğunluğu bu bariyeri aşabilir.

Bilim insanları, doğrudan CABYV çoğalmasını ve bitki içi hareketini durduran genleri bulmak için kabakgillerin yabani akrabalarını taramışlardır.

Hindistan kökenli yabani kavun varyetesi olan *Cucumis melo* var. *agrestis* (özellikle PI 161375 hattı) ve İspanyol TGR-1551 hattı, CABYV'ye karşı yüksek doğal direnç göstermektedir (Palomares-Rius vd., 2011). Araştırmalar, bu direncin poligenik (birden fazla gen tarafından kontrol edilen) olduğunu ve belirli Kantitatif Sınır Bölgelerine (QTL - Quantitative Trait Loci) haritalandığını göstermiştir.

Günümüzde moleküler işaretleyici destekli seleksiyon (MAS-Marker-Assisted Selection) kullanılarak, bu yabani hatlardaki direnç genleri, ticari değeri yüksek, lezzetli tatlı kavun ve hıyar çeşitlerine aktarılmaktadır. CABYV' ye toleranslı ilk ticari çeşitler özellikle Avrupa pazarında yerini almaya başlamıştır.

Tek bir yöntemin CABYV' yi tamamen yok edemeyeceği bilimsel bir gerçektir. Bu nedenle modern tarım, Entegre Zararlı Yönetimini (IPM) zorunlu kılar.

Başarılı bir IPM stratejisi şu adımlar gerçekleştirmelidir:

- Üretime başlarken CABYV toleranslı genetik çeşitlerin seçilmesi.
- Erken enfeksiyonları önlemek için tohum/fide yataklarında gümüş malçlar ve sera havalandırmalarında böcek tülleri kullanılması.
- Tarla kenarlarındaki rezervuar yabancı ot florasının herbisitler veya fiziksel yollarla sıkı kontrolü.
- Vektör yoğunluğunun sarı yapışkan tuzaklarla izlenmesi ve kimyasal uygulamanın sadece ekonomik zarar eşiği aşıldığında, dayanıklılık gelişimini önlemek için etki mekanizması farklı aktif maddeler dönüşümlü kullanılarak yapılması.

Kaynakça

Ahsan, M., Ashfaq, M., Mukhtar, T., Abbasi, N. A., & Asad, Z. (2020). First report of cucurbit aphid borne yellows virus (CABYV) infecting melon in Pakistan. Journal of Plant Pathology, 102, 563-564. https://doi.org/10.1007/s42161-019-00450-z

Ashoub, A., Rohde, W., &Prüfer, D. (1998). In planta transcription of a second subgenomic RNA increases the complexity of the subgroup 2 luteovirus genome. *Nucleic Acids Research,* 26 (2), 420-426. DOI: https://doi.org/10.1093/nar/26.2.420

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

Boissinot, S., Erdinger, M., Monsion, B., Ziegler-Graff, V., & Brault, V. (2014). Both structural and non-structural forms of the readthrough protein of cucurbit aphid-borne yellows virus are essential for efficient systemic infection of plants. *PLoS One*, 9(4), e93448. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093448

Brault, V., Uzest, M., Monsion, B., Jacquot, E., & Blanc, S. (2010). Aphid transmission of plant viruses. *Journal of Plant Pathology*, 92(1_sup), S4-23.

Buzkan, N., Arpaci, B., & Apalak, A. (2017). First report of Cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) in *Vicia faba*. *New Disease Reports*, 35, 13. https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2017.035.013

Chiaki, Y., & Ito, T. (2020). Complete genome sequence of a novel putative polerovirus detected in grapevine. Archives of Virology, 165, 1007-1010. https://doi.org/10.1007/s00705-020-04544-3

Costa, T. M., Inoue-Nagata, A. K., Vidal, A. H., Ribeiro, S. G., & Nagata, T. (2020). The recombinant isolate of cucurbit aphid-borne yellows virus from Brazil is a polerovirus transmitted by whiteflies. *Plant Pathology*, 69, 1042-1050. https://doi.org/10.1111/ppa.13186

D'Arcy, C. J., & Domier, L. L. (2005). *Family Luteoviridae*. In: Virus Taxonomy: VIIIth Report of the ICTV.

Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., Lecoq, H., & Bourdin, D. (2016). *A decade of surveys of viruses affecting cucurbits in France shows the increasing importance of CABYV and highlights the need for continuous monitoring. Plant Disease*, 100(11), 2269-2274.

Dogimont, C., Bushes, A., Pitrat, M., & Baudoin, J. P. (1996). Two independent resistance genes to melon aphid (*Aphis gossypii* Glover) in melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, 92(3), 365-369.

Dogimont, C., Bussemakers, A., Martin, J., Slama, S., Lecoq, H., & Pitrat, M. (1997). Two complementary recessive genes conferring resistance to cucurbit aphid borne yellows Luteovirus in an Indian melon line (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, 96, 391-395.

Erdiller, G. & Ertunç, F. (1988). Identification of muskmelon viruses in Ankara Province, *J. Turk Phytopathol.*, 17 (2), 47-56.

FAO, (2026). Food and Agriculture Organization- Faostat Statistics Division, http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize (Erişim tarihi: 03.05.2026)

Gil-Salas, F. M., Peters, J., Boonham, N., Cuadrado, I. M., & Janssen, D. (2011). Yellowing disease in zucchini squash produced by mixed infections of Cucurbit yellow stunting disorder virus and Cucumber vein yellowing virus. *Phytopathology*, 101, 1365-1372.

Goggin, F. L. (2007). *Plant–aphid interactions: molecular and ecological perspectives. Current Opinion in Plant Biology,* 10(4), 399-408.

Gray, S., Cilia, M., & Ghanim, M. (2014). Circulative, "nonpropagative" virus transmission: an orchestra of interacting structural and cellular proteins dictates virus fate in the aphid. *Advances in Virus Research*, 89, 151-195.

Guilley, H., Wipf-Scheibel, C., Richards, K., Lecoq, H., & Jonard, G. (1994). Nucleotide sequence of cucurbit aphid-borne yellows luteovirus. *Virology*, 202(2), 1012-1017.

Günay, A. (1992). Özel sebze yetiştiriciliği, *Cilt:V*, *A.Ü. Ziraat Fakültesi*, Ankara, 117s.

ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses). Güncel Taksonomi Raporu ve Virüs Sınıflandırma Veritabanı (*Solemoviridae* ve *Polerovirus* güncellemeleri).

Juarez, M., Legua, P., Mengual, C. M., Kassem, M. A., Sempere, R. N., Gómez, P., Truniger, V., & Aranda, M. A. (2013). Relative incidence, spatial distribution and genetic diversity of cucurbit viruses in eastern Spain. *Annals of Applied Biology*, 162, 362-370.

Kamberoğlu, M. A., Caliskan, A. M., & Desbiez, C. (2016). Current status of some cucurbit viruses in Cukurova region (Adana and Mersin provinces) of Turkey and molecular characterization of zucchini yellow mosaic virus isolates. *Romanian Biotechnological Letters*, 21 (4), 11709-11719.

Karabıyık, M., & Yeşil, S. (2021). Eskişehir ili kabakgil ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi. *Journal of Agriculture Faculty of Ege University*, *58*(4), 589-598. https://doi.org/10.20289/zfdergi.840301

Kassem, M. A., Sempere, R. N., Juárez, M., Aranda, M. A., & Truniger, V. (2007). Cucurbit aphid-borne yellows virus is prevalent in field-grown cucurbit crops of southeastern Spain. *Plant Disease*, 91, 232-238. https://doi.org/10.1094/PDIS-91-3-0232

Kassem, M. A., Susi, P., & Lecoq, H. (2013). *Poleroviruses of cucurbits: CABYV and its relatives.* In: Viruses and Virus Diseases of Vegetables in the Mediterranean Basin (pp. 233-255). Springer.

Kaya, A. & Erkan, S. (2011). İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerinde üretilen kabakgillerdeki viral etmenlerin tanılanması ve yaygınlıklarının belirlenmesi, *Bitki Koruma Bülteni*, 51 (4), 387-405.

Khanal, V., Wells, H., & Ali, A. (2021). High Prevalence of Three Potyviruses Infecting Cucurbits in Oklahoma and Phylogenetic Analysis of Cucurbit Aphid-Borne Yellows Virus Isolated from Pumpkins. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, *10*(1), 53. https://doi.org/10.3390/pathogens10010053

Knierim, D., Deng, T. C., Tsai, W. S., Green, S. K., & Kenyon, L. (2010). Molecular identification of three distinct Polerovirus species and a recombinant Cucurbit aphid-borne yellows virus strain infecting cucurbit crops in Taiwan. *Plant Pathology*, 59, 991-1002.

Kone, N., Asare-Bediako, E., Koita, O., Kone, D. & Winter, S. (2017). Seasonal and spatial variation in the prevalence of viral diseases and associated aphid-borne viruses in cucurbits in Cote d'Ivoire, *Annals of Agricultural Sciences*, 62 (2), 227-234

Köklü, G. & Yilmaz, Ö. (2006). Occurrence of cucurbit viruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey, *Phytoprotection*, 87 (3), 123-130.

Kwak, H. R., Byun, H. S., Choi, H. S., Han, J. Y., Kim, C. S., Wintermantel, W. M., & Kim, J. E. (2018). Complete Genome

Sequences and Evolutionary Analysis of Cucurbit aphid-borne yellows virus Isolates from Melon in Korea. *The Plant Pathology Journal*, 34(3), 200-213.

Lecoq, H., Bourdin, D., Wipf-Scheibel, C., Bon, M., Roillot, M., Lemaire, O., & Herrbach, E. (1992). A new luteovirus infecting cucurbits in France: Cucurbit aphid-borne yellows virus. *Plant Pathology*, 41(6), 712-721.

Lecoq, H. (1999). Epidemiology of cucurbit aphid-borne yellows virus. In H. G. Smith & H. Baker (Eds.), The Luteoviridae (pp. 243-248). CABI Compendium

Lecoq, H., & Desbiez, C. (2012). Viruses of cucurbit crops in the Mediterranean region: an ever-changing picture. *Advances in Virus Research,* 84, 67-126. *https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394314-9.00003-8*

Lecoq, H., Desbiez, C., & Schoeny, A. (2020). *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (Cucurbit aphid-borne yellows). CABI Compendium, 110067. https://doi.org/10.1079/cabicompendium.110067

Li, J.-W., Wang, M.-R., Chen, H.-Y., Zhao, L., Cui, Z.-H., Zhang, Z., Blystad, D.-R., & Wang, Q.-C. (2018). Long-term preservation of potato leafroll virus, potato virus S, and potato spindle tuber viroid in cryopreserved shoot tips. Applied Microbiology and Biotechnology, 102, 10743-10754. https://doi.org/10.1007/s00253-018-9405-7

Maachi, A., Donaire, L., Hernando, Y., & Aranda, M. A. (2022). Genetic differentiation and migration fluxes of viruses from melon crops and crop edge weeds. Journal of Virology, 96(16), e0042122. https://doi.org/10. 1128/jvi.00421-22

Mabele, A. S., Muyekho, F. N., & Were, H. K. (2023). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus infecting groundnut in

Kenya. *Plant Health Progress*, 24, 79-82. https://doi.org/10.1094/PHP-08-22-0071-RS

Mehle, N., Kutnjak, D., Jakoˇs, N., Seljak, G., Pecman, A., Massart, S., & Ravnikar, M. (2020). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus in Cucurbita pepo and Cucurbita maxima in Slovenia. *Plant Disease*, 104, 599. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-19-1524-PDN

Menzel, W., Maeritz, U. & Seigner, L. (2020). First report of *Cucurbit aphid-borne yellows virus* infecting cucurbits in Germany, *New Disease Reports*, 41, 1-1.

Mnari-Hattab, M., Gauthier, N., & Zouba, A. (2009). Biological and Molecular Characterization of the *Cucurbit aphid-borne yellows virus* Affecting Cucurbits in Tunisia. *Plant Disease*, 93:10, 1065-1072. https://doi.org/10.1094/PDIS-93-10-1065

Moreno, A. B., & López-Moya, J. J. (2020). When viruses play team sports: Mixed infections in plants. *Phytopathology*, 110, 29-48. https://doi.org/10.1094/phyto-07-19-0250-fi

Palomares-Rius, F. J., Viruel, M. A., Yuste-Lisbona, F. J., López-Sesé, A. I., & Gómez-Guillamón, M. L. (2011). Resistance to Cucurbit aphid-borne yellows virus in melon accession TGR-1551. *BMC Plant Biology*, 11(1), 177.

Pouraziz, P., Yousefi, M., Santosa, A. I., & Koolivand, D. (2023). Genetic Variation between Asian and Mediterranean Populations of Cucurbit Aphid-Borne Yellows Virus. *Viruses*, *15*(8), 1714. https://doi.org/10.3390/v15081714

Provvidenti, R. (1996). Diseases caused by viruses, In: Zitter, T.A., Hopkins, D.L., Thomas, C.E. (eds), *Compendium of Cucurbit Diseases*, Minnesota, USA, APS Press, 37-45.

Rabadán, M. P., Juárez, M., De Moya-Ruiz, C., & Gómez, P. (2021). Aphid borne viruses infecting cultivated watermelon and

squash in Spain: Char acterization of a variant of cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV). *Plant Pathology*, 70, 1476-1485. https://doi.org/10.1111/ppa.13390

Romay, G., Lecoq, H., Geraud-Pouey, F., Chirinos, D. & Desbiez, C. (2014). Current status of cucurbit viruses in Venezuela and characterization of Venezuelan isolates of *Zucchini yellow mosaic virus*, *Plant Pathology*, 63 (1), 78-87

Thomig, A., Keunecke, H., & Maiss, E. (2020). A novel multiplex RT-PCR system for the simultaneous detection of important cucurbit-infecting viruses. *Journal of Virological Methods*.

Tomassoli, L., & Meneghini, M. (2007). First report of Cucurbit aphid-borne yellows virus in Italy. *Plant Pathology*, 56, 720. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01583.x

Topkaya, Ş. & Desbiez, C. (2020). Genetic diversity and population structure of Cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) in Turkey. *Zemdirbyste-Agriculture,* 107, 353-358. https://doi.org/10.13080/z-a.2020.107.045.

Topkaya, Ş. & Ertunc, F. (2012). Current status of virus infections in cucurbit plantations in Ankara and Antalya provinces, *Cucurbitaceae 2012. Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, Antalya, Turkey, 15-18 October, 2012*, 759-762.

Usta M., Güller. A., & Günay, A. (2020). The molecular characterization of the coat protein sequence and differentiation of CMV-subgroup I on tobacco from native flora in Turkey. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 48 (2): 523-534. https://doi.org/10.15835/nbha48211822

Vafaei, S. H., & Mahmoodi, M. (2017). Presence of recombinant strain of Cucurbit aphid borne yellows virus in Iran.

Iranian Journal of Biotechnology, 15(4), 289-295. https://doi.org/10.15171/ijb.1541

Verma, R., Verma, A., & Tripathi, S. (2023). First report of cucurbit aphid- borne yellows virus infecting five cucurbits in India. *Plant Disease*, 108, 540. https://doi.org/10.1094/PDIS-09-23-1719-PDN

Vidal, A.H.; Sanches, M.M.; Alves-Freitas, D.M.T.; Abreu, E.F.M.; Lacorte, C.; Pinheiro-Lima, B.; Rosa, R.C.C.; Jesus, O.N.; Campos, M.A.; Varsani, A.; vd. (2018). First world report of cucurbit aphid-borne yellows virus infecting passionfruit. *Plant Dis., 102*, 2665

Vidal, A. H., Lacorte, C., Sanches, M. M., Alves-Freitas, D. M. T.,Abreu, E. F. M., Pinheiro-Lima, B., Rosa, R. C. C., Jesus, O. N., Campos, M. A., Felix, G. P., Abreu, A. C. R., Santos, Y. S., Lacerda, A. L. M., Varsani, A., Melo, F. L., & Ribeiro, S. G. (2023). Characterization of cucurbit aphid-borne yellows virus (CABYV) from passion fruit in Brazil: Evidence of a complex of species within CABYV isolates. *Viruses*, 15(2), 410. https://doi.org/10.3390/v15020410

Yardımcı, N., & Özgönen, H. (2007). First report of Cucurbit aphid-borne yellows virus in Turkey. *Australasian Plant Disease Notes*, 2(1), 59-59. https://doi.org/10.1071/DN07024

Yeşil, S. & Ertunç, F. (2013). Virus Diseases of Cucurbits in Aksaray Province. 2ndInternational Conference Research and Education in Natural Sciences (Rens-2013), *Proceedings of the 2ndInternational Conference Research and Education in Natural Sciences (Rens-2013), Shkodra, Albania*, 232-239 p.

Yeşil, S. (2019). Detection of Viruses on Edible Seed Squash (*Cucurbita pepo* L.) in Yozgat Province, Turkey, *Iğdır Üniversitesi*

Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 9 (3), 1212-1219. https://doi.org/10.21597/jist.509235

Yeşil, S. (2020). Detection of Some Virus Diseases of Edible Seed Squash (*Cucurbita pepo* L.) in Nevşehir Province, Turkey, *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 34 (1), 49-56. https://doi.org/10.15316/SJAFS.2020.194

Yılmaz, M., Lecoq, H., Abak, K., Baloğlu, S. & Sarı, N. (1992). Türkiye'de kabakgil sebze türlerinde zarar yapan virüsler, *Türkiye I. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi Bildirileri* Cilt: II., 13-16 Ekim, E.Ü. Ziraat Fakültesi Bornova, İzmir, 439-442.

Zarzyńska-Nowak, A., Hasiów-Jaroszewska, B., Budzyńska, D. & Borodynko-Filas, N. (2019). First report of *cucurbit aphid-borne yellows virus* infecting zucchini plants (*Cucurbita pepo* convar. *giromontiina*) in Poland, *Plant Disease*, 103 (5), 1047-1047.

BÖLÜM 8

Potyvirus Citrulli (Watermelon mosaic virus, WMV)

SERKAN ÖNDER[1]

Giriş

Kabakgiller (Cucurbitaceae), dünya genelinde hem insan beslenmesinde hem de tarımsal ekonomide önemli bir yere sahip olup yaklaşık 10.000 yıldır kültüre alınmaktadır. Kabakgiller günümüzde küresel ölçekte yaklaşık 10,45 milyon hektar alanda yetiştirilmekte ve toplam üretim 256,61 milyon tona ulaşmaktadır. Türkiye'de ise kabakgil üretimi yaklaşık 244,1 bin hektarlık bir alanda gerçekleştirilmekte ve yıllık toplam üretim ise yaklaşık 7,16 milyon ton olarak bildirilmiştir (FAOSTAT, 2024). Dünya genelinde kültüre alınan 58'den fazla kabakgil türü bulunmakla birlikte üretimde başlıca dört tür öne çıkmaktadır. Bunlar salatalık, kavun, karpuz, kabak/balkabağı olup toplam üretimin büyük bir kısmını oluşturmaktadır (Egel vd., 2022).

Kabakgil türlerinin yetiştiriciliğinde fungal, bakteriyel ve viral kökenli patojenler tarafından neden olunan hastalıklar, üretimi sınırlayan başlıca biyotik etmenler arasında yer almakladır. Fungal etmenler arasında özellikle *Phytophthora* yanıklığı (*Phytophthora*

[1] Dr. Öğretim Üyesi, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü Orcid: 0000-0001-8954-8707

capsici) ve *Fusarium* solgunluğu (*Fusarium* spp.) gibi hastalıkların toprakta uzun süre canlı kalabilme özelliği, bakteriyel hastalık etmenleri arasında ise hıyar köşeli yaprak leke hastalığı (*Pseudomonas syringae pv. lachrymans*) birçok üretim bölgesinde kalıcı ve ciddi ekonomik kayıplara sebep olmaktadır. Bunun yanı sıra, dünya genelinde çok sayıda virüsün kabakgil bitkilerini enfekte ettiği ve bu enfeksiyonların ürün verimi ile kaliteyi olumsuz yönde etkileyerek ekonomik açıdan önemli kayıplara neden olduğu bildirilmiştir (Egel vd., 2022).

Kabakgil bitkilerinde görülen mozaik hastalıkları ilk olarak 1920'li yıllarda bildirilmiş olup erken dönem literatürde yalnızca kısmen karakterize edilmiş virüsler veya virüs hastalıkları için çok farklı adlandırmalar yer almıştır. 1940 yılında Milbrath, Kaliforniya'da şiddetli bir karpuz (*Citrullus lanatus*) mozaik hastalığı bildirmiştir ancak etmenin adlandırılması 1979 yılına kadar tartışmalı kalmıştır (Lecoq & Desbiez, 2008).

Kabakgillerde ekonomik kayıplara neden olan önemli virüs hastalıkları arasında cucumber mosaic virus (CMV, Bromoviridae; *Cucumovirus*), watermelon mosaic virus (WMV, Potyviridae; *Potyvirus*), cucumber green mottle mosaic virus (CGMMV, Virgaviridae; *Tobamovirus*) ve tobacco ring spot virus (TRSV; Secoviridae; Comovirinae; *Nepovirus*) gibi farklı familya ve cinslere dahil olan virüsler bulunmakta olup özellikle hıyar, kavun, kabak, balkabağı ve karpuz gibi önemli kabakgil türlerinin yetiştirildiği üretim alanlarında ciddi verim kayıplarına neden oldukları bilinmektedir (Sastry, 2013).

Günümüze kadar, dünya genelinde kültüre alınmış veya yabani kabakgil (cucurbit) bitkilerinde doğal enfeksiyonlara neden olan yaklaşık 15 *Potyvirus* türü bildirilmiş olup bu virüslerin çeşitliliği ve coğrafi dağılımı Tablo 1'de özetlenmiştir. Papaya ringspot virus strain watermelon (*Potyvirus papayanuli*, PRSV-W), watermelon mosaic virus (*Potyvirus citrulli*, WMV) ve zucchini

yellow mosaic virus (*Potyvirus cucurbitaflavitesselati*, ZYMV), dünya çapında kabakgilleri enfekte eden en yaygın ve ekonomik açıdan en önemli üç virüs olarak öne çıkmaktadır. Amerika Birleşik Devletleri'nde yapılan önceki çalışmalar, PRSV-W, WMV ve ZYMV'nin 10'dan fazla güney eyaletinde kabakgilleri enfekte eden en yaygın üç virüs olduğunu ortaya koymuştur (Ali vd., 2012a,b).

Tablo 1. Dünya genelinde Cucurbitaceae familyasını enfekte eden önemli Potyvirus türleri

Virüs Adı	Ülkeler	Referans
Algerian watermelon mosaic virus (AWMV)	Cezayir	Yakoubi vd., 2008
Bean yellow mosaic virus (BYMV)	Kuzeydoğu ABD	Provvidenti & Uyemoto, 1973
Cowpea aphidborne mosaic virus (CABMV)	Zimbabve ve Afrika kıtası	Mlotshwa vd., 2002
Clover yellow vein virus (ClYVV)	Dünya genelinde (küresel yayılış)	Inouye vd., 1988
Cucurbit vein banding virus (CVBV)	Arjantin	Perotto vd., 2018
Melon vein-banding mosaic virus (MVBMV)	Çin, Tayvan	Huang vd., 1993a
Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV)	Afrika kıtası (Tropikal–Akdeniz iklim kuşağı)	McKern vd., 1993
Papaya ringspot virus (PRSV)	Dünya genelinde (Tropikal–Akdeniz bölgeler)	Purcifull & Hiebert, 1979
Telfairia mosaic virus (TeMV)	Nijerya	Shoyinka vd., 1987
Turnip mosaic virus (TuMV)	Dünya genelinde (küresel yayılış)	Lecoq & Desbiez, 2012
Watermelon leaf mottle virus (WLMV)	Amerika Birleşik Devletleri, Florida eyaleti	Purcifull vd., 1998; De Sa vd., 2000
Watermelon mosaic virus (WMV)	Dünya genelinde (Ilıman–Akdeniz iklim kuşağı)	Webb & Scott, 1965
Wild melon vein binding virus (WMVBV)	Sudan	Desbiez vd., 2017

Zucchini tigre mosaic virus (ZTMV)	Dünya genelinde (küresel yayılış)	Romay vd., 2014a,b; Abdalla & Ali, 2018
Zucchini yellow fleck virus (ZYFV)	Akdeniz Havzası	Vovlas vd., 1981
Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV)	Dünya genelinde (küresel yayılış)	Lisa vd., 1981; Lecoq vd., 1981

Kaynak: Ali, 2020'den modifiye edilmiştir.

Bununla birlikte, Tablo 1 incelendiğinde bazı *Potyvirus* türlerinin belirli bölgeler veya ülkelerle sınırlı bir yayılış gösterdiği dikkat çekmektedir. Nitekim kabakgil bitkilerini enfekte edebilen Algerian watermelon mosaic virus (AWMV), bean yellow mosaic virus (BYMV), cucurbit vein banding virus (CVBV), telfairia mosaic virus (TeMV) ve wild melon vein binding virus (WMVBV) gibi türlerin, geniş yayılışlı virüslere kıyasla daha sınırlı coğrafi dağılıma sahip olduğu bilinmektedir. Bu durum, söz konusu virüslerin epidemiolojisinin büyük ölçüde yerel ekolojik koşullar, konukçu bitki dağılımı ve vektör varlığı gibi faktörler tarafından şekillendiğini göstermektedir.

Öte yandan, küresel düzeyde gerçekleştirilen moleküler çalışmalar ve yüksek kapasiteli dizileme (YKD) teknolojilerinin yaygınlaşmasıyla birlikte, her geçen gün yeni *Potyvirus* türlerinin tanımlanması bu grubun çeşitliliğinin dinamik bir şekilde arttığını ortaya koymaktadır. Bu artış, bitki virolojisi açısından hem taksonomik zenginliğin genişlediğini hem de kabakgil üretim sistemleri için potansiyel risklerin çeşitlenerek devam ettiğini göstermektedir.

Bu bölümün konusunu oluşturan watermelon mosaic virus (WMV), dünya genelindeki yaygınlığı ve yüksek ekonomik önemi nedeniyle öne çıkan bitki patojenlerinden biridir. WMV, başta kabakgil bitkileri olmak üzere enfekte ettiği bitkilerin yapraklarında mozaik desenleri ve beneklenme gibi karakteristik belirtilere yol açarak meyve verimi ve kalitesinde ciddi düşüşlere neden

olmaktadır. Bunun yanı sıra, baklagiller (Fabaceae), ebegümecigiller (Malvaceae) ve kazayağıgiller (Chenopodioideae) familyalarına ait bitkiler ile çeşitli süs bitkileri ve yabancı ot türlerini de enfekte edebilmektedir. Virüsün en az 40'ın üzerinde farklı yaprak biti türü tarafından non-persistent (kalıcı olmayan) şekilde taşınabilmesi, enfeksiyon şiddetinin artmasına ve hastalığın geniş alanlara hızla yayılmasına önemli ölçüde katkı sunmaktadır.

Bu bölümde, WMV'nin taksonomik ve genomik özellikleri, ekonomik önemi, Türkiye'deki durumu, yayılım dinamikleri, konukçu spektrumu, taşınma mekanizmaları, simptomatolojisi, teşhis yöntemleri, epidemiyolojisi ile kontrol ve mücadele stratejileri literatür ışığında kapsamlı ve sistematik bir çerçevede sunulmuştur.

Taksonomisi ve Genomik Özellikleri

Watermelon mosaic virus (WMV)'ün taksonomik konumu ve diğer *Potyvirus*'lerle ilişkisi, farklı araştırmacıların katkılarıyla gerçekleştirilen biyolojik, serolojik ve moleküler çalışmalar ışığında kademeli olarak netlik kazanmıştır. Webb & Scott (1965), o dönemde watermelon mosaic virus (WMV) kompleksi olarak adlandırılan etmenin ABD'nin güneyinden elde edilmiş on izolatını karşılaştırmıştır. Çapraz koruma deneyleri, serolojik ilişkiler ve konukçu aralığı tepkilerine dayanarak bu izolatlar önce kabakgiller dışındaki bitkileri enfekte edebilen izolatlar (WMV-1) ve sadece kabakgilleri enfekte edebilen izolatlar (WMV-2) olarak iki gruba ayrılmış (Ebrahimi-Nesbat, 1974; Greber, 1978; Purcifull & Hiebert 1979; Yeh vd., 1984) ve bu ayırımın ardından WMV-1 ve WMV-2'yi birbirinden farklı virüsler olarak değerlendirmişlerdir. Van Regenmortel (1961), bu virüslerin Güney Afrika'dan bildirilen bir karpuz mozaik izolatından da farklı olduğunu bildirmiştir. Buna karşılık Milne & Grogan (1969), WMV-1 ve WMV-2'nin aynı virüsün farklı ırkları olarak değerlendirilmesi gerektiği sonucuna varmış; bu durum bu konudaki belirsizliği daha da arttırmıştır. Ancak

Purcifull & Hiebert (1979), WMV-1 ve WMV-2'nin serolojik olarak birbirinden farklı virüsler olduğunu kesin olarak ortaya koymuş ve WMV-1'in papaya ringspot virus (PRSV) ile yakın ilişkili olduğunu göstermiştir. Konu hakkında yapılan daha sonraki çalışmalar, nükleotid dizi analizlerine dayanarak WMV-2'nin ayrı bir virüs olduğunu, WMV-1'in ise PRSV'nin bir ırkı olduğunu ortaya koymuştur (Abu-Samah, 1985). Bazı araştırma ekipleri ise soybean mosaic virus (SMV) izolatlarını WMV-2'nin ırkları olarak değerlendirmiştir (Frenkel vd., 1989); ancak Jayaram vd. (1991), WMV-2 ile SMV'nin ayrı virüsler olduğu sonucuna ulaşmıştır. Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi'nin (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) Yedinci Raporu'nda (Van Regenmortel vd., 2000), daha önce watermelon mosaic virus-2 olarak adlandırılan türün adı yeniden watermelon mosaic virus (WMV) olarak düzenlenmiştir. Bu raporda soybean mosaic virus ayrı bir tür olarak listelenmiş olup watermelon mosaic virus-1 ise papaya ringspot virus'ün bir sinonimi olarak kabul edilmiştir. Yaşanan bu son gelişmelerle birlikte günümüzde PRSV ırkları iki gruba ayrılmış olup WMV-1, papayada enfeksiyon oluşturmayan ancak karpuz ve diğer kabakgillerde hastalığa neden olan PRSV'nin W ırkı (PRSV-W) olarak kabul edilmiş; hem papayayı hem de kabakgilleri enfekte edebilenler ise PRSV'nin P ırkı (PRSV-P) olarak isimlendirilmiştir (Yeh & Gonsalves, 1994; Ziebell & Carr, 2010). WMV-2 ise watermelon mosaic virus (WMV) olarak adlandırılmıştır (Lecoq & Desbiez, 2008). Ayrıca aynı araştırmacılar, Fas'tan izole edilen bir karpuz mozaik virüsü izolatının üçüncü bir serolojik tip olduğunu da bildirmişlerdir. Bu izolat daha sonra Güney Afrika izolatlarını da kapsayan ayrı bir virüs türü olarak Moroccan watermelon mosaic virus (MWMV) şeklinde isimlendirilmiştir. Sonuç olarak, başlangıçta "watermelon mosaic virus kompleksi" olarak adlandırılan yapıdan üç farklı virüs türü ortaya çıkmıştır: watermelon mosaic virus, papaya ringspot virus (PRSV-W ve PRSV-P) ve Moroccan watermelon mosaic virus (Purcifull &

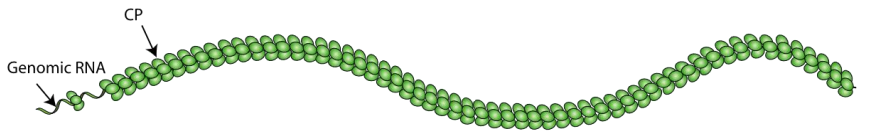
Hiebert, 1979; Purcifull vd., 1984b; Lecoq & Desbiez, 2008). Bununla birlikte Desbiez & Lecoq (2004), WMV'nin SMV ile bean common mosaic virus (BCMV) arasındaki rekombinasyonun bir sonucu ortaya çıktığını bildirmiştir.

Potyvirus cinsine dahil olan virüsler, zarfsız, esnek ve filamentöz yapıda virionlara sahip olup partikül uzunluğu 680–900 nm, çapları ise yaklaşık 12–15 nm arasında değişmektedir (Adams vd., 2012). Bu virüsler, yaklaşık 10 kb uzunluğunda pozitif anlamlı tek iplikli RNA genomuna sahiptir ve genom, 5′ ucunda replikasyon için primer görevi gördüğü düşünülen genoma bağlı viral protein (VPg) ile kovalent olarak bağlı, 3′ ucunda ise yaklaşık 190 adeninden oluşan bir poli(A) kuyruğu taşımaktadır. Viral RNA, enfeksiyon sonrasında yaklaşık 346 kDa büyüklüğünde tek bir poliprotein olarak sentezlenmekte; bu poliprotein daha sonra virüse özgü proteazlar tarafından spesifik bölgelerden kesilerek fonksiyonel proteinlere ayrılmaktadır (Agrios, 2005). Bu süreç sonucunda, replikasyon, taşınma, vektör iletim ve yapısal organizasyonda görev alan 8 farklı protein oluşmaktadır. Bunlar arasında HC-Pro olarak da bilinen yaklaşık 52 kDa büyüklüğündeki protein hem proteolitik aktiviteye sahip olup hem de afitlerle taşınmada gerekli yardımcı bileşen fonksiyonunu üstlenirken 35 kDa ve 27 kDa proteinler de poliproteinin işlenmesinde görev alan proteazlardır. 21 kDa büyüklüğündeki VPg proteini genomun 5′ ucuna bağlı olarak bulunurken 71 kDa ve 58 kDa proteinler viral RNA-bağımlı RNA polimeraz kompleksinin bileşenlerini oluşturmaktadır. Yaklaşık 30 kDa büyüklüğündeki kapsid (kılıf) proteini, virion yapısının oluşumunun yanı sıra semptom gelişimi ve vektör aracılı taşınmada da rol oynamaktadır. Ayrıca 6 kDa ve diğer bazı proteinlerle birlikte özellikle 52–71 kDa aralığındaki proteinlerin etkileşimi sonucu enfekte hücrelerde *Potyvirus*'lere özgü karakteristik silindirik veya fırıldak (pinwheel) şeklinde sitoplazmik inklüzyonlar meydana gelmektedir. Bunun yanı sıra, bazı proteinler (21K, 27K ve 58K)

çekirdek içerisinde birikerek nükleer inklüzyon cisimciklerini oluşturabilmekte ve enfeksiyon sürecinde önemli rol oynamaktadır (Agrios, 2005).

Watermelon mosaic virus (WMV), yapısal özellikleri bakımından tipik *Potyvirus* cinsi virionları ile uyumlu bir morfoloji sergilemektedir. Virion partikülleri genellikle 720–850 nm uzunluğunda (ortalama 730–765 nm) ve yaklaşık 11–15 nm çapında olup helikal simetri göstermektedir (Şekil 1).

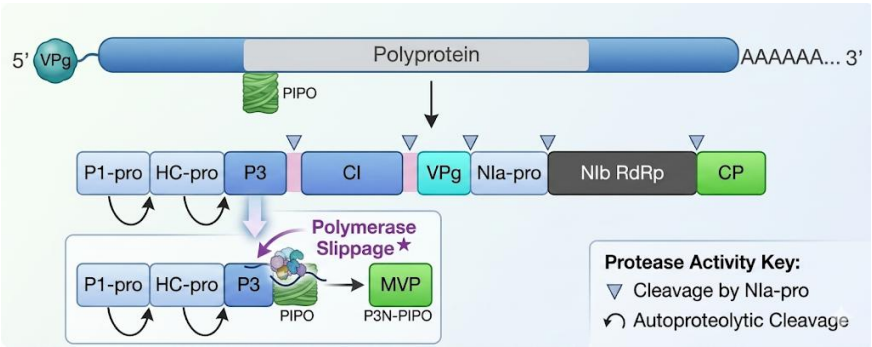
Şekil 1. WMV'nin virion yapısı.



Kaynak: Viralzone, 2026

Ayrıca virüs, yaklaşık 34 kDa büyüklüğünde bir kılıf (coat) proteinine sahiptir (Purcifull vd., 1984a,b; Desbiez & Lecoq, 2004). WMV, yaklaşık 10 kb uzunluğunda pozitif anlamlı tek iplikli RNA [ssRNA(+)] genomuna sahip olup genom tek bir açık okuma çerçevesi (ORF) içeren doğrusal, monopartit bir yapıdadır ve 5′ ile 3′ translasyona uğramayan bölgeler (UTR'ler) tarafından çevrelenmiştir. Tek bir ORF içeren viral genom tek bir poliprotein olarak çevrilmekte ve bu poliprotein kendi kendine kesilerek 8 fonksiyonel proteine ayrılmaktadır (Şekil 2). Genomun 5′ ucunda genoma kovalent bağlı viral protein (VPg) bulunurken 3′ ucunda poli(A) kuyruğu (Şekil 2) yer almaktadır (Baum, 1980; Baum ve Purcifull, 1981; Revers & Garcia, 2015; Wylie vd., 2017; Ali vd., 2006; Chinnadurai, 2024).

Şekil 2. WMV genomunun yapısı.



Kaynak: Viralzone, 2026'dan modifiye edilmiştir.

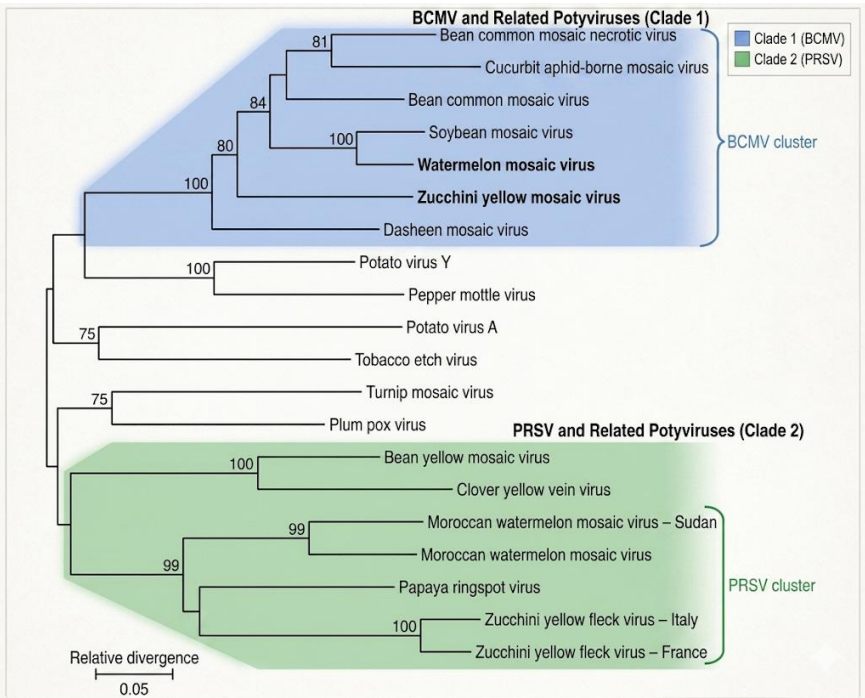
WMV genom uzunluğu yaklaşık 10.035 nükleotid olup bugüne kadar 18 ülkeden elde edilmiş 191 tam genom dizisi (Ör: AY437609 = NC_006262) GenBank veri tabanında tanımlanmış ve erişime sunulmuştur (NCBI, 2026). Enfekteli bitki hücrelerinin sitoplazmasında, *Potyvirus*'lere özgü karakteristik silindirik inklüzyon cisimcikleri ile kesitlerde fırıldak benzeri yapılar ve rulo (scroll) oluşumları gözlenmekte olup bu yapılar virüs partiküllerini içermemektedir (Purcifull vd., 1984b).

Partikül morfolojisi, yaprak bitleri ile taşınabilme özelliği, serolojik ilişkiler, konukçu hücrelerde fırıldak şeklinde sitoplazmik inklüzyon cisimcikleri oluşturabilme kapasitesi ile genom organizasyonu ve nükleotid dizisi verilerinin birlikte değerlendirilmesi sonucunda, watermelon mosaic virus (WMV)'nin *Potyvirus* cinsi içerisinde yer aldığı ve *Potyvirus* cinsi üyelerine özgü tipik morfolojik ve genomik organizasyonu yansıttığını ortaya konmuştur (Lecoq & Desbiez, 2008).

Kabakgil bitkilerini enfekte eden *Potyvirus*'lerin sınıflandırılması ve aralarındaki filogenetik ilişkiler, özellikle moleküler düzeyde gerçekleştirilen bazı çalışmalarla

aydınlatılmıştır. Kılıf proteini (coat protein, CP) kodlayan gen bölgelerine dayalı moleküler analizler, kabakgilleri enfekte eden *Potyvirus*'lerin, birbirine filogenetik olarak yakın türleri içeren çeşitli gruplara ayrıldığını ortaya koymuştur. Bu çerçevede, ZYMV ve WMV, çoğunlukla baklagil konukçuları enfekte eden *Potyvirus*'leri de kapsayan bir küme içerisinde yer almaktadır. Buna karşılık, PRSV, MWMV ve ZYFV ise büyük ölçüde kabakgillerle sınırlı virüsleri içeren "PRSV-benzeri" bir kümede (Şekil 3) gruplanmaktadır (Lecoq & Desbiez, 2008).

Şekil 3. Potyvirus üyelerinin filogenetik analizi.



Kaynak: Dendogram Lecoq & Desbiez, 2008'den modifiye edilmiştir.

Şekil 3'te yer alan dendogramda kabakgilleri enfekte eden *Potyvirus*'ler arasındaki ilişkiler, kılıf proteini (CP) amino asit dizilerine dayalı olarak gösterilmiştir. Dal uzunlukları, virüsler arasındaki moleküler farklılaşmayı ifade etmektedir (ölçek, amino

asit başına 0,05 mutasyonu temsil etmektedir). Bazı düğümlerde verilen değerler, her düğümün güvenilirliğini (% bootstrap) göstermektedir. Dendogramda %75'in üzerindeki değerler gösterilmiştir.

PRSV-W, WMV ve ZYMV olmak üzere üç *Potyvirus*'ün kılıf proteini (CP) genine dayalı filogenetik çalışmalar, farklı ülkelerden ve çeşitli kabakgil konukçulardan elde edilen izolatlar üzerinde gerçekleştirilmiştir. Bu çalışmalar arasında, PRSV-W'ye ilişkin filogenetik verilerin, özellikle PRSV-P izolatlarıyla karşılaştırıldığında WMV ve ZYMV'ye kıyasla daha sınırlı olduğu dikkat çekmektedir (Abdalla & Ali, 2012). Oklahoma'da 2008–2009 yıllarında yapılan bir çalışmada karpuzdan elde edilen 64 PRSV-W izolatının 3′-terminal bölgesi (NIb geninin bir kısmı, tam CP geni ve poli(A) kuyruğu olmak üzere toplam 1191 nükleotit) karşılaştırılmış ve izolatların coğrafi kökenlerine bağlı olarak alt gruplar halinde kümelendiği ortaya konmuştur. Bu alt gruplar arasındaki genetik farklılıkların nükleotid düzeyinde %0–4,8, amino asit düzeyinde ise %0–2,9 arasında değiştiği belirlenmiş; ayrıca Oklahoma kökenli izolatların, daha önce Amerika Birleşik Devletleri dâhil olmak üzere dünyanın farklı bölgelerinden bildirilen 35 izolatla karşılaştırıldığında ayrı filogenetik dallar oluşturduğu saptanmıştır (Abdalla & Ali, 2012). Genel olarak konuyla ilgili yapılan filogenetik analizler, PRSV, WMV ve ZYMV izolatları arasında belirgin genetik çeşitlilik ve grup ayrımları bulunduğunu göstermektedir. Bu virüslerin non-persistent şekilde taşınması, farklı coğrafi bölgelerdeki izolatlar arasında genetik varyasyonun ortaya çıkmasını kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, söz konusu filogenetik grupların biyolojik özellikleri, epidemiolojisi ve dayanıklı kabakgil konukçularıyla ilişkilerinin daha iyi anlaşılabilmesi için daha kapsamlı ve güçlü analiz yöntemlerine ihtiyaç duyulduğu ifade edilmiştir (Abdalla & Ali, 2012).

Bitki virüslerinde genetik çeşitliliğin oluşumu ve evrimsel süreçlerin anlaşılması, bu patojenlerin yayılımı ve adaptasyon stratejilerini açıklamak açısından büyük önem taşımaktadır. Bitki virüslerinde evrimi yönlendiren başlıca üç mekanizma mutasyon, rekombinasyon ve yeniden düzenleme (reassortment) olarak tanımlanmaktadır. Mutasyon ve rekombinasyon süreçleri hem RNA hem de DNA bitki virüslerinde gözlenirken yeniden düzenleme olgusu yalnızca çok parçalı genom yapısına sahip virüslerle sınırlıdır. Tek iplikli RNA (ssRNA) genomuna sahip *Potyvirus*'lerde ise genetik çeşitliliğin oluşumunda ve popülasyon yapısının şekillenmesinde temel rolü mutasyon ve rekombinasyon oynamaktadır (Roossinck & Ali, 2007). Buna karşın, *Potyvirus*'lerde yeniden düzenleme mekanizmasının gerçekleştiğine dair bugüne kadar herhangi bir bulgu rapor edilmemiştir.

Rekombinasyon, bitki virüslerinin evriminde belirleyici olan başlıca mekanizmalardan biri olup özellikle *Potyvirus*'lerde genetik çeşitliliğin oluşumunda önemli rol oynamaktadır (Bujarski & Kaesberg, 1986; Roossinck & Ali, 2007). PRSV, WMV, ZYMV ve ZTMV gibi *Potyvirus*'lerin karışık enfeksiyonlar oluşturabilme yeteneği, rekombinasyon olaylarının ortaya çıkma olasılığını artırmakta ve tarla koşullarında yaygın olarak görülen bu durum, virüs evrimi için uygun bir ortam sağlamaktadır. Nitekim bu virüslerin en az 10 farklı yaprak biti türü tarafından non-persistent şekilde taşınabilmesi, aynı konukçu bitki içerisinde çoklu enfeksiyonların oluşmasına ve farklı *Potyvirus* türleri arasında genetik materyal alışverişine olanak tanımaktadır (Ali, 2020). Gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, PRSV, WMV ve ZYMV'nin evriminde rekombinasyonun önemli bir rol oynadığını ortaya koymuş; özellikle WMV'nin SMV ile BCMV arasında gerçekleşen atasal bir rekombinasyon olayı sonucu ortaya çıkmış olabileceği gösterilmiştir (Desbiez & Lecoq, 2004; Lecoq & Desbiez, 2008; Abdalla & Ali, 2018). Bu durum, WMV genomunun büyük bir

bölümünün SMV ile yakın benzerlik göstermesine karşın, P1 protein bölgesinin N-terminal kısmının BCMV ile yaklaşık %85 oranında özdeşlik sergilemesiyle açıklanmaktadır.

WMV için bildirilen biyolojik varyasyonlar nispeten sınırlı olup bu varyasyonlar çoğunlukla semptom şiddeti, konukçu aralığı ve yaprak bitleri aracılığıyla taşınabilme özelliklerindeki farklılıklarla ilişkilidir (Lecoq & Desbiez, 2008). WMV ve ZYMV'de moleküler varyasyon analizleri genellikle kılıf proteini (coat protein, CP) genine dayandırılmakta; özellikle CP'nin N-terminal bölgesi *Potyvirus*'lerde yüksek değişkenlik göstermesi nedeniyle filogenetik ve moleküler çalışmalarda sıklıkla tercih edilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008). Bununla birlikte, kısmi ve tam genom dizilerine dayalı analizler, WMV içerisinde tür içi rekombinasyonların da yaygın olduğunu ve özellikle kılıf proteini genine göre oluşturulan filogenetik gruplandırmaların genomun diğer bölgelerinde değişiklik gösterebildiğini ortaya koymuştur (Desbiez & Lecoq, 2004; Lecoq & Desbiez, 2008). Rekombinasyon bölgelerinin genomun farklı kısımlarına dağılmış olması, WMV'nin genetik yapısının dinamik ve kompleks bir karakter sergilediğini göstermektedir. Nitekim 59 *Potyvirus* türünün tam genom dizilerine dayalı analizlerde, anlamlı rekombinasyon sinyalinin yalnızca WMV'de belirgin şekilde tespit edilmesi, bu virüsün evrimsel açıdan rekombinasyona daha yatkın bir yapıya sahip olabileceğini düşündürmektedir (Gibbs & Ohshima, 2010). Bununla birlikte, saha çalışmaları WMV popülasyonlarında rekombinant izolatların en az %7 oranında bulunduğunu, ancak bu izolatların önemli bir kısmının negatif seçilim baskısı altında olduğunu ve evrimsel olarak dezavantajlı varyantların popülasyondan elimine edilebildiğini göstermektedir (Moreno vd., 2004; Jeger vd., 2006).

Filogenetik ve genomik veriler ayrıca WMV'nin, SMV ve southern bean mosaic virus (SbMV) gibi baklagilleri enfekte eden *Potyvirus*'lerde yakın akrabalık ilişkisi taşıdığını, ancak konukçu

aralığı bakımından önemli farklılıklar gösterdiğini ortaya koymaktadır. SMV ve BCMV genellikle dar konukçu aralığına sahipken WMV hem tek çenekli hem de çift çenekli bitkileri kapsayan geniş bir konukçu spektrumuna sahiptir. Bu geniş konukçu aralığının, WMV'nin rekombinant genom yapısıyla ilişkili olabileceği düşünülmekle birlikte, söz konusu rekombinasyon olaylarının biyolojik özellikler üzerindeki etkisi henüz tam olarak açıklanamamıştır (Lecoq & Desbiez, 2008). Her ne kadar kapsid proteini dizi benzerlikleri bazı *Potyvirus*'lerin tek tür olarak değerlendirilebileceğini düşündürmüş olsa da tam genom dizilerine dayalı filogenetik analizler WMV, SbMV ve ilgili virüslerin konukçu özgüllüğü ile uyumlu şekilde ayrı monofiletik gruplar oluşturduğunu ortaya koymuş ve bu virüslerin ayrı taksonomik birimler olarak değerlendirilmesi gerektiğini desteklemiştir (Gibbs & Ohshima, 2010; Yu vd., 1989).

Ekonomik Önemi

Kabakgiller, çok sayıda virüs tarafından enfekte edilebilmekte ve karışık (çoklu) enfeksiyonlar bu bitkilerde yaygın olarak gözlenmektedir (Sokhandan-Bashir ve Ighani, 2024). Bu durum, özellikle ekonomik açıdan önemli kabakgil üretiminde ciddi kayıplara yol açmaktadır (Chinnadurai, 2024). Kabakgillerde virüs enfeksiyonunun etkisi büyük ölçüde enfeksiyon zamanına bağlı olup çiçeklenme öncesinde gerçekleşen enfeksiyonlar %100'e varan verim kayıplarına neden olabilmekte, meyve oluşumu ya tamamen engellenmekte ya da oldukça sınırlı kalmaktadır. Meyve tutumu öncesinde veya sırasında meydana gelen enfeksiyonlar ise meyve boyutunda küçülme, deformasyon, mozaik ve beneklenme gibi kalite bozukluklarına yol açarak ürünün pazarlanabilirliğini ortadan kaldırırken daha geç dönem enfeksiyonları genellikle daha düşük düzeyde verim ve kalite kaybına neden olmaktadır (Chinnadurai, 2024). Bu etkiler; yetiştirilen çeşit, virüs ırkı ve çevresel koşullara bağlı olarak değişkenlik gösterebilmektedir.

Kabakgillerde ekonomik kayıplara yol açan başlıca virüsler arasında *Potyvirus* grubuna ait ZYMV, WMV ve PRSV ile *Cucumovirus* grubuna ait CMV yer almaktadır (Lobin vd., 2015; Mandal vd., 2017; Sastry, 2013). Bu virüsler farklı bölgelerde değişen yaygınlık ve önem düzeyine sahip olmakla birlikte, PRSV ve ZYMV'nin çoğu zaman en yıkıcı etmenler olduğu, buna karşılık CMV, squash mosaic virus (SqMV) ve WMV'nin bazı bölgelerde daha düşük düzeyde yayılım gösterdiği bildirilmiştir (Coutts vd., 2011). Örneğin Oklahoma'da WMV, ZYMV ve PRSV'nin bitki gelişimini baskıladığı, meyve oluşumunda anormalliklere ve verim azalmasına yol açtığı; özellikle erken dönem enfeksiyonlarının bitkilerin hiç meyve vermemesiyle sonuçlanabildiği ifade edilmiştir (Damicone, 2019).

WMV, dünya genelinde özellikle ılıman ve Akdeniz iklim kuşaklarında yaygın olarak görülen ve kabakgil üretimi açısından önemli ekonomik kayıplara neden olan başlıca virüslerden biridir (Lecoq & Desbiez, 2012). Tarihsel ve deneysel çalışmalar, WMV ve diğer kabakgil virüslerinin verim üzerindeki etkilerini açıkça ortaya koymaktadır. Amerika Birleşik Devletleri'nde 1951–1960 yılları arasında kavunlarda ortalama yıllık %3,5 verim kaybı bildirilmiş; hıyarda ise CMV, TRSV ve WMV'nin sırasıyla %2,0, %1,0 ve %1,0 oranında kayıplara neden olduğu belirlenmiştir (USDA, 1965; Rao & Reddy, 2020). Deneysel inokulasyon çalışmalarında, WMV ile enfekte edilen yazlık kabakta erken, orta ve geç dönem enfeksiyonlarının sırasıyla %43, %28 ve %9 oranında verim kaybına yol açtığı, özellikle erken enfeksiyonlarda pazarlanabilirliğin neredeyse tamamen ortadan kalktığı rapor edilmiştir (Demski & Chalkley, 1972). Benzer şekilde karpuzda erken enfeksiyonların %73'e varan verim kaybına yol açtığı ve meyvelerde ciddi şekil bozuklukları ile renk değişimleri oluşturduğu bildirilmiştir (Demski & Chalkley, 1974). Farklı coğrafyalarda yapılan çalışmalar da bu bulguları desteklemekte; örneğin Yeni Zelanda'da WMV

enfeksiyonunun çeşitli kabak türlerinde %49–63 oranında verim azalmasına neden olduğu, Florida'da ise bazı yıllarda toplam kayıpların %60'a ulaştığı ifade edilmiştir (Wayne, 1971; Adlerz, 1969). Ayrıca WMV epidemilerinin New York gibi bölgelerde de erken enfeksiyon durumunda bitki gelişimi ve ürün verimi üzerinde ciddi olumsuz etkiler oluşturduğu bildirilmiştir (Provvidenti & Schroeder, 1970).

Genel olarak değerlendirildiğinde, WMV enfeksiyonu kabakgil bitkilerinde hem verim hem de kalite üzerinde belirgin ve çoğu zaman ciddi kayıplara yol açmakta; meyve sayısında azalma, şekil bozuklukları ve renk değişimleri nedeniyle ürünlerin pazarlanabilirliği önemli ölçüde düşmektedir (Purcifull vd., 1984b). Nitekim kavunda erken dönem WMV enfeksiyonlarının bitki başına meyve sayısını yaklaşık %30 oranında azalttığı da bildirilmiştir (Alonso Prados vd., 1997). Bu bulgular, virüsün kontrolünde enfeksiyonun erken dönemde önlenmesinin kritik önem taşıdığını açıkça ortaya koymaktadır.

Türkiye'deki Durumu

Türkiye'de kabakgil üretim alanlarında yapılan çalışmalar WMV'nin yaygın ve ekonomik açıdan önemli bir virüs olduğunu açıkça ortaya koymaktadır. Farklı bölgelerde gerçekleştirilen survey ve moleküler analizler, WMV'nin çoğunlukla ZYMV, CMV ve PRSV gibi diğer virüslerle birlikte bulunduğunu ve karışık enfeksiyonların yaygın olduğunu göstermektedir. Nitekim Burdur'da yapılan bir çalışmada WMV %14,13 oranında tespit edilirken, Trakya Bölgesi'nde WMV-2'nin kavun ve karpuzda sırasıyla %31,2 ve %34,2 oranlarında bulunduğu ve ZYMV ile birlikte en yaygın enfeksiyon kombinasyonunu oluşturduğu belirlenmiştir (Çulal Kılıç & Kahraman, 2024; Köklü & Yılmaz, 2006). Son yıllarda Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, WMV'nin orta düzeyde yaygınlık gösterdiğini ancak

ZYMV'nin bazı alanlarda daha baskın olduğunu ortaya koymuştur (Şimşek & Korkmaz, 2025). Bu çalışmalarda WMV'nin farklı filogenetik gruplara ayrıldığı ve diğer virüslere kıyasla daha karmaşık bir evrimsel geçmişe sahip olduğu belirlenmiştir.

Türkiye'nin farklı bölgelerinde WMV'nin yaygınlığına ilişkin çalışmalar önemli varyasyonlar göstermektedir. Marmara Bölgesi'nde WMV'nin özellikle Trakya'da baskın olduğu bildirilirken (Nogay & Yorgancı, 1984), Karadeniz ve Orta Karadeniz'de yapılan çalışmalarda enfeksiyon oranlarının %53,9'a kadar çıkabildiği rapor edilmiştir (Sevik & Arlı-Sökmen, 2003; Çıtır vd., 1998). Trakya Bölgesi'nde yapılan bir diğer çalışmada WMV'nin %22 oranında bulunduğu ve karışık enfeksiyonların oldukça yaygın olduğu, özellikle ZYMV ve PRSV ile birlikte görülen kombinasyonların dikkat çektiği bildirilmiştir (Altınay, 2017).

İç Anadolu Bölgesi'nde Konya, Aksaray ve Yozgat illerinde WMV %52–57 oranlarına ulaşan yaygınlık göstermiş ve çoğu zaman ZYMV ile birlikte en baskın virüslerden biri olmuştur (Yeşil, 2014; Yeşil, 2019a,b). Tokat, Nevşehir ve Kastamonu illerinde de WMV'nin orta-yüksek düzeyde yaygın olduğu ve diğer virüslerle birlikte bulunduğu belirlenmiştir (Korkmaz vd., 2018; Yeşil, 2020; Topkaya, 2020). Ankara ve Antalya illerinde yapılan bir diğer çalışmada ise WMV'nin sırasıyla %53 ve %39 oranları ile en yaygın virüs olduğu belirlenmiş ve genel bir değerlendirme yapıldığında analiz edilen tüm örnekler içinde %46 oranıyla ilk sırada yer aldığı, bunu ZYMV'nin takip ettiği bildirilmiştir (Topkaya vd., 2019). Benzer şekilde Eskişehir'de WMV %44,87 oranıyla CABYV'den sonra en yaygın ikinci virüs olarak saptanmış, ayrıca yerel kabak genotiplerinin WMV'ye yüksek duyarlılık gösterdiği ortaya konmuştur (Karabıyık & Yeşil, 2021).

Akdeniz ve Ege bölgelerinde gerçekleştirilen çalışmalar da WMV'nin önemli bir yayılım gösterdiğini ortaya koymaktadır.

Antalya ve Denizli'de yapılan moleküler analizlerde farklı kabakgil türlerinde yüksek enfeksiyon oranları belirlenmiş (Güller vd., 2024a); Adana, Mersin ve Osmaniye'de WMV-2'nin %46,7 oranında bulunduğu rapor edilmiştir (Kamberoğlu ve Keçe, 2016). Akdeniz Bölgesi'nde gerçekleştirilen geniş kapsamlı bir çalışmada ise WMV'nin %14,4'lük bulunma oranıyla ZYMV ve CYSDV'den sonra en yaygın üçüncü virüs olduğu saptanmıştır (Fidan vd., 2024). Ege Bölgesi'nde ise WMV %21,5 ile en yaygın virüs olarak belirlenmiştir (Kaya & Erkan, 2011). Uşak ilinde gerçekleştirilen bir başka çalışmada ise WMV enfeksiyon oranının %52'nin üzerinde olduğu belirlenmiş ve virüsün yabani hardal (*Sinapis arvensis*) ve yabani marul (*Lactuca virosa*) gibi yabancı otlarda da bulunduğu tespit edilerek doğal rezervuarların önemine dikkat çekilmiştir (Dikici, 2019).

Güneydoğu Anadolu ve Doğu Anadolu bölgelerinde de WMV'nin önemli bir yaygınlığa sahip olduğu belirlenmiştir. Diyarbakır ve Mardin'de yapılan çalışmalarda WMV oranı %60'a kadar ulaşırken (Kızmaz vd., 2016; Budak, 2015) Van ve Iğdır'da gerçekleştirilen moleküler analizler, WMV'nin daha düşük oranlarda görülmekle birlikte genetik çeşitlilik açısından önemli bir yapı sergilediğini ortaya koymuştur (Minaz vd., 2025; Güller vd., 2024b). Ayrıca Bingöl'de yapılan çalışmalarda WMV izolatlarının uluslararası izolatlarla yakın filogenetik ilişki gösterdiği belirlenmiştir (Güller & Usta, 2020). Ayrıca yakın tarihli çalışmalarda farklı lokasyonlardan elde edilen bitki örneklerinde WMV'nin yaklaşık %20 oranında bulunduğu ve özellikle kabak ve acur bitkilerinde yaygın olduğu tespit edilmiştir (Balsak, 2025).

WMV'nin Türkiye'deki varlığı yalnızca kültür bitkileri ile sınırlı olmayıp yabancı otlarda da belirlenmiştir. Örneğin *Daucus carota*'da WMV'nin ilk kez tespit edilmesi, virüsün doğal rezervuarlarının önemini ortaya koymaktadır (Randa-Zelyüt vd., 2022). Ayrıca *Sicyos angulatus* gibi istilacı türlerin de konukçu

olabildiği bildirilmiştir (Korkmaz vd., 2016). Bu durum, virüsün epidemiolojisi açısından yabancı otların rolünü vurgulamaktadır.

Moleküler ve filogenetik çalışmalar, Türkiye'deki WMV popülasyonlarının genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ve küresel popülasyonlarla yakın ilişkiler gösterdiğini ortaya koymaktadır. Türkiye kökenli izolatların farklı filogenetik gruplarda yer alabildiği, özellikle Grup 1 ve Grup 3 izolatlarının bulunduğu belirlenmiştir (Kamberoğlu vd., 2015; Karabulut & Köklü, 2025). Ayrıca son çalışmalar, Türk izolatlarının yeni ortaya çıkan (emerging, EM) ve daha stabil ve uzun süredir dolaşımda olan klasik soy (classic, G1) grupları içerisinde dağıldığını ve popülasyonlar arasında gen akışının bulunduğunu göstermektedir (Morca vd., 2025). WMV'nin *P1* genine dayalı analizler ise izolatların belirli filogenetik gruplar altında kümelendiğini ve seçilim baskılarının farklı gruplar arasında değiştiğini ortaya koymuştur (Aydın vd., 2025).

Türkiye'de WMV'nin karışık enfeksiyonları oldukça yaygın olup en sık görülen kombinasyonların WMV + ZYMV ve WMV + ZYMV + PRSV olduğu bildirilmektedir (Yeşil, 2019a; Sarı vd., 2024; Fidan vd., 2024). Bu durum, virüslerin yayılımını artırmakta ve kontrolünü zorlaştırmaktadır.

Genel olarak WMV, Türkiye'de kabakgil üretim alanlarında yaygın olarak bulunan, çoğunlukla diğer kabakgil virüsleriyle birlikte görülen ve yabancı ot rezervuarları aracılığıyla varlığını sürdürebilen önemli bir bitki virüsüdür. Virüsün yaygınlık düzeyi bölgelere göre farklılık göstermekle birlikte, bu değişkenliğin başlıca belirleyicileri arasında iklim koşulları, konukçu bitki çeşitliliği, vektör popülasyon yoğunluğu ve uygulanan kültürel pratikler yer almaktadır.

Yayılımı

Kabakgil virüslerinin coğrafi dağılımı, farklı virüs türlerinin yaygınlık düzeyleri ve çevresel faktörlere bağlı olarak önemli varyasyonlar göstermektedir. Watermelon mosaic virus (WMV) ve ZYMV, dünya genelindeki başlıca kabakgil üretim alanlarında yaygın olarak bulunmakta ve coğrafi dağılımları büyük ölçüde örtüşmektedir; bu nedenle tarla koşullarında sıklıkla karışık enfeksiyonlar halinde görülmektedir.

WMV, özellikle Amerika Birleşik Devletleri'nin güney bölgelerinde, Oklahoma dâhil olmak üzere, kabakgilleri enfekte eden en yaygın virüslerden biri olarak rapor edilmiştir (Ali vd., 2012a,b). Virüs; ABD (Kaliforniya Vadisi), Balkanlar, İsrail, Mısır, İspanya, İtalya, Fransa, Tunus, Türkiye, Hindistan ve Brezilya başta olmak üzere birçok ülkede *Citrullus lanatus* ve diğer kabakgil türlerinde enfeksiyon oluşturarak geniş bir coğrafi yayılım sergilemektedir (Bhargava & Joshi 1960; Bhargava vd., 1975; Lecoq 1992; Lecoq vd., 1998; Yuki vd., 2000; CABI, 2021; Halfeld Vieira vd., 2004; Moradi, 2011; Ali vd., 2012b; Finetti Sialer vd., 2012; Trkulja vd., 2014; Kamberoğlu vd., 2015). Güncel veriler, WMV'nin altı kıtada toplam 73 ülkede bulunduğunu göstermekte olup bu ülkelerin dağılımı Asya'da 21, Avrupa'da 18, Okyanusya'da 11, Kuzey Amerika ve Afrika'da 9'ar ve Güney Amerika'da 5 ülke şeklindedir. WMV'nin kıta ve bazı ülkeler bazında dağılımı Tablo 2'de yer almaktadır.

Tablo 2 incelendiğinde, WMV'nin küresel ölçekte geniş bir yayılıma sahip olduğunu ve özellikle Avrupa ile Asya kıtalarında daha yoğun olarak rapor edildiğini, buna karşın Güney Amerika'da daha sınırlı sayıda ülkede bildirildiğini ortaya koymaktadır (CABI, 2021).

Tablo 2. WMV'nin kıta ve bazı ülkeler bazında dağılımı.

Kıta	Ülke/Bölge	Dağılım	Referanslar
Afrika	Mısır	Mevcut	Ahmed vd., 1990
	Kenya	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Fas	Mevcut, Yaygın	Fischer ve Lockhart, 1974 CABI ve EPPO, 2003
	Nijerya	Mevcut	Apalowo vd., 2025
	Güney Afrika	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
Asya	Çin	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003 Tang vd., 2017 Wang vd., 2017 Wu vd., 2018 Gao vd., 2021 Fu vd., 2025 Xİ vd., 2025
	Hindistan	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003 Keener vd., 2026
	Türkiye	Mevcut	Nogay & Yorgancı, 1984 CABI ve EPPO, 2003 Topkaya vd., 2019 Kamberoglu vd., 2015 Yeşil, 2020 Randa-Zelyüt vd., 2022 Güller vd., 2024a
	İran	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003 Massumi vd., 2007 Bananej & Vahdat, 2008 Hajizadeh & Mohammadi, 2016
	Japonya	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003
Avrupa	Fransa	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003
	İtalya	Mevcut	Purcifull vd., 1984b Rubies-Autonell vd., 1996 Lisa vd., 1997 CABI ve EPPO, 2003
	İspanya	Mevcut	Alonso-Prados vd., 1997 Luis-Arteaga vd., 1998 Alonso-Prados vd., 2003 CABI ve EPPO, 2003 Pérez-de-Castro vd., 2020
	Almanya	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Yunanistan	Mevcut	Avgelis, 1983

			CABI ve EPPO, 2003
Kuzey Amerika	ABD	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003 Wyenandt vd., 2006 Jossey & Babadoost, 2008 Vincelli & Seebold, 2009 Ali vd., 2012b Watanabe vd., 2016 Cespedes vd., 2023 Jailani vd., 2023
	Kanada	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Meksika	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003
	Küba	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Jamaika	Mevcut	Schotman, 1989 CABI ve EPPO, 2003
Okyanusya	Avustralya	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003 Mulholland vd., 2022
	Yeni Zelanda	Mevcut	Purcifull vd., 1984b Fletcher vd., 2000 CABI ve EPPO, 2003 Delmiglio ve Pearson, 2006
	Fiji	Mevcut	Mossop & Fry, 1984 CABI ve EPPO, 2003
	Samoa	Mevcut	Mossop & Fry, 1984 CABI ve EPPO, 2003
	Papua Yeni Gine	Mevcut	Davis vd., 2002
Güney Amerika	Brezilya	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Arjantin	Mevcut	CABI ve EPPO, 2003
	Şili	Mevcut, Yaygın	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003
	Venezuela	Mevcut	Purcifull vd., 1984b CABI ve EPPO, 2003 Romay vd., 2013
	Surinam	Mevcut	Schotman, 1989 CABI ve EPPO, 2003

Kaynak: CABI, 2021'den modifiye edilmiştir.

Bununla birlikte, WMV'nin subtropikal ve tropikal bölgelerde yetiştirilen kabakgillerde nispeten nadir bulunduğu veya bazı durumlarda hiç tespit edilmediği dikkat çekmektedir. Örneğin

Lecoq & Desbiez (2008), Nepal, Sudan ve Fransız Batı Hint Adaları'nda ZYMV'nin yaygın olarak bulunduğunu, WMV'ye ise rastlanmadığını; Florida'da ise WMV'nin kuzey ve orta bölgelerle sınırlı kalırken ZYMV'nin eyalet genelinde dağılım gösterdiğini bildirmiştir. Benzer şekilde Lübnan'da kabakgillerde en yaygın ve şiddetli virüslerin ZYMV ve CABYV olduğu, bunları WMV, PRSV-W ve CMV'nin izlediği belirlenmiştir (Abou-Jawdah vd., 2000). Bu durumun vektör veya rezervuar eksikliği ile açıklanamaması, WMV'nin yayılımını etkileyen ekolojik ve biyolojik faktörlerin daha karmaşık olduğunu düşündürmektedir.

Konukçuları

Potyvirus türlerine ilişkin kayıtların sayısı ve bu virüslerin enfekte edebildiği konukçu bitki yelpazesi giderek artmaktadır (Kaur & Raj, 2021). Bireysel olarak *Potyvirus* türlerinin konukçu aralığı sınırlı olabilse de bu virüsler grup olarak değerlendirildiğinde oldukça geniş bir bitki spektrumuna yayılabilmekte ve 59 bitki familyasına ait yaklaşık 503 türü enfekte edebilmektedir (Hollings ve Brunt, 1981a; Brunt vd., 1996). Bu kapsamda bazı *Potyvirus*'ler, örneğin WMV, görece geniş bir konukçu aralığına sahip olup başta kabakgiller (Cucurbitaceae) olmak üzere çok sayıda kültür bitkisini enfekte edebilmektedir. WMV'nin tek ve çift çenekli bitkilerden oluşan yaklaşık 26–27 familyaya ait 170'ten fazla bitki türünü (Tablo 3) enfekte edebildiği bildirilmektedir (Purcifull vd., 1984b; Lecoq & Desbiez, 2008). Özellikle *Cucurbita pepo, C. maxima ve C. moschata* gibi türler başlıca konukçular arasında yer almakta olup virüs dünya genelinde ılıman iklim kuşağına sahip Akdeniz ülkelerinde yetiştirilen kabakgil türlerinin önemli bir kısmını etkileyerek üretimde sınırlayıcı bir faktör oluşturmaktadır. Bunun yanı sıra WMV; bezelye, bakla, fasulye, havuç, ıspanak ve yonca gibi tarımsal öneme sahip bitkiler ile orkidegillerden (*Vanilla spp., Habenaria radiata*) türlerde de enfeksiyon oluşturabilmektedir (Sastry vd., 2019).

Tablo 3. WMV'nin konukçuları.

Familya	Konukçu	Konukçu Durumu	Referanslar
Aizoaceae	*Tetragonia expansa [T. tetragonioides]* (Yeni Zelanda ıspanağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Amaranthaceae	*Amaranthus caudatus* (sarkan horoz ibiği)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Amaranthus retroflexus (kırmızı köklü horoz ibiği)	Bilinmiyor	Massumi vd., 2007
	Amaranthus viridis (ince horoz ibiği)	Bilinmiyor	Massumi vd., 2007
	Atriplex hortensis (dağ ıspanağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Celosia argentea (tüylü horoz ibiği)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium album (kazyağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium amaranticolor (kazyağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium foetidum	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium *foliosum* (it üzümü)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium hybridum	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium murale (ısırgan yapraklı kazayağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Chenopodium quinoa (kinoa)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Gomphrena globosa (hanım düğmesi)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Spinacia oleracea (ıspanak)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Apiaceae	*Coriandrum sativum* (kişniş)	Deneysel	Brunt vd., 1996; Cespedes vd., 2023
	Daucus carota (yabani havuç)	Diğer	Randa-Zelyüt vd., 2022
Apocynaceae	*Catharanthus roseus* (pervane çiçeği)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Araliaceae	*Panax ginseng* (Asya ginsengi)	Diğer	Kim vd., 2019
Asteraceae	*Cichorium endivia* (hindiba)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Senecio vulgaris (kanarya otu)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Sonchus oleraceus (eşek marulu)	Deneysel	Brunt vd., 1996

	Zinnia elegans (zinya çiçeği)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Brassicaceae	*Capsella bursa-pastoris* (çobançantası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Caprifoliaceae	*Valeriana officinalis* (kedi otu)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Cleomaceae	*Cleome viscosa* (kene otu)	Deneysel	Sánchez vd., 1998
Convolvulaceae	*Ipomoea nil [Pharbitis nil]* (sabah sefası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Cucurbitaceae	*Citrullus colocynthis* (acı karpuz)	Bilinmiyor	Massumi vd., 2007
	Citrullus lanatus (karpuz)	Ana, deneysel	Trkulja vd., 2014; Kamberoglu vd., 2015; Xanthis vd., 2015; Mohammadi vd., 2016; Yuki vd., 2000; Bananej ve Vahdat, 2008; Ali vd., 2012b; Pérez-De-Castro vd., 2020; Mulholland vd., 2022; Apalowo vd., 2025; Brunt vd., 1996
	Cucumis anguria (Batı Hint turşuluk hıyarı)	Diğer	Romay vd., 2013
	Cucumis melo (kavun)	Ana, deneysel	Tamarzizt vd., 2013; Trkulja vd., 2014; Ali vd., 2004; Bananej ve Vahdat, 2008; Alonso-Prados vd., 2003; Pérez-De-Castro vd., 2020; Cho vd., 2021; Brunt vd., 1996
	Cucumis metuliferus (boynuzlu kavun)	Deneysel	Gao vd., 2021; Brunt vd., 1996
	Cucumis sativus (hıyar)	Ana, deneysel	Mohammadi vd., 2016; Yuki vd., 2000; Kostova vd., 2003; Massumi vd., 2007; Bananej & Vahdat, 2008; Kim vd., 2018; Radeva-Ivanova vd., 2022; Brunt vd., 1996
	Cucurbita (kabak)	Bilinmiyor	Jossey & Babadoost, 2008; Bananej & Vahdat, 2008; Topkaya vd., 2019;

			Wyenandt vd., 2006; Pérez-De-Castro vd., 2020
	Cucurbita maxima (helvacı kabağı)	Deneysel	Davis vd., 2002; Ali vd., 2012b; Komorowska vd., 2019; Brunt vd., 1996
	Cucurbita moschata (bal kabağı)	Ana, deneysel	Tang vd., 2017; Kim vd., 2019; Yuki vd., 2000; Pérez-De-Castro vd., 2020; Brunt vd., 1996
	Cucurbita okeechobeensis (Okeechobee kabağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Cucurbita pepo (kabak)	Ana, deneysel	Malandraki vd., 2014; Svoboda vd., 2015; Mohammadi vd., 2016; Zindović vd., 2017; Khanal & Ali, 2018; Mehle vd., 2020; Yeşil, 2020; Radeva-Ivanova vd., 2022; Brunt vd., 1996
	Lagenaria siceraria (su kabağı)	Bilinmiyor	Dukić vd., 2006
	Luffa acutangula (lif babağı)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Luffa aegyptiaca (sünger kabağı)	Diğer	Fu vd., 2025
	Momordica charantia (acı kavun)	Diğer	CABI, 2021
	Sicyos angulatus (yıldız salatalık)	Bilinmiyor	Park vd., 2020
	Trichosanthes cucumerina (yılan kabağı)	Bilinmiyor	Davis vd., 2002
Euphorbiaceae	*Crotum argenteus*	Deneysel	Sánchez vd., 1998
	Euphorbia heterophylla	Deneysel	Sánchez vd., 1998
	Euphorbia marginata (alacalı süt otu)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Fabaceae	*Astragalus sinicus* (sütlü yonca)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Cassia occidentalis (sinameki)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Crotalaria spectablis (gösterişli çıngıraklı otu)	Deneysel	Brunt vd., 1996

	Cyamopsis tetragonoloba (Guar fasulyesi)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Fabaceae (baklagiller)	Diğer	CABI, 2021
	Glycine max (soya)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Lathyrus odoratus (ıtırşahi)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Lupinus albus (beyaz acı bakla)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Lupinus angustifolius (mavi acı bakla)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Macrotyloma uniflorum (at baklası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Medicago hispida [M. polymorpha] (Kaliforniya dikenli yoncası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Medicago sativa (yonca)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Melilotus alba (beyaz çiçekli taş yoncası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Melilotus officinalis (sarı taş yoncası)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Phaseolus lathyroides [Macroptilium lathyroides] (yabani bezelye fasulyesi)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Phaseolus vulgaris (fasulye)	Ana, Deneysel	Mohammadi vd., 2016; Brunt vd., 1996
	Pisum sativum (bezelye)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Robinia pseudoacacia (beyaz çiçekli yalancı akasya)	Diğer	CABI, 2021
	Trifolium incarnatum (kırmızı üçgül)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Trifolium pratense (kırmızı yonca)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Vicia faba (bakla)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Vicia sativa (fiğ)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Vigna unguiculata (börülce)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Vigna unguiculata subsp. cylindrica(uzun börülce)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Linderniaceae	*Torenia fournieri* (dilek kemiği çiçeği)	Deneysel	Brunt vd., 1996
Lythraceae	*Lagerstroemia indica* (oya ağacı)	Diğer	Wu vd., 2018

Malvaceae	*Hibiscus esculentus [Abelmoschus esculentus]* (Bamya)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Lavatera trimestris (gül ebegömeci)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Malva verticillata (Çin ebegümeci)	Diğer	Kim vd., 2019
Musaceae	*Musa paradisiaca* (muz)	Deneysel	Sánchez vd., 1998
Orchidaceae	*Dendrobium anosmum*	Diğer	Watanabe vd., 2016
Passifloraceae	*Passiflora edulis* (çarkıfelek)	Diğer	Watanabe vd., 2016
Pedaliaceae	*Sesamum indicum* (susam)	Deneysel	Shi vd., 2016; Wang vd., 2017
Solanaceae	*Capsicum annuum* (biber)	Bilinmiyor	Tomašechová vd., 2020
	Datura stramonium (şeytan elması)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Nicotiana benthamiana (tütün)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Nicotiana clevelandii (tütün)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Nicotiana glutinosa (tütün)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Nicotiana megalosiphon (uzun çiçekli tütün)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Nicotiana tabacum (tütün)	Deneysel	Brunt vd., 1996
	Solanum lycopersicum (domates)	Diğer	Tamarzizt vd., 2013; Mohammadi vd., 2016

Kaynak: CABI, 2021'den modifiye edilmiştir.

Ayrıca Apiaceae, Asteraceae ve Fabaceae gibi familyalara ait çok sayıda yabancı ot türü ile yabani kabakgil türleri (örneğin *Cucumis anguria* ve *Cucumis myriocarpus*), WMV için önemli rezervuarlar oluşturarak epidemiyolojisinde kritik rol oynamaktadır (Chinnadurai, 2024). Doğal koşullarda enfekte olmuş yabancı otların çoğunlukla belirgin simptom göstermemesi, virüsün çevrede gizli şekilde varlığını sürdürmesine katkı sağlamaktadır (Lecoq & Desbiez, 2008).

Yabancı otların çok sayıda bitki virüsü için önemli rezervuarlar oluşturduğunu ve tarımsal ekosistemlerde hastalıkların yayılımında kritik rol oynadığının bir kanıtı olarak Apablaza vd. (2003), Şili'de domates, biber, kavun, karpuz ve kabak ekili alanlarından toplanan ve virüs enfeksiyonu taşıyan toplam 211 yabancı ot örneğini incelemiştir. Virüslerin tanılanması DAS-ELISA ve mekanik inokülasyon yöntemleri kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Araştırma sonuçlarına göre yabancı ot türlerinin virüs kaynağı olarak göreli önemi azalan sırayla *Datura stramonium*, *Amaranthus* spp., *Raphanus sativus*, *Chenopodium album*, *Galega officinalis*, *Conium maculatum*, *Sonchus asper*, *Malva* spp., *Urtica urens*, *Bidens* spp., *Brassica campestris*, *Sorghum halepense* ve *Solanum* spp. olarak belirlenmiştir. Söz konusu yabancı ot türlerinde, alfalfa mosaic virus (AMV), CMV, tomato spotted wilt virus (TSWV), potato virus Y (PVY), tomato mosaic virus (ToMV) ve WMV olmak üzere bir ile beş arasında değişen sayıda virüsün enfeksiyon oluşturabildiği tespit edilmiştir.

Bu geniş konukçu aralığı ve rezervuar çeşitliliği, WMV'nin tarımsal sistemlerde kalıcılığını artırmakta ve kontrolünü zorlaştırmaktadır. Diğer taraftan kabakgil ve baklagil konukçulara ait WMV ırklarının dünya genelinde yaygın olarak bulunması (Brunt vd., 1996) gerçeği, WMV'nin bitki sağlığı açısından özel bir risk oluşturmadığı şeklinde değerlendirilmektedir (CABI, 2021).

Taşınma Yolları

WMV, deneysel koşullarda enfekteli bitki özsuyunun kullanılmasıyla mekanik olarak taşınabilmekte olup doğal koşullarda yayılımı esas olarak yaprak bitleri (afitler) aracılığıyla non-persistent (kalıcı olmayan) şekilde gerçekleşmektedir. WMV bu yolla çok kısa süreli beslenme denemeleri sırasında (birkaç saniye ile birkaç dakika arasında) kazanılır ve nakledilirler; ayrıca vektör içerisindeki kalma süreleri birkaç saat olup nispeten kısadır (Adams vd., 2012; Lecoq & Desbiez, 2008). Virüsün arazi koşullarında mekanik taşınması mümkün olmakla birlikte, bitki dışında uzun süre canlı kalamaması nedeniyle epidemiyolojik açıdan önemi sınırlıdır. WMV'nin mekanik yolla taşınması daha çok sera koşullarında veya bitkiler arası sık temasın olduğu durumlarda etkili olmaktadır (CABI, 2021). WMV'nin yayılımında en önemli rolü üstlenen yaprak bitleri arasında *Aphis gossypii*, *Myzus persicae*, *Aphis craccivora* ve *Macrosiphum euphorbiae* gibi türler yer almakta olup virüs 19 cins içinde yer alan 40'ın üzerinde yaprak biti türü (Tablo 4) tarafından kısa süreli beslenme sırasında kazanılıp hızla yeni konukçulara aktarılabilmektedir (Purcifull vd., 1984b; Chinnadurai, 2024). Buna ek olarak, Webb & Kok-Yokomi (1993), *Uroleucon pseudambrosiae* türü yaprak bitinin de virüs taşınımında rol aldığını bildirmiştir. Ayrıca, yaprak galeri sineği (*Liriomyza sativae*) de zayıf bir vektör olarak kaydedilmiştir (Zitter & Tsai, 1977).

Vektörle taşınma sürecinde, *Potyvirus*'lere özgü yardımcı bileşen proteini (HC-Pro) kapsid proteiniyle birlikte görev yapmakta ve virüsün vektör tarafından alınması ile iletilmesini mümkün kılmaktadır (Agrios, 2005). Bununla birlikte WMV ve ZYMV'ye ait HC-Pro proteinleri birbirinin yerine geçebilir nitelikte olup her ikisi de her iki türe ait saflaştırılmış virionların taşınmasını etkin şekilde aracılık edebilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008).

Tablo 4. WMV'yi taşıyan yaprak biti türlerinin listesi

Tür Adı	Yaygın Adı	Referans
Acyrthosiphon kondoi (Shinji)	Mavi yonca yaprak biti	Castle vd., 1992
Acyrthosiphon pisum (Haris)	Bezelye yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Aphis citricola (Van der Goot)	Spirea yaprak biti	Adlerz, 1987
Aphis coreopsidis (Thomas)	—	Adlerz, 1978
Aphis craccivora (Koch)	Börülce yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Aphis fabae (Scopoli)	Siyah fasulye yaprak biti	Perring vd., 1992
Aphis glycines (Matsumura)	Soya fasulyesi yaprak biti	Perring vd., 1992
Aphis gossypii (Glover)	Pamuk yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Aphis illinoisensis (Shimer)	Asma yaprak biti	Perring vd., 1992
Aphis middletonii (Thomas)	Mısır kök yaprak biti	Adlerz, 1987
Aphis nasturtii (Kaltenbach)	Cehrigil yaprak biti	Perring vd., 1992
Aphis nerii (Fonscolombe)	İpek otu yaprak biti	Perring vd., 1992
Aphis sambuci (Linnaeus)	Mürver yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Aphis spiraecola (Patch)	Spirea yaprak biti	Adlerz, 1978
Aulacorthum nipponicum (Essig ve Kuwana)	—	Perring vd., 1992
Aulacorthum solani (Kaltenbach)	Yüksük otu yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Brachycaudus cardui (Linnaeus)	Erik-devedikeni yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Brachycaudus helichrysi (Kaltenbach)	Erik yaprak kıvrılması yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971

Capitophorus eleagni (Del Guercio)	—	Adlerz, 1978
Cavariella aegopodii (Scopoli)	Söğüt-havuç yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Cryptomyzus ribis (Linnaeus)	Kırmızı frenk üzümü yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Dysaphis crataegi (Kaltenbach)	Alıç-havuç yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Hyadaphis pseudobrassicae (Davis)	—	Adlerz, 1978
Hyalopterus pruni (Geoffroy)	Erik unlu yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Hysteroneura setariae (Thomas)	Paslı erik yaprak biti	Coudriet, 1962
Liriomyza sativae	Sebze Yaprak kurdu	Zitter & Tsai, 1977
Macrosiphum barri (Essig)	Marul tohum sapı yaprak biti	Coudriet, 1962
Macrosiphum euphorbiae (Thomas)	Patates yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Macrosiphoniella sanborni (Gillete)	Krizantem yaprak biti	Perring vd., 1992
Myzus cerasi (Fabricius)	Siyah kiraz yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Myzus persicae (Sulzer)	Yeşil şeftali yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Neomyzus circumflexum (Buckton)	Yılanyastığı yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Phordon humuli (Schrank)	Şerbetçi otu yaprak biti	Perring vd., 1992
Phordon humuli japonensis (Takahashi)	Asya şerbetçi otu yaprak biti	Perring vd., 1992
Rhopalosiphum maidis (Fitch)	Mısır yaprak biti	Coudriet, 1962
Rhopalosiphum nymphaeae (Linnaeus)	Nilüfer yaprak biti	Adlerz, 1978
Rhopalosiphum padi (Linnaeus)	Kuş kirazı-yulaf yaprak biti	Adlerz, 1978
Rhobodium porosium (Sanderson)	—	Perring vd., 1992
Rhopalosiphum rufiabdominalis (Sasaki)	—	Adlerz, 1978

Semiaphis dauci (Fabricius)	—	Perring vd., 1992
Tetraneura hirsute (Baker)	—	Adlerz, 1978
Toxoptera citricidus (Kirkaldy)	Kahverengi turunçgil yaprak biti	Karl & Schmelzer, 1971
Uroleucon formosanus (Takahashi)	—	Perring vd., 1992
Uroleucon gobonis (Matsumura)	—	Perring vd., 1992
Uroleucon pseudambrosiae	—	Webb & Kok Yokomi, 1993

Kaynak: Ali, 2020'den modifiye edilmiştir.

WMV'nin tohumla taşınabilirliği konukçuya bağlı olarak değişiklik göstermekle birlikte, kabakgillerde ve diğer çoğu kültür bitkisinde tohumla taşındığına dair genel bir bulgu bulunmamaktadır (Nogay & Yorgancı, 1985; Roggero vd., 1999; Sastry vd., 2019). Bununla birlikte, *Robinia pseudoacacia* gibi bazı konukçularda yüksek oranda tohumla taşınabildiği bildirilmiş olup bu durum virüsün epidemiolojisinde konukçuya bağlı farklı yayılım stratejilerinin olabileceğini göstermektedir (Laney vd., 2012; CABI, 2021). Ayrıca WMV'nin vanilyada vejetatif çoğaltım yoluyla da taşınabildiği ifade edilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008). Virüsün doğal yayılımı genellikle kısa mesafelerle sınırlıdır. Uzun mesafeli yayılım ise çoğunlukla enfekteli bitki materyalinin taşınması ile gerçekleşmektedir (CABI, 2021). Bunun yanında, *Potyvirus*'ler yabancı otlar ve çok yıllık konukçu bitkilerde varlıklarını sürdürebilmekte ve bu rezervuarlar aracılığıyla yeni üretim sezonlarında yeniden enfeksiyon kaynağı oluşturmaktadır (Agrios, 2005).

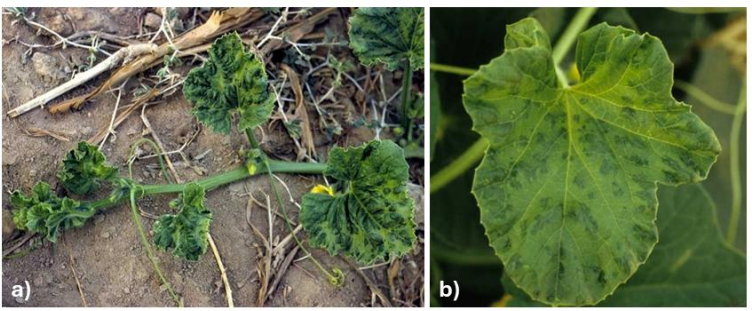
WMV'nin yayılım dinamikleri açısından bir değerlendirme yapıldığında bunun; vektör yoğunluğu, konukçu bitki varlığı, çevresel koşullar ve tarımsal uygulamalar gibi birçok faktörün etkileşimi ile şekillenmekte olduğu ve özellikle yaprak bitlerine dayalı non-persistent taşınma mekanizmasının virüsün hızlı ve geniş çaplı yayılımında belirleyici rol oynadığı söylenebilir.

Simptomatolojisi

Bitki virüslerinin neden olduğu simptomların doğru şekilde yorumlanması, hastalıkların teşhisi ve yönetimi açısından kritik bir öneme sahiptir. Virüs enfeksiyonlarının oluşturduğu belirtiler enfeksiyonun gerçekleştiği dönemde bitkinin yaşı, yetiştirilen çeşit, konukçu tür ve çevresel koşullara bağlı olarak önemli ölçüde değişiklik göstermektedir. Ayrıca benzer belirtiler böcek zararları, herbisit toksisitesi, beslenme bozuklukları ve diğer çevresel faktörler

nedeniyle de ortaya çıkabileceğinden yalnızca simptomlara dayalı tanı çoğu zaman güvenilir değildir (Chinnadurai, 2024). WMV enfeksiyonları, başta kabakgiller olmak üzere birçok konukçuda genel olarak benzer simptomatik özellikler sergilemekte olup yapraklarda hafif klorozdan şiddetli mozaiklenmeye kadar değişen belirtiler, damar bantlaşması, yaprak deformasyonları, yaprak kenarlarında derin diş oluşumları, iplikleşme, boğum aralarının kısalması ve bitki gelişiminde gerileme gibi morfolojik değişiklikler (Şekil 4) gözlenmektedir (Ali, 2020; Chinnadurai, 2024). Enfekteli bitkilerde ayrıca yaprak damarlarının arasında kloroz, yaprakların sıklaşması ve bitkide bodurlaşma gibi belirtiler de görülebilmektedir.

Şekil 4. WMV'nin yaprak belirtileri a-) Yapraklarda belirgin mozaik desen oluşumuyla birlikte buruşma ve kabarıklığa bağlı şekil bozuklukları, b-) Damarlar boyunca belirgin damar bantlaşması ve yaprak ayasında beneklenme şeklinde mozaik renklenme.



Kaynak: Ephytia, 2026

Meyve belirtileri ise kalite ve pazar değerini doğrudan etkileyecek nitelikte olup deformasyon, meyve yüzeyinde yumrulu büyüme, rengin düzensiz bir şekilde dağılması, beneklenme ve mozaik desenler şeklinde ortaya çıkmaktadır (Şekil 5).

Şekil 5. WMV'nin a-) Olgunlaşmamış kavun meyvesi üzerinde belirgin mozaik lekeleri, b-) Olgun kavun meyvelerde görülen hafif mozaik belirtileri.



Kaynak: Ephytia, 2026

Bu simptomlar özellikle hassas çeşitlerde daha belirgin olup bazı izolatlar meyve renginde değişikliklere ve şekil bozukluklarına neden olurken bazıları ise daha hafif etkiler oluşturabilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008). Örneğin karpuz (*Citrullus lanatus*) bitkilerinde yapraklarda mozaik, damar bantlaşması ve kabarcık oluşumuyla birlikte değişen şiddetlerde deformasyonlar gözlenirken meyvelerde ise renk değişimleri ve hafif şekil bozuklukları ortaya çıkabilmektedir (Crescenzi vd., 2001). Kabak ve balkabağında sistemik mozaik veya beneklenme, zaman zaman yaprak deformasyonları; kavunda ise yaprak belirtilerine ek olarak meyve yüzeyinde koyu yeşil lekelenmeler rapor edilmiştir. Bezelye gibi bazı baklagil konukçularda ise nekrotik lokal lezyonlar ve sistemik nekroz gelişebilmektedir (CABI, 2021).

WMV enfeksiyonları bitkilerde büyüme hızının azalmasına ve önemli verim kayıplarına yol açmaktadır. Bununla birlikte WMV, sıklıkla CMV ve ZYMV gibi diğer virüslerle birlikte karışık enfeksiyonlar hâlinde bulunduğundan simptomların şiddeti değişebilmekte veya maskelenebilmektedir; bu durum arazi koşullarında doğru teşhisi zorlaştırmaktadır (CABI, 2021). Deneysel konukçularda ise *Chenopodium amaranticolor*'da klorotik lokal

lezyonlar ve *Nicotiana benthamiana*'da sistemik mozaik gibi tipik belirtiler rapor edilmiştir (CABI, 2021).

Teşhisi

Bitki virüs hastalıklarının teşhisinde en önemli zorluklardan birisi de farklı virüslerin benzer simptomlara neden olması ve kabakgillerde karışık (çoklu) enfeksiyonların oldukça yaygın görülmesidir; bu nedenle yalnızca semptomlara dayalı teşhis çoğu zaman güvenilir sonuçlar vermemektedir (Chinnadurai, 2024). Nitekim kabakgil mozaik hastalıklarının erken dönem çalışmalarında yaşanan karışıklıklar özellikle WMV, PRSV ve MWMV'nin benzer belirtiler oluşturması ve uygun tanı yöntemlerinin yetersizliğinden kaynaklanmıştır. Günümüzde *Potyvirus* türlerinin ve bunlara ait izolatların doğru şekilde ayırt edilebilmesi için biyolojik, serolojik ve moleküler yöntemlerin birlikte kullanılması gereklidir (Desbiez & Lecoq, 2004; Desbiez vd., 2002; Abdalla & Ali, 2012; Abdalla & Ali, 2018). Bununla birlikte, özellikle WMV, ZYMV ve PRSV'nin sıklıkla karışık enfeksiyonlar şeklinde bulunması, tanı süreçlerini önemli ölçüde güçleştirmektedir (Desbiez & Lecoq, 2004; Lecoq & Desbiez, 2008; Ali vd., 2012a,b).

Tanı yöntemleri arasında biyolojik testler, elektron mikroskobu, serolojik analizler ve nükleik asit temelli teknikler yer almakta olup her bir yöntemin avantaj ve sınırlılıkları bulunmaktadır (Chinnadurai, 2024). Mekanik inokulasyon ve test bitkileri kullanılarak yapılan biyolojik testler virüslerin ayırt edilmesine katkı sağlasa da zaman alıcı ve iş gücü yoğun yöntemlerdir (Horvath, 1979; Huang vd., 1993b). Elektron mikroskobu ise yüksek doğruluk sağlamakla birlikte pahalı olması ve uzmanlık gerektirmesi nedeniyle rutin kullanımı sınırlıdır. Serolojik yöntemler arasında özellikle DAS-ELISA, çok sayıda örneğin hızlı analizine olanak sağlaması nedeniyle yaygın olarak kullanılmakta ve WMV için ticari

kitler bulunmaktadır; ancak bu yöntemin duyarlılığı ve özgüllüğü kullanılan antikorların kalitesine bağlıdır ve poliklonal antiserumlar bazı durumlarda ZYMV gibi yakın akraba virüslerle çapraz reaksiyon verebilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008). Bu sınırlılık, monoklonal antikorların geliştirilmesiyle büyük ölçüde aşılmış ve serotipik farklılıkların daha hassas şekilde belirlenmesi sağlanmıştır (Purcifull & Hiebert, 1979; Somowiyarjo vd., 1990; Suzuki vd., 1991).

Son yıllarda nükleik asit temelli yöntemler, özellikle ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PCR) ve türevleri (RT-qPCR) yüksek duyarlılık ve özgüllükleri nedeniyle yaygın olarak kullanılmaktadır (Moradi, 2011; Torre vd., 2020). Ayrıca RT-PCR ve Nested PCR kombinasyonları konsensus dizilerinde düşük düzeyde farklılık gösteren *Potyvirus*'lerin ayırt edilmesinde ve CP geninin tam dizilerinin elde edilmesinde etkili bir yaklaşım olarak önerilmiştir (Yamamoto ve Fuji, 2008). Multiplex RT-PCR gibi yöntemler, aynı reaksiyon içinde birden fazla virüsün eş zamanlı olarak tespit edilmesine olanak tanıyarak WMV, ZYMV ve PRSV gibi benzer simptomlara neden olan virüslerin hızlı ve güvenilir şekilde ayrımını mümkün kılmaktadır (Rajbanshi & Ali, 2019). Gerçek zamanlı PCR (RT-qPCR), immunocapture (IC) PCR ve LAMP gibi teknikler de düşük konsantrasyonlardaki virüslerin tespitinde yüksek başarı göstermektedir. Ayrıca mikroarray teknolojisi, floresan mikroküre tabanlı analiz sistemleri (Luminex/xMAP) ve yüksek kapasiteli dizileme (YKD) gibi ileri moleküler yaklaşımlar hem bilinen hem de yeni virüslerin tanımlanması, genetik çeşitliliğin incelenmesi ve viral etkileşimlerin anlaşılmasında önemli avantajlar sunmaktadır (Chinnadurai, 2024).

WMV için kapsid protein (CP) genine ait çok sayıda nükleotid dizisinin bulunması özgül primerlerin geliştirilmesini mümkün kılmış ve moleküler tanı yöntemlerinin etkinliğini artırmıştır. Bununla birlikte, arazi koşullarında hızlı tarama amacıyla

DAS-ELISA hâlen pratik bir yöntem olarak kullanılmaktadır. Öte yandan, virüslerin saflaştırılması ve RNA izolasyonu süreçlerinde agregasyon ve yöntem standardizasyonuna ilişkin bazı teknik zorluklar bulunmaktadır (Philip & Patrick, 1998). Sonuç olarak, WMV'nin güvenilir teşhisi için simptom gözlemlerinin tek başına yeterli olmadığı, bu nedenle serolojik ve özellikle moleküler yöntemlerin birlikte kullanıldığı çok yönlü bir yaklaşımın benimsenmesinin gerekli olduğu kabul edilmektedir.

Epidemiyolojisi

Bitki virüslerinin epidemiyolojisinin anlaşılması, hastalıkların tarla koşullarındaki gelişiminin açıklanması ve etkili kontrol stratejilerinin belirlenmesi açısından büyük önem taşımaktadır. *Potyvirus* epidemiyolojisi, başlıca yaprak biti vektörleri aracılığıyla gerçekleşen yayılım süreçleri ve çevresel koşulların etkileşimiyle şekillenmektedir. Her üretim sezonunda WMV, çok yıllık konukçular, yabancı otlar veya nadiren enfekte bitki materyallerinden yeni ekilen sağlıklı bitkilere yaprak bitleri tarafından non-persistent şekilde taşınmakta ve primer enfeksiyon kaynaklarını oluşturmaktadır (Agrios, 2005; Lecoq & Desbiez, 2008). Enfekteli bitkiler kısa sürede ikincil yayılım için yeni rezervuarlar haline gelmekte ve sezon ilerledikçe yaprak biti popülasyonunun artışıyla hastalık hızlı bir şekilde yayılmaktadır. Epidemik gelişim genellikle S-şeklinde bir eğri izlemekte olup başlangıçta yavaş seyreden enfeksiyon oranı daha sonra hızlanarak kısa sürede tarla genelinde yüksek enfeksiyon seviyelerine ulaşabilmektedir. Özellikle erken dönemde enfekte olan genç bitkilerde verim kayıpları daha yüksek olmakta ve uygun koşullarda enfeksiyon oranı %100'e kadar çıkabilmektedir (Agrios, 2005).

WMV epidemilerinin oluşumunda yabancı otlar ve doğal flora önemli bir rol oynamaktadır ve bu bitkiler virüs için kalıcı rezervuarlar sağlayarak yeni sezon enfeksiyonlarının başlıca

kaynağını oluşturmaktadır (Lecoq & Katis, 2014). Tropikal ve subtropikal bölgelerde yıl boyunca yeşil bitki örtüsünün bulunması, virüsün sürekli dolaşımına olanak tanırken; ılıman bölgelerde özellikle kabakgil dışı yabancı otların WMV için önemli rezervuarlar olduğu belirlenmiştir (Lecoq & Desbiez, 2008). Ayrıca enfekteli bitki artıkları, küçük ölçekli bahçelerde yetiştirilen kabakgiller ve hatta enfekteli meyveler de potansiyel inokulum kaynakları arasında yer almaktadır (Perring vd., 1992; Lecoq vd., 2003). Virüslerin doğal konukçu rezervuarlarına sahip olması, tarımsal alanlarda hastalığın sürekliliği ve yayılım dinamikleri açısından kritik bir rol oynamaktadır. Bu bağlamda, Fransa'da hem ZYMV hem de WMV bulunmasına rağmen, yalnızca WMV'nin bölgede önemli doğal rezervuar konukçulara sahip olması, ZYMV'nin Fransa genelindeki yaygınlığının parçalı ve düzensiz bir dağılım göstermesini açıklamaktadır (Lecoq vd., 2014).

WMV ve diğer kabakgil virüslerinin sıklıkla karışık enfeksiyon oluşturma eğilimi epidemiolojik süreçleri de önemli ölçüde etkilemektedir. Özellikle ZYMV ve CMV gibi virüslerle birlikte görülen enfeksiyonlarda sinerjistik etkiler ortaya çıkabilmekte virüs çoğalma oranları artmakta veya daha şiddetli simptomlar gelişebilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008). Bununla birlikte bazı durumlarda rekabet söz konusu olmakta ve örneğin ZYMV'nin WMV'ye karşı üstünlük sağlayabildiği, aynı bitkide ZYMV replikasyonu korunurken WMV'nin baskılandığı vakalar ortaya çıkabilmektedir. Buna rağmen WMV, ZYMV'nin konukçu-vektör ilişkisini manipüle etmesi sayesinde karışık enfeksiyonlarda dolaylı avantaj elde edebilmektedir (Salvaudon vd., 2013; Stobbe & Roossinck, 2016).

WMV epidemiyolojisi coğrafi bölgelere göre farklılık gösterebilmekte olup belirli virüslerin baskınlığı yerel koşullara bağlıdır. Örneğin bazı bölgelerde PRSV ve ZYMV daha yaygınken WMV daha düşük oranda bulunabilmektedir (Romay vd., 2014).

Ayrıca WMV ve ZYMV benzer vektörlere sahip olmalarına rağmen epidemiyolojik davranışları farklıdır; WMV enfeksiyonları genellikle daha erken ve düzenli bir yayılım gösterirken, ZYMV epidemileri daha düzensiz ve geç dönemde ortaya çıkmaktadır. Bu farklılığın, yabancı ot rezervuarlarındaki enfeksiyon oranlarının değişkenliğinden kaynaklandığı düşünülmektedir (Lecoq vd., 2014).

WMV'nin epidemiyolojisi vektör dinamikleri, konukçu çeşitliliği, yabancı ot rezervuarları ve çevresel faktörlerin karmaşık etkileşimine bağlıdır. Bu nedenle hastalığın yönetiminde erken enfeksiyon kaynaklarının ortadan kaldırılması, vektör kontrolü ve entegre mücadele stratejilerinin uygulanması büyük önem taşımaktadır.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Bitki virüsleri, çoğalmak için konukçu hücrelerin metabolik sistemine bağımlı olduklarından bitkiye zarar vermeden doğrudan ortadan kaldırılmaları oldukça zordur. Genetik çeşitlilik düzeyi yüksek olan WMV, epidemiolojik açıdan dinamik ve uyum yeteneği güçlü bir patojen olarak tarımsal üretim sistemleri için önemli bir tehdit oluşturmaktadır. Bu nedenle WMV'nin kontrolünde tek bir yönteme dayalı yaklaşımların yetersiz kaldığı açık olup enfeksiyonu önlemeye ve yayılımı sınırlandırmaya yönelik sürdürülebilir bir mücadele için çok yönlü ve entegre stratejilerin benimsenmesi zorunludur (Chinnadurai, 2024). Özellikle düzenli ve sistematik izleme çalışmaları, virüs popülasyonlarındaki değişimlerin erken belirlenmesini sağlarken dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ve kullanımı, enfeksiyonun temel basamakta sınırlandırılmasında kritik rol oynamaktadır. Bununla birlikte, yalnızca genetik dayanıklılığa dayalı yaklaşımlar, virüsün evrimsel kapasitesi nedeniyle uzun vadede sınırlı kalabilmektedir.

Bu bağlamda, sağlıklı fide kullanımı, yabancı ot rezervuarlarının ortadan kaldırılması, vektör popülasyonlarının etkin

yönetimi ve uygun agronomik uygulamaların birlikte yürütülmesi gereklidir. Ayrıca modern biyoteknolojik yaklaşımlar (örneğin RNA susturma temelli dayanıklılık veya transgenik stratejiler), mevcut mücadele yöntemlerine güçlü tamamlayıcı araçlar sunmaktadır. Dolayısıyla, WMV ile mücadelede başarı; yalnızca tekil yöntemlerin uygulanmasına değil, bu yöntemlerin birbirini destekleyecek şekilde bütüncül bir sistem içerisinde entegre edilmesine bağlıdır. Bu yaklaşım, hem hastalık yayılımını etkin bir şekilde sınırlamakta hem de uzun vadede üretim kayıplarını minimize ederek sürdürülebilir tarımsal üretimin devamlılığını sağlamaktadır.

Bu çerçevede, WMV kontrolünde kullanılan klasik yöntemler (Sanitasyon, vektör Yönetimi ve kültürel–fiziksel mücadele stratejileri) ve başlıca modern biyoteknolojik yaklaşımlar olan çapraz korunma, konukçu dayanıklılığı, transgenik uygulamalar ve patojen kaynaklı dayanıklılık mekanizmaları kapsamlı olarak değerlendirilmiştir.

WMV Yönetiminde Sanitasyon, Vektör Kontrolü ve Kültürel–Fiziksel Uygulamalar

WMV'nin mekanik olarak taşınan bir virüs olması sebebiyle özellikle sera ortamı gibi kapalı üretim ortamlarında kullanılan alet ve ekipmanın sterilize edilmesi, enfekteli bitkilerle temas sonrası ellerin yıkanması gibi hijyenik önlemler oldukça önemlidir (Chinnadurai, 2024). Bunun yanı sıra, vektör olan yaprak bitleri ve diğer böcek popülasyonlarının azaltılması, virüsün sekonder yayılımını sınırlandırmada önemli bir stratejidir. Ancak WMV'nin non-persistent şekilde taşınması nedeniyle insektisit uygulamaları genellikle sınırlı etkiye sahip olup yalnızca enfeksiyonu geciktirebilmektedir (CABI, 2021; Lecoq & Desbiez, 2008). Mineral yağ uygulamalarının, WMV yayılımını belirli ölçüde azaltabildiği bildirilmiş olmakla birlikte (Chalfant & Young, 1984; Webb & Linda, 1993; Orozco vd., 1994), bazı konukçularda fitotoksik

etkilere yol açabildiği de rapor edilmiştir (Orozco vd., 1994; Webb & Linda, 1993). Öte yandan, kabak bitkisinde gerçekleştirilen çalışmalarda yalnızca haftalık JMS stylet yağı uygulamalarının yeterli düzeyde koruma sağlamadığı; ancak bu uygulamanın alüminyum folyo malç ile beraber kullanılması durumunda verim kaybının %30'dan %16'ya kadar düşürülebildiği ortaya konmuştur (Mansour, 1997).

Fiziksel ve kültürel mücadele yöntemleri arasında yansıtıcı (reflektif) plastik malçlar ve sıra örtüleri önemli yer tutmaktadır. Yansıtıcı malçlar, özellikle bitkilerin erken gelişim dönemlerinde yaprak bitlerini uzaklaştırarak enfeksiyonun gecikmesini sağlamakta ve bu yolla verim kayıplarını azaltmaktadır (Lamont vd., 1990; Brown vd., 1993; Lecoq & Desbiez, 2008; Lecoq vd., 1983; Giunchedi vd., 1991; Mansour vd., 2000). Deneysel çalışmalarda gümüş veya gümüş-siyah malç uygulamalarının WMV enfeksiyon oranını düşürdüğü ve verimi artırdığı gösterilmiştir (Murphy vd., 2009). Bununla birlikte, bu uygulamaların etkinliği bitkilerin gelişmesiyle azalmakta ve önemli miktarda plastik materyal kullanımını gerektirmektedir. Sıra üzeri örtüler ise yaprak bitlerinin bitkilere ulaşmasını fiziksel olarak engelleyerek enfeksiyonu azaltmakta ancak tozlaşma için belirli bir dönemde kaldırılmaları gerekmektedir (Perring vd., 1989; Orozco vd., 1994; Espinoza & McLeod, 1994). Ancak ışık şiddetinin düşük olduğu sonbahar ekimlerinde Perring vd. (1989), bu uygulamanın verimde artış sağlamadığını bildirmiştir.

Kabakgillerde WMV'nin yaygınlığını etkileyen başlıca kültürel uygulamalar arasında bitki sıklığı (Fegla & Badr, 1979) ile ekim zamanı ve gübreleme düzeyi (Abo-Elyazid vd., 1990) yer almaktadır. Bu üretim faktörlerinin, vektör popülasyonları ve bitki gelişimi üzerindeki etkileri aracılığıyla hastalık insidansını dolaylı olarak şekillendirdiği bildirilmektedir.

Tarla yönetiminde erken ekim uygulamaları, yoğun yaprak biti uçuşlarının olduğu dönemlerden kaçınılmasını sağlayarak enfeksiyon riskini azaltabilmektedir (Mansour, 1997). Ayrıca farklı üretim teknikleri, örneğin kabak ile sorgumun birlikte yetiştirilmesi WMV ve PRSV enfeksiyon oranlarını önemli ölçüde düşürebilmektedir (Damicone vd., 2007). Tuzak bitki uygulamaları da vektörleri ana üründen uzaklaştırmak amacıyla kullanılabilmekle birlikte beyazsinekler veya yaprak bitleri için uygulanabilir bir mücadele yöntemi olup olmadığı kesin olmamakla birlikte etkinlikleri değişken sonuçlar verebilmektedir (Shelton & Badenes-Perez, 2006; Lee vd., 2009).

Epidemiyolojide önemli rol oynayan yabancı otlar ve arazide bir önceki üretim sezonundan kalan ve bir sonraki yıl kendi gelen bitkiler, virüs için rezervuar görevi gördüğünden özellikle Apiaceae, Asteraceae ve Fabaceae familyalarına ait yabancı otların ve hasat sonrası bitki artıklarının ortadan kaldırılması önemlidir. Özellikle örtü altı yetiştiricilik uygulamalarında eradikasyon yani ilk belirtilerin görülmesiyle birlikte enfekteli bitkilerin ortamdan uzaklaştırılması, virüsün yayılmasını durdurmak veya daha da sınırlandırmak amacıyla uygulanabilir. Ancak, bu bitkilerin ilk belirtiler ortaya çıkmadan önce dahi etkili bir virüs kaynağı olarak işlev görebileceği göz önünde bulundurulmalıdır (Lecoq & Katis, 2014).

Çapraz Korunma

Çapraz korunma, kabakgil ürünlerinde özellikle ZYMV'ye karşı ticari ölçekte uygulanabilen bir biyolojik kontrol yöntemidir (Lecoq & Desbiez, 2008). Bu yaklaşımda, bitkilere ekonomik açıdan önemli zarara yol açmayan zayıf bir virüs izolatı erken dönemde inokule edilerek aynı virüsün daha şiddetli (virülent) ırklarına karşı koruma sağlanmaktadır. Bu amaçla ılımlı WMV izolatlarının da tanımlanmış olması, bu yöntemin WMV için de potansiyel bir

mücadele stratejisi olabileceğini göstermektedir (Lecoq, 1998; Lecoq & Desbiez, 2008). Bu tür zayıflatılmış ırklar, doğal olarak ortaya çıkabildiği gibi sıcaklık uygulamaları, kimyasal işlemler (örneğin nitroz asit) veya UV ışınımı gibi yöntemlerle de elde edilebilmektedir (Fuchs vd., 1997a; Nischiguchi & Kobayashi, 2011). Japonya'da, enfekteli bitkilerin soğuk uygulamaya tabi tutulması, ZYMV, SMV ve WMV'nin mutant ve zayıflatılmış ırklarını rastgele oluşturmak için bir yöntem olarak kullanılmıştır (Kameya-Iwaki vd., 1992; Kosaka & Fukunishi, 1993, 1997; Kosaka vd., 2006).

Deneysel çalışmalar hem tekli hem de çoklu zayıflatılmış virüs uygulamalarının etkili olabileceğini göstermektedir. Nitekim sera koşullarında WMV'nin zayıf bir ırkının kabak, salatalık, kavun ve karpuzda şiddetli izolatlara karşı koruma sağladığı belirlenmiştir (Kameya-Iwaki vd., 1992). Tarla koşullarında ise WMV, ZYMV ve CMV'ye karşı zayıf ırklarla gerçekleştirilen inokülasyonların virüs baskısının yüksek olduğu dönemlerde verimi artırdığı; ancak tamamen sağlıklı kontrol bitkilerine kıyasla yaklaşık %15 oranında verim kaybına yol açabildiği bildirilmiştir (Kosaka ve Fukunishi, 1997). Bu bulgular, çapraz korunma yönteminin uygun koşullarda etkili bir alternatif mücadele stratejisi olabileceğini, ancak uygulama düzeyinde dikkatli planlama gerektirdiğini ortaya koymaktadır.

Dayanıklı Çeşitler

Virüslere dayanıklı çeşitlerin kullanımı, bitki virüs hastalıklarının kontrolünde en etkili ve ekonomik yaklaşımlardan biri olup dayanıklılık ıslahı büyük ölçüde genetik kaynaklardaki dayanıklılık özelliklerinin belirlenmesi ve bu genlerin ticari çeşitlere aktarılmasına dayanmaktadır (Lecoq & Desbiez, 2008). Virüslere dayanıklılık, virüsün yaşam döngüsünü hücre, organ, bitki veya popülasyon düzeylerinde bozabilen her türlü özelliktir (Lecoq vd., 2004; Moury vd., 2011). WMV'ye karşı dayanıklılık farklı bitki

türlerinde tanımlanmış olup *Phaseolus vulgaris*'te belirlenen *Wmv* ve *Hsw* genleri sırasıyla virüsün sistemik yayılımını engellemekte ve çoğalmasını baskılamaktadır (Provvidenti, 1974; Kyle ve Provvidenti, 1987; Kyle & Dickson, 1988; Scully vd., 1995). Benzer şekilde WMV dayanıklılığı ayrıca su kabağı (*Lagenaria siceraria*) (Provvidenti, 1995), hıyar (Takeda & Gilbert, 1975; Wai & Grumet, 1995; Caciagli, 2009), kavun (Moyer vd., 1985; Munger, 1991; Gilbert vd., 1994), balkabağı (Herrington vd., 1991), kabak, sakız kabağı ve balkabağı (Gilbert-Albertini vd., 1993; Caciagli, 2009) ve karpuzda (Gillaspie & Wright, 1993; Graves Gillaspie & Jarret, 1997) farklı çeşitlere aktarılmıştır.

Günümüzde benzer biyoteknolojik ürünler, özellikle WMV ve ZYMV inokulum yoğunluğunun yüksek olduğu yaz sonu ve sonbahar dönemlerinde, başta ABD'nin güneydoğusu olmak üzere çeşitli bölgelerde yetiştirilmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008).

Geniş genetik taramalar, bazı kabak türlerinde yüksek düzeyde dayanıklı genotiplerin bulunduğunu ortaya koymuş, ayrıca kavunda vektör olan *Aphis gossypii*'ye karşı geliştirilen dayanıklılık mekanizmalarının virüs taşınımını sınırlandırabildiği gösterilmiştir (Křístková & Lebeda, 2000; Pitrat vd., 1982; Gray vd., 1986; Kishaba vd., 1992).

WMV ve ZYMV'ye karşı dayanıklılık genetik olarak farklı şekillerde kontrol edilmektedir. Bazı genler tam ve kalıcı dayanıklılık sağlarken diğerleri yalnızca kısmi dayanıklılık sunmakta veya virüsün evrimleşmesiyle etkinliğini kaybedebilmektedir. Kavunda tanımlanan *Wmr/wmr* genleri ve hıyarda bildirilen *Wmv* genleri bu dayanıklılığın önemli örnekleri arasında yer almaktadır (Lecoq & Katis, 2014). Özellikle PI 414723 genotipinde belirlenen monogenik-dominant *Wmr* dayanıklılığı, basit kalıtım yapısı nedeniyle ıslah çalışmalarında büyük avantaj sağlamaktadır (Gilbert vd., 1994). Bununla birlikte bazı genotiplerde dayanıklılık mekanizması virüs çoğalmasını sınırlamak yerine virüs

titresini azaltarak simptomların hafiflemesine yol açmakta ve bu durum kısmi dayanıklılık olarak değerlendirilmektedir (Diaz-Pendon vd., 2005). Van Gölü Havzası'nda ZYMV ve WMV'ye karşı dayanıklılık genlerinin belirlenmesine yönelik yapılan bir çalışmada ise incelenen kavun genotiplerinden 4'ünün ZYMV ve WMV'ye ait moleküler belirteçleri taşıdığı saptanmıştır. Ayrıca, 20 genotipte ZYMV ve WMV ile birlikte CMV-B2 ile ilişkili tüm belirteçlerin bir arada bulunduğu bildirilmiştir (Turan & Erdinç, 2022).

Dayanıklılık yalnızca bitki-virüs etkileşimi ile sınırlı olmayıp vektör ilişkilerini de kapsayabilmektedir. Kavunda *Aphis gossypii*'ye karşı tanımlanan ve tek bir dominant gen tarafından kontrol edilen *Vat* geni, WMV ve ZYMV'ye karşı belirli düzeyde koruma sağlamakta; ancak virüslerin birden fazla yaprak biti türü tarafından taşınabilmesi nedeniyle tarla koşullarında bu korumanın sınırlı olduğu bildirilmektedir (Lecoq vd., 1979; Lecoq vd., 1980). Genel olarak, bitki-virüs etkileşimlerinde dayanıklılıklar çoğunlukla kantitatif olup orta düzeyde koruma sağlamaktadır.

WMV'ye karşı dayanıklılık düzeyi bitki türüne bağlı olarak değişmekte olup bazı türlerde yeterli konvansiyonel dayanıklılık kaynakları bulunurken diğerlerinde sınırlı düzeyde kalmaktadır. Bu nedenle, dayanıklı çeşitlerin kullanımı virüsle mücadelede temel bir strateji olmakla birlikte yüksek inokulum yoğunluğu bulunan alanlarda tek başına yeterli olmayabilir ve diğer entegre mücadele yöntemleriyle birlikte uygulanması gerekmektedir (Lecoq & Desbiez, 2008).

Transgenik Bitkiler

Biyoteknolojik yaklaşımlar kapsamında, patojen-kökenli dayanıklılık prensibine dayalı olarak geliştirilen transgenik bitkiler, *Potyvirus*'lere karşı umut verici sonuçlar ortaya koymuştur. Özellikle kılıf proteini veya viral replikasyon ile ilişkili genleri

taşıyan transgenik bitkiler farklı düzeylerde dayanıklılık gösterebilmektedir (Agrios, 2005). Bu kapsamda en etkili yöntemlerden biri, dayanıklı veya toleranslı çeşitlerin kullanımıdır; ancak uygun çeşitlerin seçimi için virüsün doğru ve erken teşhisi büyük önem taşımaktadır.

Birçok araştırma grubu, WMV ve diğer kabakgil virüslerine karşı dayanıklı transgenik bitkiler geliştirmiş olup bu çalışmalar *Cucumis melo* (Fuchs vd., 1997b; Huttner vd., 1999; Wang vd., 2000) ve *Cucurbita pepo* (Arce-Ochoa vd., 1995; Tricoli vd., 1995; Fuchs vd., 1998) gibi önemli kabakgil türlerinde yoğunlaşmıştır. Bu çalışmalar, biyoteknolojik yaklaşımların virüs dayanıklılığı kazandırmada etkili bir araç olduğunu göstermektedir. Nitekim ZYMV ve WMV'ye dayanıklı kabak çeşitleri, 1994 yılı gibi erken bir tarihte Amerika Birleşik Devletleri'nde ticari olarak kullanıma sunulan ilk transgenik virüs dayanıklı bitkiler arasında yer almıştır (Medley, 1994; Tricoli vd., 1995).

Bununla birlikte, konvansiyonel ıslah çalışmalarında olduğu gibi yüksek ve sürdürülebilir verim elde edebilmek için WMV'ye karşı dayanıklılığın çoğunlukla CMV ve/veya ZYMV'ye karşı dayanıklılıkla birlikte değerlendirilmesi gerektiği vurgulanmaktadır (Fuchs & Gonsalves, 1995).

Patojen Kökenli Dayanıklılık

Patojen kökenli dayanıklılık (pathogen-derived resistance, PDR), bitkilerin patojenlere ait gen veya dizileri ifade etmesi yoluyla aynı ya da ilişkili virüslere karşı dayanıklılık kazanması prensibine dayanmaktadır. Bu kavram ilk olarak Sandford ve Johnston (1985) tarafından ortaya atılmış ve *tobacco mosaic virus* (TMV)'nin kapsid protein (CP) genini ifade eden transgenik tütün bitkilerinde başarıyla uygulanmıştır (Abel vd., 1986).

Bu çalışmadan kısa bir süre sonra yapılan farklı çalışmalarda, bir *Potyvirus*'e ait kapsid protein geni, bu virüsün konukçusu

olmayan bir bitkide (tütün) ifade edilmiş ve diğer *Potyvirus*'lere karşı da dayanıklılık sağladığı gösterilmiştir (Cillo & Palukaitis, 2014).

Başlangıç dönemlerinde "kapsid protein aracılı koruma" veya "kapsid protein aracılı dayanıklılık" olarak adlandırılan bu yaklaşımla ilgili olarak teknolojinin ilerlemesi ve çok sayıda ürün bitkisinin transformasyonu ile rejenerasyonunun mümkün hâle gelmesiyle birlikte viral kapsid protein genlerini ifade eden bitkiler elde edilmiş (Tablo 5) ve bu bitkiler, ilgili virüslere karşı dayanıklılık açısından değerlendirilmiştir (Cillo & Palukaitis, 2014).

Tablo 5. WMV'ye karşı kapsid protein aracılı dayanıklılık gösteren transgenik bitki türleri.

Konukçu Bitki	Virüs	Örtü Proteini geninin ifade durumu	Referans
Kavun	WMV	Evet	Wang vd., 2000
	WMV ve ZYMV	Evet	Clough & Hamm, 1995
	CMV, WMV ve ZYMV	Evet	Fuchs vd., 1997b
Kabak	WMV ve ZYMV	Evet	Clough & Hamm, 1995
	WMV; ZYMV; WMV ve ZYMV	Evet	Fuchs & Gonsalves, 1995
	CMV; WMV; ZYMV; CMV ve WMV; WMV ve ZYMV; CMV, WMV ve ZYMV	Evet	Tricoli vd., 1995
	CMV; WMV; ZYMV; WMV ve ZYMV; CMV, WMV ve ZYMV	Evet	Fuchs vd., 1998
Karpuz	CMV ve WMV	Hayır	Lin vd., 2012
	WMV	Evet	Wang vd., 2003

	WMV (ve CMV ve ZYMV'nin replicase genleri)	Evet	Niu vd., 2005

Kaynak: Cillo & Palukaitis, 2014

Başlangıçta dayanak noktasının viral proteinin kendisi olduğu düşünülmüş olsa da daha sonraki çalışmalar dayanıklılığın esas olarak viral RNA dizilerine bağlı olduğunu ve RNA susturma (RNA silencing) mekanizmasıyla gerçekleştiğini ortaya koymuştur (Lindbo & Dougherty, 1992; Lindbo & Falk, 2017).

Bu yaklaşım, son yıllarda WMV ve ZYMV gibi *Potyvirus*'lere karşı dayanıklı transgenik bitkilerin geliştirilmesinde ve ticarileştirilmesinde yaygın olarak kullanılmıştır (Dong & Ronald, 2019). Özellikle tam uzunluktaki kapsid protein geni içeren genetik yapılarda başarılı sonuçlar elde edilmiştir. Nitekim WMV ve ZYMV'ye ait CP genlerini içeren "Freedom II" isimli transgenik kabak hibriti, 1995 yılında Amerika Birleşik Devletleri'nde ticari olarak piyasaya sunulmuş ve tarla koşullarında yüksek düzeyde dayanıklılık göstermiştir (Lecoq & Desbiez, 2008; Tricoli vd., 1995). Bu gelişme, virüs dayanıklı transgenik bitkilerin tarımsal üretimde kullanılmasına yönelik önemli bir dönüm noktası olmuştur.

Amerika Birleşik Devletleri'nde virüse dayanıklı transgenik kabakların ekim alanları eyaletler arasında önemli farklılıklar göstermekte olup bu durum büyük ölçüde virüs hastalıklarının oluşturduğu enfeksiyon baskısındaki bölgesel değişkenliklerle açıklanmaktadır. Nitekim 2006 yılı verilerine göre transgenik kabakların ekim oranı New Jersey'de %70'e kadar ulaşırken başlıca üretici eyaletler olan Georgia ve Florida'da %20 düzeyinde kalmış; buna karşılık Kaliforniya'da ise bu çeşitlerin yetiştirilmediği bildirilmiştir (Johnson, 2007).

Takip eden yıllarda, WMV, ZYMV ve CMV'ye karşı dayanıklılık sağlayan çeşitli transgenik kabak çeşitleri geliştirilmiş ve özellikle Amerika Birleşik Devletleri'nde ticari olarak

yetiştirilmeye başlanmıştır. Bununla birlikte, bu çeşitlerin kullanımının; belirli ürün tipleriyle sınırlı olması, tohum maliyetlerinin yüksekliği ve bazı konvansiyonel çeşitlerin yeterli düzeyde dayanıklılık sunabilmesi gibi nedenlerle yaygınlık düzeyi görece sınırlı kalmıştır (Johnson, 2007; Lecoq & Katis, 2014).

Buna rağmen, RNA susturmaya dayalı dayanıklılık, viral susturma baskılayıcıları (VSR) taşıyan ve ilişkili olmayan başka bir virüs ile gerçekleşen enfeksiyonlar sonucunda kısmen aşılabilse de ticari olarak kullanılan transgenik yazlık kabak, papaya ve erik ağaçlarında 20 yılı aşkın süredir dayanıklılığın kırıldığına dair herhangi bir bildirim bulunmamaktadır (Dong & Ronald, 2019). Bu durum, patojen kökenli dayanıklılığın (PDR) *Potyvirus* enfeksiyonlarının kontrolünde hem pratik hem de kalıcı bir strateji olduğunu açıkça ortaya koymaktadır (Yang & Wang, 2021).

Transgenik sarı crookneck kabak hatlarının dayanıklılığına yönelik çalışmada hem ZYMV hem de WMV kapsid protein genlerini birlikte içeren ZW-20B hattının yüksek hastalık şiddeti durumunda bile güçlü bir dayanıklılık sergilediği belirlenmiştir. Buna karşılık, yalnızca tek virüse ait CP genini taşıyan hatlar kontrol bitkiler gibi şiddetli belirtiler göstermiştir. Ayrıca ZW-20B hattının meyveleri tamamen hastalıksız ve pazarlanabilir kalitede olup bu transgenik hattın her iki virüsün yaygın olduğu bölgelerde üretim açısından önemli avantaj sağladığı vurgulanmıştır (Fuchs & Gonsalves, 1995).

Transgenik dayanıklılık kapsamında geliştirilen teknolojiler arasında ribozim ve hairpin RNA (hpRNA) yaklaşımları da yer almaktadır. Ribozimler, hedef viral RNA'yı spesifik olarak keserek virüs birikimini azaltırken (Huttner vd., 2001; Lenee vd., 2001; Cillo ve Palukaitis, 2014) hpRNA sistemleri ise kendi üzerine katlanarak saç tokası (hairpin) yapısı oluşturan çift iplikli RNA (dsRNA) türü olup sonrasında oluşan bu dsRNA'lar bitki içinde Dicer-benzeri nükleazlar tarafından parçalanarak siRNA'ları oluşturmakta ve bu

siRNA'lar RNA susturma mekanizmasını aktive etmektedir (Castel & Martienssen, 2013; Csorba vd., 2009; Ding, 2010; Eames vd., 2008; Pumplin & Voinnet, 2013). Bu yaklaşımla, ZYMV'ye karşı dayanıklı salatalık ve kavun bitkilerinin elde edilmesinde HC-Pro genini hedef alarak kullanılmıştır (Leibman vd., 2011). İlginç olarak, yüksek düzeyde siRNA biriktiren bir salatalık hattının, ZYMV'ye ek olarak WMV ve PRSV'ye karşı da dayanıklı olduğu belirlenmiştir. Huttner vd. (2001)'nın WMV ve ZYMV'yi hedefleyen poliribozimler geliştirdiği çalışmada ise transgenik kavun bitkilerinin söz konusu virüslere karşı belirli düzeyde dayanıklılık içerdiği belirlenmiştir. WMV'ye karşı yönlendirilmiş bir ribozimi içeren hatlardan birine ait bitkiler doğal hastalık şiddeti altında tarla koşullarında test edilmiş ve WMV'ye karşı dayanıklı oldukları bulunmuştur. Bu sistemler sayesinde yalnızca hedef virüse değil bazı durumlarda ilişkili diğer *Potyvirus*'lere karşı da geniş spektrumlu dayanıklılık elde edilebilmektedir (Leibman vd., 2011; Cillo & Palukaitis, 2014).

Bununla birlikte, transgenik bitkilerde teorik olarak rekombinasyon riski bulunmasına rağmen WMV, ZYMV ve CMV'ye karşı geliştirilen ticari kabak çeşitlerinde bugüne kadar bu tür bir genetik rekombinasyona dair herhangi bir kanıt ortaya konmamıştır (Fuchs & Gonsalves, 2007).

PDR temelli transgenik yaklaşımlar, WMV ve diğer *Potyvirus*'lere karşı dayanıklılık geliştirilmesinde güçlü ve pratik bir strateji sunmakta; özellikle RNA susturma mekanizmasına dayalı sistemler geniş spektrumlu ve kalıcı koruma potansiyeli ile dikkat çekmektedir. Ancak bu teknolojilerin ekonomik, çevresel ve düzenleyici boyutlarının birlikte değerlendirilmesi, sürdürülebilir kullanım açısından büyük önem taşımaktadır.

Ayrıca indüklenmiş sistemik dayanıklılık (ISR) ve sistemik kazanılmış dayanıklılık (SAR) gibi savunma mekanizmalarını aktive eden CCYV'ye karşı acibenzolar S metil (Takeshita vd., 2013) ve

WMV'ye karşı BioYield™ (Murphy vd., 2009) isimli bazı kimyasallar da araştırılmış olmakla birlikte, BioYield™ uygulamasının WMV kontrolünde ELISA absorbans değerlerinde bir düşüşe sebep olmadığı ve kontrol grubuna kıyasla kabak veriminde herhangi bir artışın sağlanamadığı bildirilmiştir (Murphy vd., 2009). Bununla birlikte yakın zamanda tamamlanmış bazı çalışmalar, propolis gibi doğal bileşiklerin WMV enfeksiyonunu azaltma potansiyeline sahip olabileceğini göstermiştir (Yeşil, 2022).

WMV'ye karşı kabakgil türlerinde gözlenen dayanıklılık düzeyi hem konvansiyonel ıslah kaynakları hem de transgenik yaklaşımlar açısından türler arasında önemli farklılıklar göstermektedir. Kavunda, genetik kaynaklarda orta düzeyde konvansiyonel dayanıklılık saptanmış olup bu özellik ticari çeşitlere başarıyla aktarılmış; ayrıca deneysel düzeyde transgenik dayanıklı materyaller de geliştirilmiştir. Hıyarda ise genetik kaynaklar daha elverişli olup yüksek düzeyde konvansiyonel dayanıklılık belirlenmiş, bu dayanıklılık ticari çeşitlere kazandırılmış ve ek olarak transgenik dayanıklılık üzerine çalışmalar gerçekleştirilmiştir.

Karpuzda, kavuna benzer şekilde yalnızca orta düzeyde konvansiyonel dayanıklılık potansiyeli bulunmakta olup bu türde dikkat çeken gelişme transgenik dayanıklı materyallerin elde edilmesidir; ancak ticari düzeyde yaygın konvansiyonel dayanıklı çeşitlerin varlığı sınırlıdır. Kabakgiller (özellikle kabak) grubunda ise dayanıklılık düzeyi orta ile yüksek arasında değişmekte olup hem konvansiyonel dayanıklılığa sahip ticari çeşitler geliştirilmiş hem de transgenik yaklaşımlar başarıyla uygulanmış ve bazı durumlarda ticari çeşitler olarak kullanıma sunulmuştur.

Genel olarak değerlendirildiğinde, WMV'ye karşı konvansiyonel dayanıklılık bazı türlerde yeterli olmakla birlikte, özellikle sınırlı genetik dayanıklılığa sahip türlerde transgenik yaklaşımlar tamamlayıcı ve etkili bir strateji olarak öne çıkmakta;

hatta bazı durumlarda doğrudan ticari uygulamaya kadar ulaşmaktadır.

Kaynakça

Abdalla, O. A., & Ali, A. (2012). Genetic diversity in the 3′-terminal region of Papaya ringspot virus (PRSV-W) isolates from watermelon in Oklahoma. *Archives of Virology*, 157, 405–412. https://doi.org/10.1007/s00705-011-1184-8

Abdalla, O. A., & Ali, A. (2018). Molecular characterization reveals that squash chlorosis mottling virus and zucchini tigré mosaic virus are the same newly emerging potyvirus. *Archives of Virology*, 163, 777–780. https://doi.org/10.1007/s00705-017-3657-x

Abel, P. P., Nelson, R. S., De, B., Hoffmann, N., Rogers, S. G., Fraley, R. T., & Beachy, R. N. (1986). Delay of disease development in transgenic plants that express the tobacco mosaic virus coat protein gene. *Science*, 232, 738–743. https://doi.org/10.1126/science.3457472

Abo-Elyazid, E. B., Abo-Sedera, F. A., & Shafshak, N. S. (1990). Effect of planting date and fertilization level on: II. The incidence of watermelon mosaic virus 2 (WMV-2) and its effect on vegetative growth and chemical composition of squash plants. *Annals of Agricultural Science*, Moshtohor, 28(4), 2167–2186.

Abou-Jawdah, Y., Sobh, H., El-Zammar, S., Fayyad, A., & Lecoq, H. (2000). Incidence and management of virus diseases of cucurbits in Lebanon. *Crop Protection*, 19(4), 217–224. https://doi.org/10.1016/S0261-2194(99)00100-3

Abu-Samah, N. (1985). Relationship between watermelon mosaic virus (WMV-1) and watermelon mosaic virus 2 (WMV-2) on the basis of nucleotide sequence homology. *Pertanika*, 8(2), 281–287.

Adams, M. J., Zerbini, F. M., French, R., Rabenstein, F., Stenger, D. C., & Valkonen, J. P. T. (2012). Family Potyviridae. In A. M. Q. King, M. J. Adams, E. B. Carstens, & E. J. Lefkowitz (Eds.), Virus taxonomy: Classification and nomenclature of viruses: Ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses (pp. 1069–1089). Elsevier Academic Press.

Adlerz, W. C. (1969). Distribution of watermelon mosaic viruses 1 and 2 in Florida. Proceedings of the Florida State Horticultural Society, 82, 161–164.

Adlerz, W. C. (1978). Secondary spread of Watermelon mosaic virus 2 by Anuraphis middletonii. *Journal of Economic Entomology*, 71(3), 531–533. https://doi.org/10.1093/jee/71.3.531

Adlerz, W. C. (1987). Cucurbit potyvirus transmission by alate aphids (Homoptera: Aphididae) trapped alive. *Journal of Economic Entomology*, 80(1), 87–92. https://doi.org/10.1093/jee/80.1.87

Agrios, G. N. (2005). Plant diseases caused by viruses. In G. N. Agrios, Plant pathology (5th ed., pp. 723–824). Elsevier Academic Press.

Ahmed, K. G. M., Abo-Elyazid, E. B., & Madhy, A. M. M. (1990). Identification of a strain of watermelon mosaic virus 2 (WMV-2) isolated from naturally infected squash (Cucurbita pepo L.) plants grown in Kalubia Governorate, A. R. E. *Annals of Agricultural Science*, Moshtohor, 28(4), 2219–2230.

Ali, A. (2020). Epidemiology and evolution of potyviruses infecting cucurbits. In L. P. Awasthi (Ed.), Applied plant virology (pp. 405–417). Academic Press. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818654-1.00028-1

Ali, A., Abdalla, O. A., Bruton, B. D., Fish, W. W., Sikora, E., & Zhang, S. (2012b). Occurrence of viruses infecting watermelon, other cucurbits, and weeds in parts of the southern United States. Plant Health Progress. https://doi.org/10.1094/PHP-2012-0824-01-RS

Ali, A., Mohammad, O., & Khattab, A. (2012a). Distribution of viruses infecting cucurbit crops and isolation of potential new virus-like sequences from weeds in Oklahoma. *Plant Disease*, 96, 243–248. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-11-0419

Ali, A., Natsuaki, T., & Okuda, S. (2004). Identification and molecular characterization of viruses infecting cucurbits in Pakistan. *Journal of Phytopathology*, 152(11–12), 677–682. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2004.00915.x

Ali, A., Natsuaki, T., & Okuda, S. (2006). The complete nucleotide sequence of a Pakistani isolate of watermelon mosaic virus provides further insights into the taxonomic status in the bean common mosaic virus subgroup. *Virus Genes*, 32, 307–311. https://doi.org/10.1007/s11262-005-6915-z

Alonso-Prados, J. L., Fraile, A., & García-Arenal, F. (1997). Impact of cucumber mosaic virus and watermelon mosaic virus 2 infection on melon production in central Spain. *Journal of Plant Pathology*, 79(2), 131–134. http://www.jstor.org/stable/41997879

Alonso-Prados, J. L., Luis-Arteaga, M., Alvarez, J. M., Moriones, E., Batlle, A., Laviña, A., García-Arenal, F., & Fraile, A. (2003). Epidemics of aphid-transmitted viruses in melon crops in Spain. *European Journal of Plant Pathology*, 109, 129–138. https://doi.org/10.1023/A:1022598417979

Altınay, N. (2017). Tekirdağ ilinde bazı kabakgil türlerinde virüs infeksiyonlarının belirlenmesi (Yüksek lisans tezi). Namık

Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/

Apablaza, G., Apablaza, J., Reyes, P., & Moya, E. (2003). Determination of viral diseases and insect vectors on weeds adjacent to fields of vegetable crops. *International Journal of Agriculture and Natural Resources*, 30(3), 175–186.

Apalowo, O. A., Balogun, O., Izuogu, N. B., Banji, A., Baba, H. S., Okafor, M. J., Nnabuihe, E. C., & Akinyemi, D. (2025). Occurrence of virus in some watermelon growing areas of Kwara State, Nigeria. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 39(2), 259–267. https://doi.org/10.15316/selcukjafsci.1476097

Arce-Ochoa, J. P., Dainello, F., Pike, L. M., & Drews, D. (1995). Field performance comparison of two transgenic summer squash hybrids to their parental hybrid line. *HortScience*, 30(3), 492–493. https://doi.org/10.21273/HORTSCI.30.3.492

Avgelis, A. D. (1983). Occurrence of watermelon mosaic virus 1 and 2 in cucurbits in Crete (Greece). *Phytopathologia Mediterranea*, 22(3), 219–221.

Aydın, Ö., Morca, A. F., Coşkan, S., Santosa, A. I., & Çelik, A. (2025). A study of the P1 gene in Türkiye for genetic diversity of watermelon mosaic virus. *Journal of Crop Health*, 77(3), 97.

Balsak, S. C. (2025). Investigation of Virus and Viroid Diseases in Cucurbits. *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 35(2), 369-380. https://doi.org/10.29133/yyutbd.1646487

Bananej, K., & Vahdat, A. (2008). Identification, distribution and incidence of viruses in field-grown cucurbit crops of Iran. *Phytopathologia Mediterranea*, 47(3), 247–257. https://doi.org/10.14601/Phytopathol_Mediterr-2728

Baum, R. H. (1980). Purification, partial characterisation and serology of capsid and cylindrical inclusion proteins of four isolates of watermelon mosaic virus (Doctoral dissertation, University of Florida).

Baum, R. H., & Purcifull, D. (1981). Serology of cylindrical inclusions of several watermelon mosaic virus (WMV) isolates. *Phytopathology*, 71, 202.

Bhargava, B., Bhargava, K. S., & Joshi, R. D. (1975). Perpetuation of watermelon mosaic virus in eastern Uttar Pradesh, India. *Plant Disease Reporter*, 59, 635–636.

Bhargava, K. S., & Joshi, R. D. (1960). Detection of watermelon mosaic virus in Uttar Pradesh. *Current Science*, 29, 443–444.

Brown, J. E., Dangler, J. M., Woods, F. M., Tilt, K. M., Henshaw, M. D., Griffey, W. A., & West, M. S. (1993). Delay in mosaic virus onset and aphid vector reduction in summer squash grown on reflective mulches. *HortScience*, 28(9), 895–896. https://doi.org/10.21273/HORTSCI.28.9.895

Brunt, A. A., Crabtree, K., Dallwitz, M. J., Gibbs, A. J., & Watson, L. (Eds.). (1996). Viruses of plants: Descriptions and lists from the VIDE database. CAB International.

Budak, E. (2015). Diyarbakır ili ve ilçelerinde üretilen kabakgillerdeki viral etmenlerin tanılanması ve yaygınlıklarının belirlenmesi (Yüksek lisans tezi). Harran Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/

Bujarski, J. J., & Kaesberg, P. (1986). Genetic recombination between RNA components of a multipartite plant virus. *Nature*, 321, 528–531. https://doi.org/10.1038/321528a0

CABI. (2021). Watermelon mosaic virus (watermelon mosaic). In CABI Compendium. https://doi.org/10.1079/cabicompendium.56821

CABI, EPPO. (2003). Watermelon mosaic virus. Distribution maps of plant diseases (No. 906). CAB International.

Caciagli, P. (2009). Vegetable viruses. In A. M. Q. King, M. J. Adams, E. B. Carstens, & E. J. Lefkowitz (Eds.), Desk encyclopedia of plant and fungal virology (pp. 479–487). Academic Press.

Castel, S. E., & Martienssen, R. A. (2013). RNA interference in the nucleus: Roles for small RNAs in transcription, epigenetics, and beyond. *Nature Reviews Genetics*, 14(2), 100–112. https://doi.org/10.1038/nrg3355

Castle, S. J., Perring, T. M., Farrar, C. A., & Kishaba, A. N. (1992). Field and laboratory transmission of watermelon mosaic virus 2 and zucchini yellow mosaic virus by various aphid species. *Phytopathology*, 82(2), 235–240. https://doi.org/10.1094/phyto-82-235

Cespedes, M. K., Melgarejo, T. A., Henry, P. M., Al-Rwahnih, M., & Gilbertson, R. L. (2023). First report of watermelon mosaic virus naturally infecting coriander (Coriandrum sativum) and causing a leaf mottling disease in California. *Plant Disease*, 107(4), 1248. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-22-1184-PDN

Chalfant, R. B., & Young, J. R. (1984). Management of insect pests of broccoli, cowpeas, spinach, tomatoes, and peanuts with chemigation by insecticides in oils, and reduction of watermelon virus 2 by chemigated oil. *Journal of Economic Entomology*, 77(5), 1323–1326. https://doi.org/10.1093/jee/77.5.1323

Chinnadurai, C. (2024). Cucurbitaceous vegetables-I. In C. Chinnadurai (Ed.), Viral diseases of field and horticultural crops (pp. 411–417). Academic Press.

Cho, I. S., Kim, T. B., Yoon, J. Y., Chung, B. N., Hammond, J., & Lim, H. S. (2021). First report of Cucurbit chlorotic yellows virus infecting Cucumis melo (muskmelon and oriental melon) in Korea. *Plant Disease*, 105(9), 2740. https://doi.org/10.1094/PDIS-11-20-2375-PDN

Cillo, F., & Palukaitis, P. (2014). Transgenic resistance. In Advances in virus research (Vol. 90, pp. 35–146). Academic Press.

Cıtır, A., Kutluk, N. D., Sağlam, N., & Ilbağı, H. (1998). Amasya, Çorum, Samsun ve Tokat illerinde hıyar ve kabak kültürlerinde görülen virüs hastalıklarının simptomatolojik ve biyolojik yöntemlerle tanıları. Türkiye VIII. Fitopatoloji Kongresi bildirileri (pp. 331–335).

Clough, G. H., & Hamm, P. B. (1995). Coat protein transgenic resistance to watermelon mosaic and zucchini yellow mosaic virus in squash and cantaloupe. *Plant Disease*, 79(11), 1107–1109. https://doi.org/10.1094/PD-79-1107

Coudriet, D. L. (1962). Efficiency of various insects as vectors of cucumber mosaic and watermelon mosaic viruses in cantaloupes. *Journal of Economic Entomology*, 55(4), 519–520. https://doi.org/10.1093/jee/55.4.519

Coutts, B. A., Kehoe, M. A., & Jones, R. A. C. (2011). 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.

Crescenzi, A., Fanigliulo, A., Comes, S., Masenga, V., Pacella, R., & Piazzolla, P. (2001). Necrosis of watermelon caused by watermelon mosaic virus. *Journal of Plant Pathology*, 83, 227.

Csorba, T., Pantaleo, V., & Buryán, J. (2009). RNA silencing: An antiviral mechanism. *Advances in Virus Research*, 75, 35–71.

Çulal Kılıç, H., & Kahraman, A. (2024). Burdur ili kabakgillerinde watermelon mosaic virus ve cucumber mosaic virus'un belirlenmesi. *Düzce University Journal of Science & Technology*, 12(2). https://doi.org/10.29130/dubited.1283096

Damicone, J. P., Edelson, J. V., Sherwood, J. L., Myers, L. D., & Motes, J. E. (2007). Effects of border crops and intercrops on control of cucurbit virus diseases. *Plant Disease*, 91(5), 509–516. https://doi.org/10.1094/PDIS-91-5-0509

Damicone, J. (2019). Pumpkin and squash diseases. Oklahoma State University, Division of Agricultural Sciences and Natural Resources.

Davis, R. I., Thomas, J. E., McMichael, L. A., Dietzgen, R. G., Callaghan, B., James, A. P., Gunua, T. G., & Rahamma, S. (2002). Plant virus surveys on the island of New Guinea and adjacent regions of northern Australia. *Australasian Plant Pathology*, 31(4), 385–390. https://doi.org/10.1071/AP02047

De Sa, P. B., Hiebert, E., & Purcifull, D. E. (2000). Molecular characterization and coat protein serology of watermelon leaf mottle virus (Potyvirus). *Archives of Virology*, 145, 641–650. https://doi.org/10.1007/s007050050053

Delmiglio, C., & Pearson, M. N. (2006). Effects and incidence of cucumber mosaic virus, watermelon mosaic virus, and zucchini yellow mosaic virus in New Zealand's only native cucurbit,

Sicyos australis. *Australasian Plant Pathology*, 35(1), 29–35. https://doi.org/10.1071/AP05098

Demski, J. W., & Chalkley, J. H. (1972). Effect of watermelon mosaic virus on yield and marketability of summer squash. Plant Disease Reporter, 56, 146–150.

Demski, J. W., & Chalkley, J. H. (1974). Influence of watermelon mosaic virus on watermelon. Plant Disease Reporter, 58, 195–198.

Desbiez, C., & Lecoq, H. (2004). The nucleotide sequence of watermelon mosaic virus reveals interspecific recombination between two related potyviruses in the 5′ part of the genome. Archives of Virology, 149(8), 1619–1632. https://doi.org/10.1007/s00705-004-0340-9

Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., & Lecoq, H. (2002). Biological and serological variability, evolution, and molecular epidemiology of zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, Potyvirus) with special reference to Caribbean islands. Virus Research, 85(1), 5–16. https://doi.org/10.1016/S0168-1702(02)00013-8

Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., Millot, P., Verdin, E., Dafalla, G., & Lecoq, H. (2017). New species in the papaya ringspot virus cluster: Insights into the evolution of the PRSV lineage. Virus Research, 241, 88–94. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2017.06.022

Díaz-Pendón, J. A., Fernández-Muñoz, R., Gómez-Guillamón, M. L., & Moriones, E. (2005). Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in Cucumis melo that impairs virus accumulation, symptom expression, and aphid transmission. Phytopathology, 95(7), 840–846. https://doi.org/10.1094/PHYTO-95-0840

Dikici, S. (2019). Uşak ilinde bazı kabakgillerde karpuz mozaik virüsü (WMV)'nün serolojik yöntemle belirlenmesi ve biyolojik indeksleme çalışmaları (Yüksek lisans tezi). Uşak Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/

Ding, S.-W. (2010). RNA-based antiviral immunity. Nature Reviews Immunology, 10(9), 632–644. https://doi.org/10.1038/nri2824

Dong, O. X., & Ronald, P. C. (2019). Genetic engineering for disease resistance in plants: Recent progress and future perspectives. Plant Physiology, 180(1), 26–38. https://doi.org/10.1104/pp.18.01224

Dukić, N., Krstić, B., Vico, I., Berenji, J., & Duduk, B. (2006). First report of zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, and cucumber mosaic virus in bottlegourd (Lagenaria siceraria) in Serbia. Plant Disease, 90(3), 380. https://doi.org/10.1094/PD-90-0380A

Eamens, A., Wang, M.-B., Smith, N. A., & Waterhouse, P. M. (2008). RNA silencing in plants: Yesterday, today, and tomorrow. Plant Physiology, 147(2), 456–468. https://doi.org/10.1104/pp.108.117275

Ebrahimi-Nesbat, F. (1974). Distribution of watermelon mosaic virus 1 and 2 in Iran. *Phytopathologische Zeitschrift*, 79(4), 352–358.

Egel, D. S., Adkins, S. T., Wintermantel, W. M., Keinath, A. P., D'Arcangelo, K. N., Parada-Rojas, C. H., & Quesada-Ocampo, L. M. (2022). Diseases of cucumbers, melons, pumpkins, squash, and watermelons. In S. T. Koike, P. Gladders, & A. Ochoa-Corona (Eds.), Handbook of vegetable and herb diseases (pp. 1–105).

Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-17837-2_1

Ephytia. (2026). The INRAE portal e-phytia: Watermelon mosaic virus (WMV). https://ephytia.inrae.fr/en/C/7814/Melon-Main-symptoms

Espinoza, H. R., & McLeod, P. J. (1994). Use of row cover in cantaloupe (Cucumis melo L.) to delay infection of aphid-transmitted viruses in Honduras. *Turrialba*, 44(3), 179–183.

Fegla, G. I., & Badr, H. M. (1979). Effect of plant population on the incidence of mosaic diseases and productivity of vegetable marrow (Cucurbita pepo L.). *Alexandria Journal of Agricultural Research*, 27(4), 259–265.

Fidan, H., Çelik, S., & Koç, G. (2024). Virus diseases limiting greenhouses and open field production of cucurbits in Antalya province. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 37(2), 57–65. https://doi.org/10.29136/mediterranean.1454954

Finetti-Sialer, M. M., Mascia, T., Cillo, F., Vovlas, C., & Gallitelli, D. (2012). Biological and molecular characterization of a recombinant isolate of watermelon mosaic virus associated with a watermelon necrotic disease in Italy. *European Journal of Plant Pathology*, 132(3), 317–322. https://doi.org/10.1007/s10658-011-9884-1

Fischer, H. U., & Lockhart, B. E. L. (1974). Serious losses in cucurbits caused by watermelon mosaic virus in Morocco. *Plant Disease Reporter*, 58(2), 143–146.

Fletcher, J. D., Wallace, A. R., & Rogers, B. T. (2000). Potyviruses in New Zealand buttercup squash (Cucurbita maxima Duch.): Yield and quality effects of ZYMV and WMV 2 virus

infections. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 28(1), 17–26.

Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2024). FAOSTAT: World food and agriculture. Erişim tarihi: 8 Haziran 2026, https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

Frenkel, M. J., Ward, C. W., & Shukla, D. D. (1989). The use of 3′ non-coding nucleotide sequences in the taxonomy of potyviruses: Application to watermelon mosaic virus 2 and soybean mosaic virus-N. *Journal of General Virology*, 70(10), 2775–2783. https://doi.org/10.1099/0022-1317-70-10-2775

Fu, J. Y., Liu, L. J., Liu, M. J., & Geng, G. W. (2025). First report of watermelon mosaic virus infecting Luffa cylindrica in Shandong, China. *Plant Disease*, 109(12), 2615. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-25-1108-PDN

Fuchs, M., & Gonsalves, D. (1995). Resistance of transgenic hybrid squash ZW-20 expressing the coat protein genes of zucchini yellow mosaic virus and watermelon mosaic virus 2 to mixed infections by both potyviruses. *Nature Biotechnology*, 13(12), 1466–1473. https://doi.org/10.1038/nbt1295-1466

Fuchs, M., & Gonsalves, D. (2007). Safety of virus-resistant transgenic plants two decades after their introduction: Lessons from realistic field risk assessment studies. *Annual Review of Phytopathology*, 45, 173–202. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.45.062806.094434

Fuchs, M., Ferreira, S., & Gonsalves, D. (1997a). Management of virus diseases by classical and engineered protection. *Molecular Plant Pathology Online*. http://www.bspp.org.uk/mppol/1997/0116fuchs

Fuchs, M., McFerson, J. R., Tricoli, D. M., McMaster, J. R., Deng, R. Z., Boeshore, M. L., Reynolds, J. F., Russell, P. F., Quemada, H. D., & Gonsalves, D. (1997b). Cantaloupe line CZW-30 containing coat protein genes of cucumber mosaic virus, zucchini yellow mosaic virus, and watermelon mosaic virus-2 is resistant to these three viruses in the field. *Molecular Breeding*, 3(4), 279–290. https://doi.org/10.1023/A:1009640229952

Fuchs, M., Tricoli, D. M., Carney, K. J., Schesser, M., McFerson, J. R., & Gonsalves, D. (1998). Comparative virus resistance and fruit yield of transgenic squash with single and multiple coat protein genes. *Plant Disease*, 82(12), 1350–1356. https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.12.1350

Gao, Q., Ren, H. L., Xiao, W. Y., Zhang, Y., Zhou, B., & Xu, D. L. (2021). First report of watermelon mosaic virus causing a mosaic disease on Cucumis metuliferus in China. *Plant Disease*, 105(7), 2025. https://doi.org/10.1094/PDIS-12-20-2744-PDN

Gibbs, A., & Ohshima, K. (2010). Potyviruses and the digital revolution. Annual Review of *Phytopathology*, 48(1), 205–223. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-073009-114404

Gilbert, R. Z., Kyle, M. M., Munger, H. M., & Gray, S. M. (1994). Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in Cucumis melo L. *HortScience*, 29(2), 107–110. https://doi.org/10.21273/HORTSCI.29.2.107

Gilbert-Albertini, F., Lecoq, H., Pitrat, M., & Nicolet, J. L. (1993). Resistance of Cucurbita moschata to watermelon mosaic virus type 2 and its genetic relation to resistance to zucchini yellow mosaic virus. *Euphytica*, 69(3), 231–237.

Gillaspie, A. G., Jr., & Wright, J. M. (1993). Evaluation of Citrullus sp. germplasm for resistance to watermelon mosaic virus 2. *Plant Disease*, 77(4), 352–354.

Giunchedi, L., Vicchi, V., Gambin, E., Baroncelli, L., & Fini, P. (1991). The effect of various plastic mulching films on the prevention of aphid-transmitted viruses in zucchini. *Informatore Fitopatologico*, 41(12), 57–61.

Graves-Gillaspie, A., Jr., & Jarret, R. L. (1997). Watermelon mosaic virus-resistant watermelon breeding lines WM-1, WM-2, WM-3, and WM-4. *HortScience*, 32(6), 1136.

Gray, S. M., Moyer, J. W., Kennedy, G. G., & Campbell, C. L. (1986). Virus suppression and aphid resistance effects on spatial and temporal spread of watermelon mosaic virus 2. *Phytopathology*, 76(11), 1254–1259.

Greber, R. S. (1978). Watermelon mosaic virus 1 and 2 in Queensland cucurbit crops. *Australian Journal of Agricultural Research*, 29(6), 1235–1245. https://doi.org/10.1071/AR9781235

Güller, A., & Usta, M. (2020). Occurrence of cucumber mosaic cucumovirus and watermelon mosaic potyvirus on melon exhibiting viral symptoms in Bingöl Province of Türkiye and their phylogenetic affinities. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 7(4), 948–958. https://doi.org/10.30910/turkjans.740195

Güller, A., Usta, M., Korkmaz, G., & Demirel, S. (2024a). First report of natural infection of watermelon mosaic virus (WMV) infecting bottle gourd and snake melon. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21(1), 206–218. https://doi.org/10.33462/jotaf.1260007

Güller, A., Usta, M., Korkmaz, G., & Demirel, S. (2024b). In silico and molecular analysis of some mosaic diseases on cucurbit plants in Iğdır province, Türkiye. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 11(1), 90–103. https://doi.org/10.30910/turkjans.1387512

Hajizadeh, M., & Mohammadi, K. (2016). Capsicum annuum, a new host of watermelon mosaic virus. *VirusDisease*, 27(1), 107–109. https://doi.org/10.1007/s13337-016-0302-3

Halfeld-Vieira, B. A., Ramos, N. F., Rabelo Filho, F. A. C., Gonsalves, M. F. B., Nechet, K. L., Pereira, P. R. V. S., & Lima, J. A. A. (2004). Serological identification of virus species in watermelon in the State of Roraima. *Fitopatologia Brasileira*, 29(6), 687–689.

Herrington, M. E., Prytz, S., Brown, P., Persley, D. M., & Greber, R. (1991). Resistance to papaya ringspot virus-W, zucchini yellow mosaic virus, and watermelon mosaic virus-2 in C. maxima. *Cucurbit Genetics Cooperative Report*, 14, 123–124.

Hollings, M., & Brunt, A. A. (1981a). Potyvirus. In E. Kurstak (Ed.), Handbook of plant virus infections: Comparative diagnosis (pp. 147–170). Elsevier/North-Holland.

Horváth, J. (1979). New artificial hosts and non-hosts of plant viruses and their role in the identification and separation of viruses. IX. Potyvirus group (subdivision III): Potato virus Y, turnip mosaic virus, and watermelon mosaic virus (strain 2 or general strain). *Acta Phytopathologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 14(1–2), 157–173.

Huang, C. H., Liang, S. C., Deng, T. C., & Hseu, S. H. (1993a). Comparison of diagnostic hosts and serological tests for four cucurbit potyviruses. *Plant Pathology Bulletin*, 2(3), 169–176.

Huang, C. H., Chang, L., & Tsai, J. H. (1993b). The partial characterization of melon vein-banding mosaic virus, a newly recognized virus infecting cucurbits in Taiwan. *Plant Pathology*, 42(1), 100–107. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1993.tb01475.x

Huttner, E., Tucker, W., Vermeulen, A., Ignart, F., Sawyer, B., & Birch, R. (1999). Ribozyme genes protecting transgenic melon plants against potyviruses. In J. J. Rossi & L. A. Couture (Eds.), Intracellular ribozyme applications: Principles and protocols (pp. 271–283). Horizon Scientific Press.

Inouye, N., Mpda, T., & Mitsuhata, K. (1988). A strain of clover yellow vein virus isolated from Calanthe sp. *Acta Horticulturae*, 234, 61–68.

Jailani, A. A. K., Iriarte, F. B., & Paret, M. L. (2023). First report of watermelon crinkle leaf-associated virus (WCLaV)-1 and WCLaV-2 infecting straightneck squash in the United States. *Plant Disease*, 107(8), 2561. https://doi.org/10.1094/PDIS-01-23-0079-PDN

Jayaram, C., Hill, J. H., & Miller, W. A. (1991). Nucleotide sequences of the coat protein genes of two aphid-transmissible strains of soybean mosaic virus. *Journal of General Virology*, 72(4), 1001–1003. https://doi.org/10.1099/0022-1317-72-4-1001

Jeger, M. J., Seal, S. E., & Van den Bosch, F. (2006). Evolutionary epidemiology of plant virus disease. *Advances in Virus Research*, 67, 163–203. https://doi.org/10.1016/S0065-3527(06)67005-X

Johnson, S. R. (2007). Quantification of the impacts on U.S. agriculture of biotechnology-derived crops planted in 2006. National Center for Food and Agricultural Policy. https://www.ncfap.org

Jossey, S., & Babadoost, M. (2008). Occurrence and distribution of pumpkin and squash viruses in Illinois. *Plant Disease*, 92(1), 61–68. https://doi.org/10.1094/PDIS-92-1-0061

Kamberoglu, M. A., Desbiez, C., & Caliskan, A. F. (2015). Characterization of an emerging isolate of watermelon mosaic virus

in Turkey. *International Journal of Agriculture & Biology*, 17(1), 211–215.

Kamberoğlu, M. A., & 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, 156–164. https://izlik.org/JA95WM36CP

Kameya-Iwaki, M., Tochihara, H., Hanada, K., & Torigoe, H. (1992). Attenuated isolate of watermelon mosaic virus (WMV-2) and its cross protection against virulent isolate [Article in Japanese]. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*, 58, 491–494.

Karabıyık, M., & Yeşil, S. (2021). Eskişehir ili kabakgil ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi. *Journal of the Faculty of Agriculture of Ege University*, 58(4), 589–598. https://doi.org/10.20289/zfdergi.840301

Karabulut, D., & Koklu, G. (2025). Determination and molecular characterization of watermelon mosaic virus in cucurbit plants in Tekirdag province in Türkiye. *Applied Ecology and Environmental Research*, 23(1).

Karl, E., & Schmelzer, K. (1971). Investigations on the transmissibility of watermelon mosaic viruses by aphid species. *Archiv für Pflanzenschutz*, 7, 311.

Kaur, C., & Raj, S. K. (2021). Detection, characterization, and management of potyviruses infecting gladiolus, an important plant for floriculture trade. In Virus diseases of ornamental plants: Characterization, identification, diagnosis and management (pp. 93–116). Springer Singapore.

Kaya, A., & Erkan, S. (2011). İzmir, Aydın, Manisa ve Balıkesir illerinde üretilen kabakgillerdeki viral etmenlerin

tanılanması ve yaygınlıklarının belirlenmesi. *Plant Protection Bulletin*, 51(4), 387–405. https://izlik.org/JA75EW53MH

Keener, R., Serrano, J., Alvarez-Quinto, R., Guan, W., Creswell, T., Bonkowski, J., & Escalante, C. (2026). Watermelon crinkle leaf-associated virus 1 and watermelon mosaic virus mixed infecting watermelon (Citrullus lanatus) in Indiana. *Plant Disease*, 110(3), 1029. https://doi.org/10.1094/PDIS-03-25-0497-PDN

Khanal, V., & Ali, A. (2018). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus infecting Cucurbita pepo in Oklahoma. *Plant Disease*, 102(5), 1046. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-17-1675-PDN

Kızmaz, M. Z., Sağır, A., & Baloğlu, S. (2016). Diyarbakır ve Mardin illeri kabakgil üretim alanlarında görülen viral hastalıkların yaygınlıklarının ve etmenlerinin belirlenmesi. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 53(4), 397–406.

Kim, N., Lee, H., Park, M., Hong, J., & Jeong, R. (2018). First report of infection of Fallopia multiflora with cucumber mosaic virus and zucchini yellow mosaic virus. *Journal of Plant Pathology*, 100(2), 333.

Kim, J. E., Kwak, H. R., Choi, H. S., Kim, M., Jung, W. K., Seo, J. K., Kim, J. S., & Cha, B. (2019). First report of watermelon mosaic virus on Malva verticillata in Korea. *Plant Disease*, 103(2), 380. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-18-1159-PDN

Kishaba, A. N., Castle, S. J., Coudriet, D. L., McCreight, J. D., & Bohn, G. W. (1992). Virus transmission by Aphis gossypii Glover to aphid-resistant and susceptible muskmelons. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 117(2), 248–254. https://doi.org/10.21273/JASHS.117.2.248

Komorowska, B., Ptaszek, M., Jarecka-Boncela, A., Proćków, J., & Jarzembowski, P. (2019). Occurrence of watermelon mosaic virus in Cucurbita maxima in Poland. *Plant Disease*, 103(7), 1797. https://doi.org/10.1094/PDIS-11-18-2021-PDN

Korkmaz, F., Topkaya, Ş., & Yanar, Y. (2018). Tokat kabakgil üretim alanlarında enfeksiyon oluşturan virüslerin belirlenmesi. *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi*, 7(2), 46–56. https://izlik.org/JA67CK35UL

Korkmaz, F., Karaca, K., Özaslan, C., Yanar, Y., & Önen, H. (2016). Sicyos angulatus: A natural host of watermelon mosaic virus (WMV-2). *Turkish Journal of Weed Science*, 19(1), 1–3. https://izlik.org/JA83RB43WE

Kosaka, Y., & Fukunishi, T. (1993). Attenuated isolates of soybean mosaic virus derived at a low temperature. *Plant Disease*, 77(9), 882–886. https://doi.org/10.1094/PD-77-0882

Kosaka, Y., & Fukunishi, T. (1997). Multiple inoculation with three attenuated viruses for the control of cucumber virus disease. *Plant Disease*, 81(7), 733–738. https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.7.733

Kosaka, Y., Ryang, B.-S., Kobori, T., Shiomi, H., Yasuhara, H., & Kataoka, M. (2006). Effectiveness of an attenuated zucchini yellow mosaic virus isolate for cross-protecting cucumber. *Plant Disease*, 90(1), 67–72. https://doi.org/10.1094/PD-90-0067

Kostova, D., Lisa, V., Milne, R. G., Vaira, A. M., Dellavalle, G., & Tsorlianis, S. (2003). Virus diseases of vegetable crops in southern Bulgaria. *Phytopathologia Mediterranea*, 42(1), 3–8.

Köklü, G., & Yılmaz, Ö. (2006). Occurrence of cucurbit viruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey. *Phytoprotection*, 87(3), 123–130.

Křístková, E., & Lebeda, A. (2000). Resistance in Cucurbita pepo and Cucurbita maxima germplasm to watermelon mosaic potyvirus-2. *Plant Genetic Resources Newsletter*, 121, 47–52.

Kyle, M. M., & Dickson, M. H. (1988). Linkage of hypersensitivity to five viruses with the B locus in Phaseolus vulgaris L. *Journal of Heredity*, 79(4), 308–311. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110519

Kyle, M. M., & Provvidenti, R. (1987). Inheritance of resistance to potato Y viruses in Phaseolus vulgaris L. I. Two independent genes for resistance to watermelon mosaic virus-2. *Theoretical and Applied Genetics*, 74(5), 595–600. https://doi.org/10.1007/BF00288858

Laney, A. G., Avanzato, M. V., & Tzanetakis, I. E. (2012). High incidence of seed transmission of Papaya ringspot virus and watermelon mosaic virus, two viruses newly identified in Robinia pseudoacacia. *European Journal of Plant Pathology*, 134(2), 227–230. https://doi.org/10.1007/s10658-012-9985-5

Lamont, W. J., Sorensen, K. A., & Averre, C. W. (1990). Painting aluminium strips of black plastic mulch reduces mosaic symptoms on summer squash. *HortScience*, 25(10), 1305.

Lecoq, H. (1992). Les virus des cultures de melon et de courgette de plein champ (II). *PHM–Revue Horticole*, 324, 15–25.

Lecoq, H. (1998). Control of plant virus diseases by cross protection. In A. Hadidi, R. K. Kheterpal, & H. Koganezawa (Eds.), Plant virus disease control (pp. 33–40). APS Press.

Lecoq, H., Cohen, S., Pitrat, M., & Labonne, G. (1979). Resistance to cucumber mosaic virus transmission by aphids in Cucumis melo. *Phytopathology*, 69, 1223–1225. https://doi.org/10.1094/Phyto-69-1223

Lecoq, H., & Desbiez, C. (2008). Watermelon mosaic virus and zucchini yellow mosaic virus. In B. W. J. Mahy & M. H. V. Van Regenmortel (Eds.), Encyclopedia of virology (3rd ed., pp. 433–440). Academic Press.

Lecoq, H., & Desbiez, C. (2012). Cucurbit viruses in the Mediterranean region: An ever-changing picture. In G. Loebenstein (Ed.), Advances in virus research (Vol. 84, pp. 67–126). Academic Press. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394314-9.00003-8

Lecoq, H., Desbiez, C., Wipf-Scheibel, C., & Girard, M. (2003). Potential involvement of melon fruit in the long distance dissemination of cucurbit potyviruses. *Plant Disease*, 87(8), 955–959.

Lecoq, H., & Katis, N. (2014). Control of cucurbit viruses. In G. Loebenstein & N. Katis (Eds.), Advances in virus research (Vol. 90, pp. 255–296). Academic Press.

Lecoq, H., Labonne, G., & Pitrat, M. (1980). Specificity of resistance to virus transmission by aphids in Cucumis melo. *Annales de Phytopathologie*, 12, 139–144.

Lecoq, H., Moury, B., Desbiez, C., Palloix, A., & Pitrat, M. (2004). Durable virus resistance in plants through conventional approaches: A challenge. *Virus Research*, 100, 31–39.

Lecoq, H., & Pitrat, M. (1983). Field experiments on the integrated control of aphid-borne viruses in muskmelon. In R. T. Plumb & J. M. Thresh (Eds.), Plant virus epidemiology: The spread and control of insect-borne viruses (pp. 169–176). Blackwell Scientific Publications.

Lecoq, H., Pitrat, M., & Clément, M. (1981). Identification et caractérisation d'un potyvirus provoquant la maladie du rabougrissement jaune du melon. *Agronomie*, 1(9), 827–834.

Lecoq, H., Wipf-Scheibel, C., Nozeran, K., Millot, P., & Desbiez, C. (2014). Comparative molecular epidemiology provides new insights into zucchini yellow mosaic virus occurrence in France. *Virus Research*, 186, 135–143.

Lecoq, H., Wisler, G., & Pitrat, M. (1998). Cucurbit viruses: The classics and the "emerging." In J. D. McCreight (Ed.), Cucurbitaceae 98: Evaluation and enhancement of cucurbit germplasm (pp. 126–142). ASHS Press.

Lee, D. H., Nyrop, J. P., & Sanderson, J. P. (2009). Attraction of Trialeurodes vaporariorum and Bemisia argentifolii to eggplant, and its potential as a trap crop for whitefly management on greenhouse poinsettia. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 133(1), 105–116.

Leibman, D., Wolf, D., Saharan, V., Zelcer, A., Arazi, T., Shiboleth, Y., et al. (2011). A high level of transgenic viral small RNA is associated with broad potyvirus resistance in cucurbits. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 24(10), 1220–1238.

Lénée, P., Perez, P., Gruber, V., Baudot, G., & Ollivo, C. (2001). Polyribozyme capable of conferring on plants resistance to cucumber mosaic virus and resistant plants producing this polyribozyme (U.S. Patent No. 6,265,634). U.S. Patent and Trademark Office.

Lin, C.-Y., Ku, H.-S., Chiang, Y.-H., Ho, H.-Y., Yu, T.-A., & Jan, F.-J. (2012). Development of transgenic watermelon resistant to cucumber mosaic virus and watermelon mosaic virus by using a single chimeric transgene construct. *Transgenic Research*, 21(5), 983–993.

Lindbo, J. A., & Dougherty, W. G. (1992). Untranslatable transcripts of the tobacco etch virus coat protein gene sequence can

interfere with tobacco etch virus replication in transgenic plants and protoplasts. *Virology*, 189(2), 725–733.

Lindbo, J. A., & Falk, B. W. (2017). The impact of "coat protein-mediated virus resistance" in applied plant pathology and basic research. *Phytopathology*, 107(6), 624–634. https://doi.org/10.1094/PHYTO-12-16-0442-RVW

Lisa, V., Roggero, P., Ramasso, E., Conti, M., Minuto, A., & Rapetti, S. (1997). Zucchini viruses in Liguria di Ponente. *Colture Protette*, 26(4), 67–70.

Lisa, V., Boccardo, G., D'Agostino, G., Dellavalle, G., & D'Aquilio, M. (1981). Characterization of a potyvirus that causes zucchini yellow mosaic. *Phytopathology*, 71(6), 667–672.

Lobin, K. K., Svoboda, J., Lebeda, A., Dhooky, D. Y., & Benimadhu, S. P. (2015). Cucumber mosaic virus: Causal pathogen of oily spots on cucumber cv. Locale fruits in Mauritius (short communication). *Plant Protection Science*, 51(3), 123–126.

Luis-Arteaga, M., Álvarez, J. M., Alonso-Prados, J. L., Bernal, J. J., García-Arenal, F., Laviña, A., Batlle, A., & Moriones, E. (1998). Occurrence, distribution, and relative incidence of mosaic viruses infecting field-grown melon in Spain. *Plant Disease*, 82(9), 979–982.

Malandraki, I., Vassilakos, N., Xanthis, C., Kontosfiris, G., Katis, N. I., & Varveri, C. (2014). First report of Moroccan watermelon mosaic virus in zucchini crops. *Plant Disease*, 98(5), 702.

Mandal, B., Rao, G. P., Baranwal, V. K., & Jain, R. K. (2017). A century of plant virology in India. Springer.

Mansour, A. (1997). Effect of planting date on squash (Cucurbita pepo) yield and mosaic disease incidence at the Jordan Valley. *Dirasat: Agricultural Sciences*, 24(3), 402–408.

Mansour, A. N., Akkawi, M., & Al-Musa, A. (2000). A modification in aluminum foil technique for controlling aphid-borne mosaic viruses of squash. *Dirasat: Agricultural Sciences*, 27(1), 1–9.

Massumi, H., Samei, A., Hosseini Pour, A., Shaabanian, M., & Rahimian, H. (2007). Occurrence, distribution, and relative incidence of seven viruses infecting greenhouse-grown cucurbits in Iran. *Plant Disease*, 91(2), 159–163. https://doi.org/10.1094/PDIS-91-2-0159

McKern, N. M., Strike, P. M., Barnett, O. W., Ward, C. W., & Shukla, D. D. (1993). Watermelon mosaic virus-Morocco is a distinct potyvirus. *Archives of Virology*, 131(3–4), 467–473.

Medley, T. (1994). Availability of determination of nonregulated status for virus-resistant squash. Federal Register, 59, 64187–64188.

Mehle, N., Kutnjak, D., Jakoš, N., Seljak, G., Pecman, A., Massart, S., & Ravnikar, M. (2020). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus in Cucurbita pepo and Cucurbita maxima in Slovenia. Plant Disease, 104(2), 599. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-19-1524-PDN

Milne, K. S., & Grogan, R. G. (1969). Characterization of watermelon mosaic virus strains by serology and other properties. *Phytopathology*, 59(6), 809–818.

Minaz, V., Usta, M., Güller, A., & Demirel, S. (2025). Epidemiological assessment, integrative phylogenetic inference, and structure-guided in silico evaluation of alkaloid antivirals targeting

zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, Potyvirus cucurbitaflavitesselati) and watermelon mosaic virus (WMV, Potyvirus citrulli) coat proteins from cucurbit crops in Türkiye. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 132(6), 189.

Mlotshwa, S., Verver, J., Sithole-Niang, I., Van Kampen, T., Van Kammen, A., & Wellink, J. (2002). The genomic sequence of cowpea aphid-borne mosaic virus and its similarities with other potyviruses. *Archives of Virology*, 147(5), 1043–1052.

Mohammadi, K., Hajizadeh, M., & Koolivand, D. (2016). Detection and identification of four vegetable fruit viruses in west and northwest of Iran. *Iranian Journal of Plant Pathology*, 52(2), 279–288. http://www.ijpp.ir/article_22430.html

Moradi, Z. (2011). Diagnosis and molecular variability of watermelon mosaic virus isolates from north, east, north-east and north-west regions of Iran. *Asian Journal of Plant Pathology*, 5(3), 115–125.

Morca, A. F., Coşkan, S., Öncü, F., Akbaş, B., Santosa, A. I., Yeşil, S., & Çelik, A. (2025). Genetic diversity and phylogenetic analysis of watermelon mosaic virus in Türkiye: Insights into emerging and classic populations. *Current Microbiology*, 82(7), 298. https://doi.org/10.1007/s00284-025-04269-z

Moreno, I. M., Malpica, J. M., Díaz-Pendón, J. A., Moriones, E., Fraile, A., & García-Arenal, F. (2004). Variability and genetic structure of the population of watermelon mosaic virus infecting melon in Spain. *Virology*, 318(2), 451–460. https://doi.org/10.1016/j.virol.2003.10.002

Mossop, D. W., & Fry, P. R. (1984). Records of viruses pathogenic on plants in Cook Islands, Fiji, Kiribati, Niue, Tonga, and Western Samoa (Survey of Agricultural Pests and Diseases, Technical Report No. 7). 27 pp.

Moury, B., Fereres, A., García-Arenal, F., & Lecoq, H. (2011). Sustainable management of plant resistances to viruses. In C. Caranta, M. A. Aranda, M. Tepfer, & J. J. López-Moya (Eds.), Recent advances in plant virology (pp. 219–236). Caister Academic Press.

Moyer, J. W., Kennedy, G. G., & Romanow, L. R. (1985). Resistance to watermelon mosaic virus II multiplication in Cucumis melo. *Phytopathology*, 75(2), 201–205.

Mulholland, S., Wildman, O., Kinoti, W. M., Constable, F., Daly, A., Tesoriero, L., Maina, S., & Chapman, T. A. (2023). First report of watermelon crinkle leaf-associated virus-1 (WCLaV-1) in watermelon (Citrullus lanatus) in Australia. *Journal of Plant Pathology*, 105(1), 295–297. https://doi.org/10.1007/s42161-022-01250-8

Munger, H. M. (1991). Progress in breeding melons for watermelon mosaic resistance. Cucurbit Genetics Cooperative Report, 14, 53–54.

Murphy, J. F., Eubanks, M. D., & Masiri, J. (2009). Reflective plastic mulch but not a resistance-inducing treatment reduced watermelon mosaic virus incidence and yield losses in squash. *International Journal of Vegetable Science*, 15(1), 3–12.

National Center for Biotechnology Information (NCBI). (2026). National Center for Biotechnology Information, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/virus/vssi/#/ Erişim Tarihi: 01.06.2026

Nishiguchi, M., & Kobayashi, K. (2011). Attenuated plant viruses: Preventing virus diseases and understanding the molecular mechanism. *Journal of General Plant Pathology*, 77(4), 221–229. https://doi.org/10.1007/s10327-011-0318-x

Niu, S.-N., Huang, X.-S., Wong, S.-M., Yu, J.-L., Zhao, F.-X., Li, D.-W., Wang, S.-Y., Zhai, G.-M., & Shi, F.-S. (2005). Creation of trivalent transgenic watermelon resistant to virus infection. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 13(1), 10–15.

Nogay, A., & Yorgancı, U. (1984). Investigations on the identification, seed transmission, and host range of viruses infecting cultured plants in the Cucurbitaceae in the Marmara region. I. Identification of viruses infecting cucurbits in the Marmara region. *Journal of Turkish Phytopathology*, 13(1), 9–27.

Orozco-S., M., López-A., O., Pérez-Z., O., & Delgadillo-S., F. (1994). Effect of transparent mulch, floating row covers, and oil sprays on insect populations, virus diseases, and yield of cantaloupe. *Biological Agriculture & Horticulture*, 10(4), 229–234.

Park, J.-S., Park, T.-S., & Hong, J.-S. (2020). First report of watermelon mosaic virus isolated from Sicyos angulatus in Korea. *Journal of Plant Pathology*, 102(2), 591. https://doi.org/10.1007/s42161-019-00474-5

Pérez-De-Castro, A., Martínez de Alba, A. E., Sáez, C., Flores, A., Sifres, A., Gómez-Guillamón, M. L., López, C., & Picó, B. (2020). Incidence and genetic diversity of cucurbit viruses in Spain. *Acta Horticulturae*, 1294, 203–209.

Perotto, M. C., Pozzi, E. A., Celli, M. G., Luciani, C. E., Mitidieri, M. S., & Conci, V. C. (2018). Identification and characterization of a new potyvirus infecting cucurbits. *Archives of Virology*, 163(3), 719–724. https://doi.org/10.1007/s00705-017-3660-2

Perring, T. M., Farrar, C. A., Blua, M. J., & Mayberry, K. (1992). Management strategies outlined: Research reveals pattern of cucurbit virus spread. California Agriculture, 46(2), 35–40. https://doi.org/10.3733/ca.v046n02p35

Perring, T. M., Royalty, R. N., & Farrar, C. A. (1989). Floating row covers for the exclusion of virus vectors and the effect on disease incidence and yield of cantaloupe. *Journal of Economic Entomology*, 82(6), 1709–1715. https://doi.org/10.1093/jee/82.6.1709

Philip, H. B., & Patrick, J. S. (1998). Potyvirus isolation and RNA extraction. In G. D. Foster & S. C. Taylor (Eds.), Plant virology protocols: From virus isolation to transgenic resistance (pp. 151–160). Humana Press.

Pitrat, M., Lecoq, H., & Risser, G. (1982). Vat and Fn, two linked genes in muskmelon. Cucurbit Genetics Cooperative Report, 5, 29–30.

Provvidenti, R. (1974). Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus 2 in Phaseolus vulgaris. *Phytopathology*, 64(11), 1448–1450. https://doi.org/10.1094/Phyto-64-1448

Provvidenti, R., & Schroeder, W. T. (1970). Epiphytotic of watermelon mosaic among Cucurbitaceae in central New York in 1969. *Plant Disease Reporter*, 54, 744–748.

Provvidenti, R., & Uyemoto, J. K. (1973). Chlorotic leaf spotting of yellow summer squash caused by the severe strain of bean yellow mosaic virus. *Plant Disease Reporter*, 57(3), 280–282. https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19731305436

Pumplin, N., & Voinnet, O. (2013). RNA silencing suppression by plant pathogens: Defence, counter-defence, and counter-counter-defence. *Nature Reviews Microbiology*, 11(11), 745–760. https://doi.org/10.1038/nrmicro3120

Purcifull, D. E., & Hiebert, E. (1979). Serological distinction of watermelon mosaic virus isolates. *Phytopathology*, 69(2), 112–116. https://doi.org/10.1094/Phyto-69-112

Purcifull, D. E., Gonsalves, D., Edwardson, J., & Hiebert, E. (1984a). Papaya ringspot virus (AAB Descriptions of Plant Viruses, No. 292).

Purcifull, D. E., Hiebert, E., & Edwardson, J. R. (1984b). Watermelon mosaic virus 2 (CMI/AAB Descriptions of Plant Viruses, No. 293).

Purcifull, D. E., Hiebert, E., Petersen, M. A., Simone, G. W., Kucharek, T. A., Gooch, M. D., Crawford, W. E., Beckham, K. A., & De Sa, P. B. (1998). Partial characterization of a distinct potyvirus isolated from watermelon in Florida. *Plant Disease*, 82(12), 1386–1390. https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.12.1386

Radeva-Ivanova, V., Pasev, G., Lyall, R., Angelov, M., Nankar, A. N., & Kostova-Protochristova, D. (2022). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus causing yellowing disease on pumpkin (Cucurbita pepo) and cucumber (Cucumis sativus) in Bulgaria. *Plant Disease*, 106(9), 2538. https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-2030-PDN

Rajbanshi, N., & Ali, A. (2019). Simultaneous detection of three common potyviruses infecting cucurbits by multiplex reverse transcription polymerase chain reaction assay. *Journal of Virological Methods*, 273, 113725. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2019.113725

Randa-Zelyüt, F., Karanfil, A., Sarı, M., & Korkmaz, S. (2022). First report of natural infection of wild carrot by watermelon mosaic virus in Turkey. *New Disease Reports*, 46(1), e12107. https://doi.org/10.1002/ndr2.12107

Rao, G. P., & Reddy, M. G. (2020). Overview of yield losses due to plant viruses. In L. P. Awasthi (Ed.), Applied plant virology: Advances, detection, and antiviral strategies (pp. 531–562).

Academic Press. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818654-1.00038-4

Revers, F., & García, J. A. (2015). Molecular biology of potyviruses. *Advances in Virus Research*, 92, 101–199. https://doi.org/10.1016/bs.aivir.2014.11.006

Roggero, P., Gotta, P., Stravato, V. M., Dellavalle, G., & Ciuffo, M. (1999). Further spread of Moroccan watermelon mosaic potyvirus in Italy in 1998. *Journal of Plant Pathology*, 81(2), 149.

Romay, G., Lecoq, H., & Desbiez, C. (2013). First report of watermelon mosaic virus naturally infecting Cucumis anguria. *Plant Disease*, 97(11), 1515. https://doi.org/10.1094/PDIS-02-13-0196-PDN

Romay, G., Lecoq, H., & Desbiez, C. (2014b). Zucchini tigre mosaic virus is a distinct species into the papaya ringspot virus cluster: Molecular and biological insights. *Archives of Virology*, 159(2), 277–289. https://doi.org/10.1007/s00705-013-1798-0

Romay, G., Lecoq, H., Geraud-Pouey, F., Chirinos, D., & Desbiez, C. (2014a). Current status of cucurbit viruses in Venezuela and characterization of Venezuelan isolates of zucchini yellow mosaic virus. *Plant Pathology*, 63(1), 78–87. https://doi.org/10.1111/ppa.12072

Roossinck, M. J., & Ali, A. (2007). Mechanisms of plant virus evolution and identification of genetic bottlenecks: Impact on disease management. In Z. K. Punja, S. DeBoer, & H. Sanfaçon (Eds.), Biotechnology and plant disease management (pp. 109–124). CAB International.

Rubies-Autonell, C., Ballante, M., & Turina, M. (1996). Viral infections in melon crops of central-northern Italy (Infezioni

da virus in coltivazioni di melone dell'Italia centro-settentrionale). *Informatore Fitopatologico*, 46(7–8), 6–10.

Salvaudon, L., De Moraes, C. M., & Mescher, M. C. (2013). Outcomes of co-infection by two potyviruses: Implications for the evolution of manipulative strategies. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 280(1756), 20122959. https://doi.org/10.1098/rspb.2012.2959

Sánchez, M. V., Aguero, R., & Rivera, C. (1998). Host plants of the important viruses of melon infection (Cucumis melo). *Revista de Biología Tropical*, 46(1), 13–25.

Sanford, J. C., & Johnston, S. A. (1985). The concept of parasite-derived resistance: Deriving resistance genes from the parasite's own genome. *Journal of Theoretical Biology*, 113(3), 395–405. https://doi.org/10.1016/S0022-5193(85)80234-4

Sarı, M., Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2024). Determination of zucchini yellow mosaic virus and watermelon mosaic virus infections in cucurbit production areas of Çanakkale Province, Türkiye. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 12(s1), 2097–2103. https://doi.org/10.24925/turjaf.v12is1.2097-2103.7114

Sastry, K. S. (2013). Introduction to plant virus and viroid diseases in the tropics. In K. S. Sastry (Ed.), Plant virus and viroid diseases in the tropics: Volume 1: Introduction of plant viruses and sub-viral agents, classification, assessment of loss, transmission and diagnosis (pp. 118–159). Springer. https://doi.org/10.1007/978-94-007-6524-5_1

Sastry, K. S., Mandal, B., Hammond, J., Scott, S. W., & Briddon, R. W. (2019). Encyclopedia of plant viruses and viroids. Springer.

Schotman, C. Y. L. (1989). Plant pests of quarantine importance to the Caribbean (RLAC-PROVEG No. 21). 80 pp.

Scully, B., Provvidenti, R., Benscher, D., Halseth, D. E., Miller, J. C., Jr., & Wallace, D. H. (1995). Five multiple-virus-resistant common bean breeding lines. *HortScience*, 30(6), 1320–1323. https://doi.org/10.21273/HORTSCI.30.6.1320

Sevik, M. A., & Arli-Sökmen, M. (2003). Viruses infecting cucurbits in Samsun, Turkey. *Plant Disease*, 87(4), 341–344. https://doi.org/10.1094/PDIS.2003.87.4.341

Shelton, A. M., & Badenes-Perez, F. R. (2006). Concepts and application of trap cropping in pest management. *Annual Review of Entomology*, 51(1), 285–308. https://doi.org/10.1146/annurev.ento.51.110104.150959

Shi, Y., Sun, X. Y., Wang, Z. Y., Li, H. L., & Yan, Z. L. (2016). First report of zucchini yellow mosaic virus infecting sesame in China. *Plant Disease*, 100(12), 2545. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-16-0970-PDN

Shoyinka, S. A., Brunt, A. A., Phillips, S., & Lesemann, D.-E. (1987). The occurrence, properties and affinities of Telfairia mosaic virus, a potyvirus prevalent in Telfairia occidentalis (Cucurbitaceae) in south-western Nigeria. *Journal of Phytopathology*, 119(1), 13–24.

Singh, S. J. (1981). Assessment of losses caused by a strain of watermelon mosaic virus in pumpkin (Cucurbita maxima). In Proceedings of the IIIrd International Symposium on Plant Pathology (IPS) (pp. 95–96).

Sokhandan-Bashir, N., & Ighani, H. (2024). Economic significance of viruses in horticultural crops. In L. P. Awasthi (Ed.), Viral diseases of field and horticultural crops (pp. 331–343).

Academic Press. https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90899-3.00057-4

Somowiyarjo, S., Sako, N., & Nonaka, F. (1990). Production and characterization of monoclonal antibodies to watermelon mosaic virus 2. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*, 56(4), 541–548. https://doi.org/10.3186/jjphytopath.56.541

Stobbe, A., & Roossinck, M. J. (2016). Plant virus diversity and evolution. In A. Wang & X. Zhou (Eds.), Current research topics in plant virology (pp. 197–215). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-319-32919-2_8

Suzuki, N., Shirako, Y., & Ehara, Y. (1991). Reactivities of monoclonal antibodies to cylindrical inclusion, amorphous inclusion, and capsid proteins of watermelon mosaic virus 2 with corresponding proteins of other potyviruses. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*, 57(5), 706–710. https://doi.org/10.3186/jjphytopath.57.706

Svoboda, J., Grimova, L., Zouhar, M., Rysanek, P., & Homa, I. H. (2015). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus, watermelon mosaic virus, and zucchini yellow mosaic virus infecting zucchini plants in Libya. *Plant Disease*, 99(4), 558. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-14-1063-PDN

Şimşek, M., & Korkmaz, S. (2025). Detection and molecular characterization of viral agents infecting cucurbits from South Marmara region in Türkiye. *International Journal of Nature and Life Sciences*. Advance online publication, 90–97. https://doi.org/10.47947/ijnls.1825395

Takeda, K. Y., & Gilbert, J. C. (1975). Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus 2 in cucumber (Cucumis sativus L.). *HortScience*, 10, 319.

Takeshita, M., Okuda, M., Okuda, S., Hyodo, A., Hamano, K., Furuya, N., & Tsuchiya, K. (2013). Induction of antiviral responses by acibenzolar-S-methyl against cucurbit chlorotic yellows virus in melon. *Phytopathology*, 103(9), 960–965. https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-12-0188-R

Tamarzizt, H. B., Montarry, J., Girardot, G., Fakhfakh, H., Tepfer, M., & Jacquemond, M. (2013). Cucumber mosaic virus populations in Tunisian pepper crops are mainly composed of virus reassortants with resistance-breaking properties. *Plant Pathology*, 62(6), 1415–1428. https://doi.org/10.1111/ppa.12032

Tang, Q. J., Liu, M. Y., Li, X., Zhao, S. Q., & Dai, L. Y. (2017). Pumpkin: A new natural host of tobacco mild green mosaic virus in China. *Plant Disease*, 101(6), 1063. https://doi.org/10.1094/PDIS-03-16-0317-PDN

Tomašechová, J., Predajna, L., Sihelská, N., Kraic, J., Mihálik, D., Šoltys, K., & Glasa, M. (2020). First report of pepper cryptic virus 2 infecting pepper (Capsicum annuum) in Slovakia. *Plant Disease*, 104(5), 1565. https://doi.org/10.1094/PDIS-12-19-2577-PDN

Topkaya, Ş. (2020). Kastamonu ili ve çevresinde kabakgil yetiştirilen alanlarda enfeksiyon oluşturan viral etmenlerin saptanması. *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi*, 9(1), 65–72. https://izlik.org/JA29EP66AU

Topkaya, S., Desbiez, C., & Ertunç, F. (2019). Presence of cucurbit viruses in Ankara and Antalya provinces and molecular characterization of the coat protein gene of zucchini yellow mosaic virus Turkish isolates. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(4), 2442–2449.

Torre, C., Agüero, J., Gómez-Aix, C., & Aranda, M. A. (2020). Comparison of DAS-ELISA and qRT-PCR for the detection

of cucurbit viruses in seeds. *Annals of Applied Biology*, 176(2), 158–169. https://doi.org/10.1111/aab.12543

Tricoli, D. M., Carney, K. J., Russell, P. F., McMaster, J. R., Groff, D. W., Hadden, K. C., Himmel, P. T., Hubbard, J. P., Boeshore, M. L., & Quemada, H. D. (1995). Field evaluation of transgenic squash containing single or multiple virus coat protein gene constructs for resistance to cucumber mosaic virus, watermelon mosaic virus 2, and zucchini yellow mosaic virus. *Nature Biotechnology*, 13(12), 1458–1465. https://doi.org/10.1038/nbt1295-1458

Trkulja, V., Vasić, J., Vuković, B., Stanković, I., Vučurović, A., Bulajić, A., & Krstić, B. (2014). First report of watermelon mosaic virus infecting melon and watermelon in Bosnia and Herzegovina. *Plant Disease*, 98(12), 1749. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-14-0752-PDN

Turan, S., & Erdinç, Ç. (2022). Van Gölü Havzası'ndan toplanan bazı kavun genotiplerinde virüse karşı dayanıklılığın mekanik inokulasyon ve moleküler yöntemlerle belirlenmesi. *Tarım ve Doğa Dergisi*, 25(4), 735.

U.S. Department of Agriculture. (1965). Losses in agriculture (Agricultural Research Service, Agriculture Handbook No. 291). 120 pp.

Van Regenmortel, M. H. V., Fauquet, C. M., Bishop, D. H. L., Carstens, E. B., Estes, M. K., Lemon, S. M., Maniloff, J., Mayo, M. A., McGeoch, D. J., Pringle, C. R., & Wickner, R. B. (Eds.). (2000). Virus taxonomy: Classification and nomenclature of viruses: Seventh report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. Academic Press.

Van Regenmortel, M. H. V. (1961). Zone electrophoresis and particle size of cucumber mosaic virus. *Virology*, 15(2), 221–223.

Vincelli, P., & Seebold, K. (2009). Report of a watermelon mosaic potyvirus strain in Kentucky undetected by ELISA. *Plant Health Progress*, 10, e0313-01-BR. https://doi.org/10.1094/PHP-2009-0313-01-BR

ViralZone. (2026). Potyvirus. Erişim tarihi: 6 Haziran 2026, https://viralzone.expasy.org/50

Vovlas, C., Hiebert, E., & Russo, M. (1981). Zucchini yellow fleck virus, a new potyvirus of zucchini squash. *Phytopathologia Mediterranea*, 20, 123–128.

Wai, T., & Grumet, R. (1995). Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in the cucumber line TMG-1: Tissue-specific expression and relationship to zucchini yellow mosaic virus resistance. *Theoretical and Applied Genetics*, 91(4), 699–706. https://doi.org/10.1007/BF00223299

Wang, H. Y., Gong, H. H., Yan, Z. Y., Tang, W., Zhu, T. S., Zhao, M., & Li, X. D. (2017). First report of tobacco vein banding mosaic virus infecting sesame in China. *Plant Disease*, 101(5), 850. https://doi.org/10.1094/PDIS-12-16-1707-PDN

Wang, H. Z., Zhao, P. J., & Zhou, X. Y. (2000). Regeneration of transgenic Cucumis melo and its resistance to virus diseases. *Acta Phytophylacica Sinica*, 27, 126–130.

Wang, H.-Z., Zhao, P.-J., Xu, J.-C., Zhao, H., & Zhang, H.-S. (2003). Virus resistance in transgenic watermelon plants containing a WMV-2 coat protein gene. *Acta Genetica Sinica*, 30, 70–75.

Watanabe, S., Ruschel, R., Marrero, G., Sether, D., Borth, W., Hu, J., & Melzer, M. (2016). A distinct lineage of watermelon mosaic virus naturally infects honohono orchid (Dendrobium anosmum) and

passionfruit (Passiflora edulis) in Hawaii. *New Disease Reports*, 34, 13. https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2016.034.013

Wayne, T. (1971). The incidence and economic importance of watermelon mosaic virus. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 14, 242–247.

Webb, R. E., & Scott, H. A. (1965). Isolation and identification of watermelon mosaic viruses 1 and 2. *Phytopathology*, 55(8), 895–900.

Webb, S. E., & Kok-Yokomi, M. L. (1993). Transmission of cucurbit potyviruses by Uroleucon pseudambrosiae (Homoptera: Aphididae), an aphid trapped during epidemics of watermelon mosaic virus 2 in Florida. *Journal of Economic Entomology*, 86(6), 1786–1792. https://doi.org/10.1093/jee/86.6.1786

Webb, S. E., & Linda, S. B. (1993). Effect of oil and insecticide on epidemics of potyviruses in watermelon in Florida. *Plant Disease*, 77(9), 869–874. https://doi.org/10.1094/PD-77-0869

Wu, X., Cheng, X., & Li, W. (2018). First report of natural infection of watermelon mosaic virus on Lagerstroemia indica in China. *Plant Disease*, 102(5), 1048. https://doi.org/10.1094/PDIS-10-17-1604-PDN

Wyenandt, C. A., Infante-Casella, M., Henninger, M. R., Buckley, R., Tirpak, S., Holmstrom, K. E., Nitzsche, P. J., Tietjen, W. H., Samulis, R. J., Kline, W. L., Cowgill, W., & Heckman, J. R. (2006). Survey for cucurbit viruses in commercial fields and evaluation of virus-resistant summer squash breeding lines in New Jersey. In Cucurbitaceae 2006: Proceedings of the IXth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae (pp. 539–544).

Wylie, S. J., Adams, M., Chalam, C., Kreuze, J., López-Moya, J. J., Ohshima, K., Praveen, S., Rabenstein, F., Stenger, D.,

Wang, A., Zerbini, F. M., & ICTV Report Consortium. (2017). ICTV virus taxonomy profile: Potyviridae. *Journal of General Virology*, 98(3), 352–354. https://doi.org/10.1099/jgv.0.000740

Xanthis, C. K., Maliogka, V. I., Lecoq, H., Desbiez, C., Tsvetkov, I., & Katis, N. I. (2015). First report of cucumber mosaic virus infecting watermelon in Greece and Bulgaria. *Journal of Plant Pathology*, 97(2), 399. https://doi.org/10.4454/JPP.V97I2.007

Xi, M., Wang, C., Zhang, H., Wang, M., Xu, Q., Zhang, J., & Ji, Y. (2025). First report of watermelon mosaic virus infecting faba bean (Vicia faba) in China. *Plant Disease*, 109(3), 726. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-24-1437-PDN

Yakoubi, S., Lecoq, H., & Desbiez, C. (2008). Algerian watermelon mosaic virus (AWMV): A new potyvirus species in the PRSV cluster. *Virus Genes*, 37(1), 103–109. https://doi.org/10.1007/s11262-008-0237-x

Yamamoto, H., & Fuji, S. (2008). Rapid determination of the nucleotide sequences of potyviral coat protein genes using semi-nested RT-PCR with universal primers. *Journal of General Plant Pathology*, 74(2), 97–100. https://doi.org/10.1007/s10327-008-0081-9

Yang, X., Li, Y., & Wang, A. (2021). Research advances in potyviruses: From the laboratory bench to the field. *Annual Review of Phytopathology*, 59(1), 1–29. https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-020620-114550

Yeh, S. D., Gonsalves, D., & Provvidenti, R. (1984). Comparative studies on host range and serology of papaya ringspot virus and watermelon mosaic virus 1. *Phytopathology*, 74(9), 1081–1085. https://doi.org/10.1094/Phyto-74-1081

Yeh, S.-D., & Gonsalves, D. (1994). Practices and perspective of control of papaya ringspot virus by cross protection. In K. F. Harris (Ed.), *Advances in disease vector research* (Vol. 10, pp. 237–257). Springer.

Yeşil, S. (2014). Virus diseases of edible seed squash (Cucurbita pepo L.) in Konya Province. In Book of proceedings of the Fifth International Scientific Agricultural Symposium (AGROSYM 2014) (pp. 226).

Yeşil, S. (2019a). Some virus diseases of edible seed squash (Cucurbita pepo L.) in Aksaray Province, Turkey. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 29, 63–71. https://doi.org/10.29133/yyutbd.476052

Yeşil, S. (2019b). Detection of viruses on edible seed squash (Cucurbita pepo L.) in Yozgat Province, Turkey. *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 9(3), 1202–1219. https://doi.org/10.21597/jist.509235

Yeşil, S. (2022). Determination of inhibition effect of propolis extract on watermelon mosaic virus in edible seed squash. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 36(4), 1–5. https://izlik.org/JA62ZT35DH

Yeşil, S. (2020). Detection of some virus diseases of edible seed squash (Cucurbita pepo L.) in Nevşehir Province, Turkey. *Selcuk Journal of Agriculture and Food Sciences*, 34(1), 49–56. https://izlik.org/JA89MD96HC

Yu, M. H., Frenkel, M. J., McKern, N. M., Shukla, D. D., Strike, P. M., & Ward, C. W. (1989). Coat protein of potyviruses 6: Amino acid sequences suggest watermelon mosaic virus 2 and soybean mosaic virus are strains of the same potyvirus. *Archives of Virology*, 105(1–2), 55–64. https://doi.org/10.1007/BF01311116

Yuki, V. A., Rezende, J. A. M., Kitajima, E. W., Barroso, P. A. V., Kuniyuki, H., Groppo, G. A., & Pavan, M. A. (2000). Occurrence, distribution, and relative incidence of five viruses infecting cucurbits in the state of São Paulo, Brazil. *Plant Disease*, 84(5), 516–520. https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.5.516

Ziebell, H., & Carr, J. P. (2010). Cross-protection: A century of mystery. In Advances in virus research (Vol. 76, pp. 211–264). Academic Press. https://doi.org/10.1016/S0065-3527(10)76006-1

Zindović, J., Manglli, A., Hrnčić, S., Radonjić, S., Perović, T., Tomassoli, L. (2017). First report of cucurbit aphid-borne yellows virus affecting summer squash and melon in Montenegro. *Journal of Plant Pathology*, 99(1), 299. http://www.sipav.org/main/jpp/index.php/jpp/article/view/3842/2484

Zitter, T. A., & Tsai, J. H. (1977). Transmission of three potyviruses by the leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae). *Plant Disease Reporter*, 61(12), 1025–1029. https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/19780553823

BÖLÜM 9

Potyvirus lactucae (Lettuce mosaic virus, LMV)

FİLİZ ERTUNÇ[1]
FİLİZ RANDA-ZELYÜT[2]

Giriş

Marul (*Lactuca sativa* L.), Asteraceae familyasının ekonomik açıdan önemli sebze türlerinden biri olup dünya genelinde taze tüketilen yapraklı sebzeler arasında önemli bir yere sahiptir. Yüksek besin değeri, düşük kalori içeriği ve yıl boyunca üretilebilmesi nedeniyle marul yetiştiriciliği birçok ülkede yaygın olarak yapılmaktadır. Türkiye' de uygun iklim koşulları sayesinde önemli marul üreticileri arasında yer almakta ve hem açık alan hem de örtü altı yetiştiricilik sistemlerinde marul üretimi gerçekleştirilmektedir.

Marul üretiminde verim ve kaliteyi sınırlandıran biyotik ve abiyotik faktörler bulunmaktadır. Biyotik faktörler arasında fungal,

[1] Prof. Dr., Ankara Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-0557-6119
[2] Doç. Dr., Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-1366-4389

bakteriyel ve viral hastalıklar önemli bir yer tutmaktadır. Viral etmenler, kimyasal yöntemlerle doğrudan kontrol edilememeleri ve enfekte bitkilerde kalıcı enfeksiyon oluşturmaları nedeniyle ayrı bir öneme sahiptir. Marulda ekonomik kayıplara neden olan çok sayıda virüs tanımlanmış olmakla birlikte, lettuce mosaic virus (*Potyvirus lactucae*, LMV) dünya genelinde en yaygın (Şekil 1) ve en yıkıcı marul virüslerinden biri olarak kabul edilmektedir (German-Retana vd., 2008).

İlk kez 1921'de Jagger tarafından Florida'da tanımlanan marul mozaik hastalığı, tohumların sınırsız coğrafi hareketliliği sayesinde zamanla yerel bir sorun olmaktan çıkmış ve Dinant ile Lot'un (1992) da belirttiği gibi, günümüzde marul yetiştirilen her alanda varlık gösteren küresel ölçekte önemli bir patojene dönüşmüştür. Virüsün özellikle tohumla taşınabilmesi ve çok sayıda yaprak biti türü tarafından non-persistent şekilde aktarılabilmesi, küresel ölçekte yayılımını kolaylaştıran en önemli faktörler arasında yer almaktadır (German-Retana vd., 2008). Enfeksiyonlar sonucunda bitkilerde mozaik, yaprak deformasyonları, damar açılması, bodurlaşma ve baş oluşumunda bozulmalar meydana gelebilmekte, bunun sonucunda ürünün pazarlanabilirliği önemli ölçüde azalmaktadır.

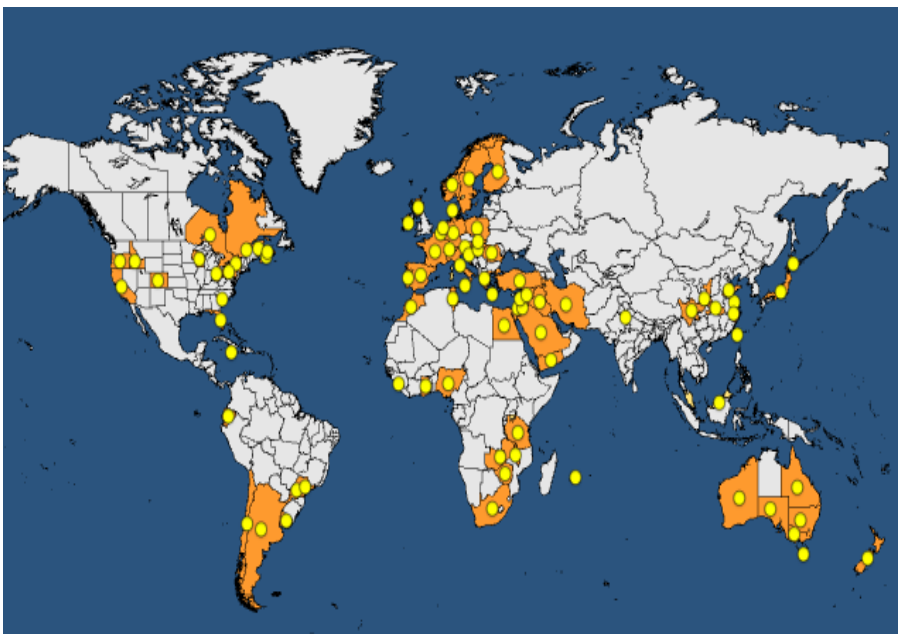
LMV, Potyviridae familyasının *Potyvirus* cinsinde yer almakta olup pozitif polariteli tek iplikçikli (+) ssRNA genomuna sahiptir (Lim vd., 2014). Virüsün yüksek genetik değişkenlik gösterebilmesi, farklı biyolojik özelliklere sahip izolatların ortaya çıkmasına neden olmakta ve dayanıklılık kaynaklarının kullanımını zorlaştırabilmektedir (German-Retana vd., 2008). Özellikle dayanıklılık genlerini aşabilen bazı LMV izolatlarının belirlenmesi, virüsün evrimsel potansiyelini ve sürdürülebilir mücadele stratejilerinin önemini ortaya koymaktadır.

Günümüzde uluslararası tohum ticaretinin artması, iklim değişikliğinin vektör popülasyonları üzerindeki etkileri ve yoğun

üretim sistemlerinin yaygınlaşması, LMV 'nin epidemiyolojisini etkileyen önemli unsurlar arasında değerlendirilmektedir (Sastry, 2013; Jones, 2009). Bu nedenle virüsün biyolojisinin, yayılım mekanizmalarının ve genetik çeşitliliğinin anlaşılması etkili hastalık yönetimi açısından büyük önem taşımaktadır.

Bu bölümde LMV' nin taksonomik konumu, genomik özellikleri, ekonomik önemi, yayılımı, konukçu dizisi, taşınma yolları, simptomatolojisi, teşhis yöntemleri, Türkiye'deki durumu ve mücadele stratejileri güncel bilimsel bilgiler doğrultusunda ele alınmıştır.

Şekil 1. Lettuce mosaic virus'un (LMV) mevcut yayılış durumu



Kaynak: https://gd.eppo.int/taxon/LMV000/distribution (Erişim tarihi: 09.06.2026)

Taksonomi ve Genomik Özellikler

LMV; Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi'ne (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) göre son zamanlarda *Riboviria* alemi içerisinde yer almış ve binominal isimlendirme ile tür ismi *Potyvirus lactucae* olarak güncellenmiştir (ICTV, 2025). En güncel taksonomik sınıflandırması aşağıdaki gibi bildirilmiştir (ICTV, 2025).

Kingdom: Orthornavirae

Bölüm: Pisuviricota

Sınıf: Stelpaviricetes

Takım: Patatavirales

Familya: Potyviridae

Cins: Potyvirus

LMV, yaklaşık 750 nm uzunluğunda ve 13-15 nm genişliğinde, bükülebilir ipliksi çubuk partikül yapısına sahip olup monopartite bir genom yapısına sahiptir (German-Retana vd., 2008). Bu genom, diğer potyvirüs üyeleri gibi uzun ve tek bir açık okuma çerçevesi (ORF) içerir (Cui vd., 2019). Söz konusu ORF, viral üç proteaz tarafından proteolitik olarak işlenerek on fonksiyonel proteine dönüştürülen bir poliproteini kodlar (Wylie vd., 2017; Shen vd., 2020).

LMV, yaklaşık 10.080 nükleotit uzunluğunda ve pozitif polariteli bir RNA genomuna sahiptir ve genomun 5′ ucunda viral genoma bağlı protein (VPg) bulunurken, 3′ ucunda poliadenillenmiş [poly(A)] bir kuyruk yer almaktadır (Murphy vd., 1991; German-Retana vd., 2008; Adams vd., 2005). Viral genom, yaklaşık 3.255 amino asitten oluşan tek bir büyük poliproteini kodlamakta ve bu poliprotein enfeksiyon sürecinde virüs tarafından kodlanan proteazlar aracılığıyla işlevsel proteinlere ayrılmaktadır (Reddy vd.,

2024; German-Retana vd., 2008). Genom organizasyonunda, açık okuma çerçevesi (ORF) 5′ ve 3′ uçlarda bulunan kodlamayan bölgeler tarafından çevrelenmiştir. Dizisi belirlenen LMV-R izolatlarında 5′ kodlamayan bölgenin yaklaşık 103 nükleotit, 3′ kodlamayan bölgenin ise yaklaşık 212 nükleotit uzunluğunda olduğu bildirilmiştir (Reddy vd., 2024).

LMV genomunda genetik değişkenlik tüm bölgelerde eşit düzeyde dağılmamıştır. LMV genomunun gen bölgeleri değişkenlik bakımından farklı özellikler göstermektedir. P1 geni ile kapsid protein (CP) geninin N-terminal bölgesi genomun en değişken kısımlarını oluştururken, NIa proteaz ve NIb proteinlerini kodlayan bölgeler, HC-Pro proteininin C-terminal kısmı ve 3′ kodlamayan bölge yüksek derecede korunmuş yapılarıyla karakterize edilmektedir (German-Retana vd., 2008). Bu durum, söz konusu bölgelerin virüsün temel biyolojik fonksiyonları açısından kritik öneme sahip olduğunu göstermektedir.

Evrimsel açıdan değerlendirildiğinde, LMV popülasyonlarının şekillenmesinde mutasyonlar, enfekteli tohum ve bitki materyallerinin taşınması, yaprak bitleri aracılığıyla gerçekleşen yayılım ve konukçu dizisi önemli rol oynamaktadır. Özellikle CP genine yönelik yapılan çalışmalar, bu bölgenin ağırlıklı olarak negatif (arıtıcı) seleksiyon baskısı altında bulunduğunu ortaya koymuştur (Abadkhah vd., 2021).

Ekonomik Önemi

Bitki virüs hastalıkları, küresel tarımsal üretimi tehdit eden ve önemli ekonomik kayıplara neden olan başlıca biyotik stres faktörleri arasında yer almaktadır (Tatineni & Hein, 2023). Dünya genelinde her yıl milyarlarca dolarlık zarara yol açan bu hastalıklar, yalnızca ürün miktarını azaltmakla kalmayıp kaliteyi de olumsuz etkileyerek tarımsal ürünlerin pazarlanabilirliğini ve ihracat değerini düşürmektedir (Mumford vd., 2016; Rybicki, 2015; Tatineni & Hein,

2023). Bu kayıplar, özellikle ekonomik kaynakları sınırlı olan gelişmekteki ülkelerdeki üreticiler üzerinde daha ağır sonuçlar doğurmakta ve tarımsal sürdürülebilirliği tehdit etmektedir (Ugandhar, 2025).

Lettuce mosaic virus (LMV), marul yetiştiriciliğinin yapıldığı birçok ülkede ekonomik açıdan en önemli viral etmenlerden biri olarak kabul edilmektedir. Virüsün tohumla ve yaprak bitleriyle etkin bir şekilde taşınabilmesi, hastalığın geniş alanlara yayılmasına ve önemli verim kayıplarına neden olmaktadır. Akdeniz Havzası'ndaki marul üretim bölgelerinde LMV, ekonomik zarar oluşturan başlıca viral patojenlerden biri olarak bildirilmektedir (Moreno & Fereres, 2012). Benzer şekilde, Brezilya'da marul üretim alanlarında yürütülen çalışmalarda LMV, ekonomik kayıplardan sorumlu en önemli virüslerden biri olarak belirlenmiştir (Pavan vd., 2008).

Marul üretiminin ve ihracatının önemli olduğu İspanya'da da LMV kaynaklı salgınlar rapor edilmiştir. Özellikle Madrid bölgesinde sonbahar üretim dönemlerinde meydana gelen epidemilerin ciddi verim kayıplarına yol açtığı bildirilmiştir (Moreno vd., 2004). Duyarlı marul çeşitlerinde ise enfeksiyonlar kısa sürede geniş alanlara yayılarak şiddetli epidemilere dönüşebilmekte ve uygun çevre koşullarında ürün kayıpları %80–100 düzeyine ulaşabilmektedir (Dinant & Lot, 1992).

Türkiye’de LMV Enfeksiyonunun Durumu

Türkiye'de aysberg (baş salata), göbek marul ile yeşil ve kırmızı kıvırcık salata tiplerine ait çok sayıda ticari marul çeşidi yetiştirilmektedir (Randa-Zelyüt, 2016). Özellikle Akdeniz ve Ege bölgelerinin elverişli iklim koşulları sayesinde bu ürünlerin üretimi yıl boyunca devam etmekte, hem örtü altı hem de açık tarla yetiştiriciliği yaygın olarak gerçekleştirilmektedir.

Türkiye'de marul virüs hastalıklarına ilişkin ilk gözlemlerden biri Özalp (1964) tarafından İzmir'deki sebze üretim alanlarında yürütülen survey çalışmasında gerçekleştirilmiştir. Teşhis yöntemlerinin büyük ölçüde mekanik inokulasyona dayanması nedeniyle, LMV' ye ait simptomlar uzun süre gözlemlenmiş olsa da etmenin kesin varlığı ancak 1981 yılında Yılmaz (1981) tarafından Akdeniz bölgesindeki marul üretim alanlarından ilk kez rapor edilmiştir. 1981-1984 yılları arasında İzmir ili marul yetiştirme alanlarında yapılan çalışmalarda ise LMV' nin ilk defa yaygınlık oranı %5.4 olarak bildirilmiştir (Fidan & Türkoğlu, 1988).

Türkiye'de bitki virolojisi alanında güncel virüs teşhis yöntemlerinin sıklıkla kullanılmasıyla birlikte marul üretim alanlarında viral etmenlerin tespitine yönelik bilgi düzeyimiz artmaya başlamıştır. Öncelikle en kapsamlı çalışmalardan birini 2007-2010 yılları arasında Doğu Akdeniz Bölgesi kışlık sebze üretim alanlarında gerçekleştirilmiş olup 808 marul örneği önemli marul virüslerine karşı testlenmiş ve bunların 82 tanesinde LMV etmeni tespit edilmiştir (Alan, 2012). Daha sonraki çalışmalarda, Türkiye'nin farklı illerinde bulunan marul ekim alanlarında ise LMV etmeninin neden olduğu enfeksiyonlar; Konya (Yeşil & Ağca, 2021), Ankara (Zelyut & Ertunc, 2018; Ertunç & Randa-Zelyut, 2019), Antalya (Kılıç & Erdaş, 2023), Güney Marmara Bölgesi (Karanfil vd., 2018; Helvacı & Korkmaz, 2022), Hatay (Sertkaya, 2015) ve Adana ve Mersin (Sağlam & Kamberoğlu, 2021) illeri ve bölgelerinde yapılan çalışmalardan bildirilmiştir.

Ülkemizin üretim ve büyüklük açısından önemli marul üretim alanlarında LMV' nin yaygınlık ve varlığına yönelik çalışmalar olmasına rağmen diğer bölgelerde yer alan illerde herhangi bir çalışma gerçekleştirilmemiştir. Ülkemizde hastalığın yaygınlığının azaltılması için mutlaka diğer illerde de araştırmalara ihtiyaç vardır.

Konukçular

LMV, dünya genelinde yayılış gösteren bir virüs olup, birçok farklı familyaya ait bitki türünü enfekte edebilmektedir (German-Retana vd., 2008). Özellikle yabancı otlar ve süs bitkileri, marul üretim alanları için yerel virüs kaynakları olarak önem taşır. Papatyagiller (Asteraceae) familyasında yer alan türlerin büyük kısmı LMV' ye karşı duyarlıdır; bu grup içinde marul (*Lactuca sativa*), yabani marul türleri (*L. serriola* ve *L. virosa*), hindiba (*Cichorium endiva*), aspir (*Carthamus tinctorius*), kurtbağrı (*Centaurea solstitialis*), papatya (*Osteospermum* spp.), Brezilya kedikulağı (*Hypochaeris brasiliensis*) (Silva vd., 2018), çakalotu (*Erigeron bonariensis*) (Chaves vd., 2003) ve gazanya (*Gazania rigens*) (Balsak & Aslan, 2026) gibi gerek tarımı yapılan gerekse süs bitkisi olarak kullanılan türler bulunur.

Papatyagiller familyası dışında rozet çiçeği (*Catharanthus roseus*) (Elbeshehy vd., 2017) ve bezelye (*Pisum sativum*) (Cheng vd., 2019) bitki türlerininde LMV konukçuları arasında olduğu bildirilmiştir. Bunlara ek olarak, turpgiller (Brassicaceae), kabakgiller (Cucurbitaceae), baklagiller (Fabaceae), patlıcangiller (Solanaceae) ve ıspanakgiller (Chenopodiaceae) familyalarından bazı türler de LMV' nin doğal ya da deneysel konukçuları arasında yer almaktadır (German-Retana vd., 2008).

Taşınma Yolları

LMV, doğada başlıca tohum ve afitler aracılığıyla taşınmakta olup, bu iki bulaşma yolu virüsün hem uzun mesafelerde yayılmasını hem de üretim alanları içerisinde hızla epidemiler oluşturmasını sağlamaktadır (INRAE, 2026). Tohumla taşınma, LMV epidemiyolojisinde en önemli primer inokulum kaynaklarından biridir. Enfekteli ana bitkilerden elde edilen tohumlar virüsü bir sonraki üretim dönemine taşıyabilmekte ve enfekteli fidelerin ortaya çıkmasına neden olmaktadır. Tohumla bulaşma oranları virüs

izolatına, konukçu genotipine ve çevresel koşullara bağlı olarak değişmekle birlikte genellikle %1–8 arasında seyretmekte, bazı durumlarda ise %15'e kadar ulaşabilmektedir (INRAE, 2026; Grogan ve Bardin, 1950). Virüsün tohuma geçişi çoğunlukla enfekteli yumurta hücreleri aracılığıyla gerçekleşirken, daha düşük oranlarda polen kaynaklı bulaşmalar da bildirilmektedir (Ryder, 1964). Dayanıklılık genleri (*mo1*^{1} ve *mo1*^{2}) taşıyan marul çeşitlerinde tohumla taşınma önemli ölçüde azalmakta, ancak bu dayanıklılığı kırabilen bazı LMV izolatlarının farklı ülkelerde ortaya çıktığı ve yüksek oranlarda tohum enfeksiyonu oluşturabildiği bilinmektedir (Dinant & Lot, 1992). Bu nedenle enfekteli tohum partilerinin kullanılması, yeni üretim alanlarında virüsün yerleşmesi ve salgınların başlamasında kritik bir rol oynamaktadır.

LMV' nin ikinci önemli yayılma yolu afit vektörlerdir. Virüs, afitler tarafından non-persistent taşınma mekanizması ile aktarılmaktadır (Moreno vd., 2007). Bu taşınma şeklinde afitler, enfekteli bitkiler üzerinde yaptıkları kısa süreli beslenmeleri sırasında virüsü almakta ve kısa süre içerisinde sağlıklı bitkilere aktarabilmektedir. Virüsün taşınması için latent döneme ihtiyaç duyulmaması nedeniyle bulaşma saniyeler içerisinde gerçekleşebilmekte, afitler ise virüsü yalnızca kısa bir süre taşıyabilmektedir. Virüsün doğal taşınmasında çok sayıda afit türü rol almakla birlikte, şeftali yaprakbiti (*Myzus persicae*) ve patates yaprakbiti (*Macrosiphum euphorbiae*) en etkili vektörler olarak kabul edilmektedir (Broadbent vd., 1951). Ayrıca *Aphis gossypii*, *A. craccivora*, *Hyperomyzus lactucae*, *Nasonovia ribis-nigri* ve *Pemphigus bursarius* gibi türlerin de LMV' nin yayılımında etkili olduğu bildirilmektedir (Nebreda vd., 2004; INRAE, 2026). Farklı afit türleri arasında virüs edinme ve aktarma etkinlikleri değişkenlik göstermekle birlikte, özellikle *M. persicae*' nin LMV epidemilerinde en önemli vektörlerden biri olduğu kabul edilmektedir (Moreno vd., 2007).

Simptomatoloji

LMV, marul bitkilerinde gelişme dönemine, konukçu genotipine, çevre koşullarına ve virüs izolatının özelliklerine bağlı olarak değişen şiddette belirtilere neden olmaktadır (Dinant & Lot, 1992). Virüsün neden olduğu enfeksiyonunun belirtileri, genç fideler ile olgun bitkiler arasında farklılık gösterebilir (Mou vd., 2025). Erken fide döneminde görülen belirtiler arasında bodurlaşma, nekroz, yaprak şekil bozuklukları, bitkide deformasyon, kloroz, mozaiğe benzeyen beneklenme ve belirginleşmiş yaprak kenarları dişliliği sayılabilir (Mou vd., 2025).

Erken dönemde enfekte olan bitkiler baş oluşturamaz ve yaprakları şekil bozukluğu gösterebilir. Virüs, yapraklarda mozaik-benekli belirtilere yol açabilir; özellikle Roma (romaine) marulda bazen damar arası mozaik (koyu yeşil damarlar ve açık yeşil damar arası bölgeler) şeklinde ortaya çıkar (Mou vd., 2025, Zelyut & Ertunc, 2018) (Şekil 2.).

Şekil 2. Roma (Romaine) tipi Yedikule kültüvarında görülen şiddetli mozaik ve nekrotik simptomlar (Beypazarı, Ankara)



Kaynak: Zelyut & Ertunc, 2018

Teşhis

LMV' nin marul bitkilerinde güvenilir bir şekilde teşhis edilebilmesi için yalnızca simptomatolojik gözlemlere dayanılması yeterli değildir. Virüsün tohumla taşınabilmesi nedeniyle, enfekte bitkilerin yanı sıra tohum partilerinde de tespit edilmesi, hastalığın yayılmasının önlenmesi açısından büyük önem taşımaktadır. LMV' nin enfekte bitkilerde ve tohumlarda tanılanmasında, enzim bağlantılı immünosorbent testi (ELISA) gibi immünolojik/ serolojik yöntemler yaygın olarak kullanılmakta ve rutin teşhis çalışmalarında güvenilir sonuçlar sağlamaktadır (Clark ve Adams, 1977; German-Retana vd., 2008). Bununla birlikte, LMV izolatları arasında belirgin serolojik farklılıklar bulunabilmekte olup, monoklonal antikorlarla gerçekleştirilen çalışmalar virüsün birden fazla epitop bölgesine sahip olduğunu ortaya koymuştur. Bu serolojik çeşitlilik, farklı LMV

izolatlarının ayırt edilmesine olanak sağlayarak hem tanı doğruluğunun artırılmasına hem de virüs popülasyonlarının epidemiyolojik olarak daha ayrıntılı şekilde izlenmesine katkıda bulunmaktadır (Candresse vd., 2007).

Serolojik testlerin tek başına kullanıldığı durumlarda özellikle düşük virüs konsantrasyonlarına sahip tohum örneklerinde veya asemptomatik enfeksiyonlarda yanlış negatif sonuçlarla karşılaşılabilmektedir. Bu sınırlamaları aşmak amacıyla, moleküler yöntemler son yıllarda LMV teşhisinde tamamlayıcı ve giderek daha yaygın bir araç haline gelmiştir. Ters Transkriptaz-Polimeraz zincir reaksiyonu (Reverse Transcriptase- Polymerase Chain Reaction, PCR) ve gerçek zamanlı PCR (Real Time, RT-qPCR) gibi nükleik asit temelli teknikler, virüsün hem vejetatif bitki dokularında hem de tek tek tohumlarda yüksek hassasiyet ve özgüllükle tespit edilmesini sağlamaktadır (Peypelut vd., 2004; Karanfil vd., 2018; ISF, 2026). Özellikle tohum sertifikasyon programlarında, RT-qPCR düşük viral RNA miktarlarının bile güvenilir şekilde saptanmasına olanak tanıyarak LMV' nin tohumla taşınma riskinin minimize edilmesine katkıda bulunmaktadır. Günümüzde, LMV' nin güvenilir teşhisi için serolojik ve moleküler yöntemlerin birlikte kullanıldığı kombine yaklaşımlar önerilmekte olup, bu strateji hem rutin taramalarda hem de epidemiyolojik araştırmalarda en yüksek doğruluk oranını sağlamaktadır (Karanfil vd., 2018; Randa Zelyut & Ertunc, 2018).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

LMV' nin neden olduğu ekonomik kayıpların önlenebilmesi için entegre mücadele stratejilerinin uygulanması zorunludur. Mücadelenin temelini, virüsün tohumla taşınması nedeniyle sertifikalı ve virüsten ari tohumluk kullanımı oluşturmaktadır (Mou vd., 2025). ELISA veya moleküler yöntemlerle test edilmiş tohum partilerinin tercih edilmesi, hastalığın başlangıç inokulum kaynağını büyük ölçüde ortadan kaldırmaktadır (Dinant & Lot, 1992). Bunun

yanı sıra, enfekte bitkilerin ve yabancı ot konukçularının üretim alanlarından uzaklaştırılması, vektör popülasyonlarının baskılanması ve ekim nöbeti, enfekte alanlara marul ekiminden en az iki yıl ara verilmesi gibi kültürel önlemler hastalığın yayılım hızını azaltmada etkilidir (Broadbent vd., 1951; Tomlinson, 1962). Kimyasal mücadelede, yaprak bitlerine karşı uygulanan insektisitler, virüsün non-persistent olarak taşınması nedeniyle sınırlı başarı sağlamakta, bu nedenle mineral yağlar ile birlikte uygulanan insektisitler daha yaygın kullanılmaktadır (Simons vd., 1995; Wang & Pirone, 1996). Kimyasal mücadelenin sınırlı başarısı ve olumsuz çevresel etkileri göz önüne alındığında, *M. persicae* gibi vektörlere karşı arbüsküler mikorizal funguslar (AMF) gibi çevre dostu alternatif uygulamaların giderek daha fazla önem kazandığı ve umut vaat ettiği görülmektedir (Berber Tortop vd., 2026).

Günümüzde viral etmenlere karşı en sürdürülebilir ve çevre dostu kontrol yöntemlerden biri, LMV etmenine dayanıklı marul çeşitlerinin kullanılmasıdır. Dünya genelinde marul üretiminde LMV' ye karşı kullanılan başlıca dayanıklılık genleri, maruldaki ökaryotik translasyon başlatma faktörü eIF4E' yi kodlayan genin mutant allelleri olan resesif *mo1*^{1} ve *mo1*^{2} genleridir (Dinant & Lot, 1992; German- Retana, 2008). Bu genler, virüsün çoğalması için gerekli olan konukçu faktörünün işlevini değiştirerek enfeksiyonu sınırlandırmaktadır. Bununla birlikte, LMV' nin bitkide başarılı bir şekilde replike olabilmesi için işlevsel durumda en az bir eIF4E kopyasının bulunmasının gerekli olduğu düşünülmektedir (Nicaise vd., 2003). Bu nedenle, eIF4E ile virüs arasındaki etkileşim, LMV' ye karşı dayanıklılığın moleküler temelini oluşturan en önemli mekanizmalardan biri olarak kabul edilmektedir. (German-Retana vd., 2008; Nicaise vd., 2003). Bu genetik dayanıklılığın, virüs popülasyonlarında dayanıklılığı aşabilen ırkların (breaking strains) gelişmesini engellemek amacıyla diğer mücadele yöntemleriyle birlikte kullanılması önerilmektedir.

Kaynaklar

Abadkhah, M., Hamidi, H., & Koolivand, D. (2021). Phylogenetic and population analysis of Lettuce mosaic virus isolates based on the coat protein gene. *Journal of Genetic Resources,* 7(2), 211–219. https://doi.org/10.22080/jgr.2021.20849.1238

Adams, M. J., Antoniw, J. F., & Fauquet, C. M. (2005). Molecular criteria for genus and species discrimination within the family Potyviridae. *Archives of Virology*, 150, 459–479.

Alan, A. (2012). Doğu Akdeniz Bölgesi'nde yetiştirilen bazı kışlık sebzelerde hastalık yapan virüslerin tanılanması ve karakterizasyonu (Doktora tezi). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, Türkiye.

Anonim. (2003). Anuario de Estadística Agroalimentaria, 2001. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Madrid, Spain. http://www.mapya.es/estadistica/Anu_01/indice.asp

Balsak, S. C., & Aslan, Z. (2026). Occurrence and molecular characterization of CMV and LMV in Gazania spp. and PFBV in Pelargonium spp. in Turkey. *Tropical Plant Pathology*, 51(1), 26.

Berber Tortop, G., Özgönen Özkaya, H., & Birgücü, A. K. (2026). Effects of an arbuscular mycorrhizal fungus on some biological characteristics of Myzus persicae (Sulzer) (Hemiptera: Aphididae). *BioControl,* 71, 105–112. https://doi.org/10.1007/s10526-025-10357-7

Broadbent, L., Tinsley, T. W., Buddin, W., & Roberts, E. T. (1951). The spread of lettuce mosaic in the field. *Annals of Applied Biology*, 38, 689–706.

Candresse, T., Lot, H., German-Retana, S., Krause-Sakate, R., Thomas, J., Souche, S., ... & Le Gall, O. (2007). Analysis of the serological variability of Lettuce mosaic virus using monoclonal

antibodies and surface plasmon resonance technology. *Journal of General Virology,* 88(9), 2605–2610.

Chaves, A. L., Braun, M. R., Eiras, M., Colariccio, A., & Galleti, S. R. (2003). Erigeron bonariensis: Hospedeira alternativa do Lettuce mosaic virus no Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, 28, 307–311.

Cheng, Y. H., Chiang, C. H., & Chang, C. A. (2019). First report of Lettuce mosaic virus infecting pea in Taiwan. *Plant Disease*, 103(11), 2971.

Clark, M. F., & Adams, A. N. (1977). Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *Journal of General Virology*, 34(3), 475–483.

Cui, H., & Wang, A. (2019). The biological impact of the hypervariable N-terminal region of potyviral genomes. *Annual Review of Virology*, 6, 255–274. https://doi.org/10.1146/annurev-virology-092818-015843

Dinant, S., & Lot, H. (1992). Lettuce mosaic virus: A review. *Plant Pathology,* 41, 528–542.

Elbeshehy, E. K., Al-Zahrani, H. S., Aldhebiani, A. Y., & Elbeaino, T. (2017). Viruses infecting periwinkle (*Catharanthus roseus* L.) in western Saudi Arabia. *Phytopathologia Mediterranea, 56*(3), 479–485.

Fidan, Ü., & Türkoğlu, T. (1988). Ege Bölgesi marul bitkilerinde görülen virüs hastalıkları üzerinde ön çalışmalar. *Bitki Koruma Bülteni, 28*(1–2), 43–56.

German-Retana, S., Walter, J., & Le Gall, O. (2008). Lettuce mosaic virus: From pathogen diversity to host interactors. *Molecular Plant Pathology,* 9(2), 127–136.

Grogan, R. G., & Bardin, R. (1950). Some aspects concerning seed transmission of lettuce mosaic virus. *Phytopathology,* 40, 965.

Helvacı, A., & Korkmaz, S. (2022). Ülkemiz Lettuce Mosaic Virus izolatının tüm genom analizi. *Journal of Advanced Research in Natural and Applied Sciences*, 8(1), 26–34. https://doi.org/10.28979/jarnas.960829

ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses). (2025). Master species list (MSL). https://ictv.global/msl (Erişim tarihi: 08.06.2026)

INRAE (National Research Institute for Agriculture, Food and Environment). (2026). Salads - Ecology and epidemiology. ePhytia. https://ephytia.inrae.fr/en/Contents/view/5976/Salads-Ecology-epidemiology (Erişim tarihi: 06.06.2026)

ISF (International Seed Federation). (2026). Detection of Lettuce mosaic virus (LMV) in seeds (Version 5). https://worldseed.org/wp-content/uploads/2022/06/2026_March_protocol_Lettuce_LMV_v5.pdf (Erişim tarihi: 14.06.2026)

Jagger, I. C. (1921). A transmissible mosaic disease of lettuce. *Journal of Agricultural Research*, 20, 737–741.

Jones, R. A. (2009). Plant virus emergence and evolution: Origins, new encounter scenarios, factors driving emergence, effects of changing world conditions, and prospects for control. *Virus Research*, 141 (2), 113–130.

Karanfil, A., Cevik, B., & Korkmaz, S. (2018). Detection of Lettuce mosaic virus infection in South Marmara Region of Turkey and coat protein gene characterization. *Zemdirbyste-Agriculture*, 105: (4).

Kılıç, H. Ç., & Erdaş, E. (2023). Antalya ili Finike ilçesinde marul üretim alanlarında Marul Mozaik Virüsü' nün belirlenmesi. Sinop Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi, 8(1), 30–38.

Lim, S., Zhao, F., Yoo, R. H., Igori, D., Lee, S. H., Lim, H. S., & Moon, J. S. (2014). Characteristics of a Lettuce mosaic virus isolate infecting lettuce in Korea. *Plant Pathology Journal*, 30(2), 183–187. https://doi.org/10.5423/PPJ.NT.12.2013.0120

Moreno, A., De Blas, C., Biurrun, R., Nebreda, M., Palacios, I., Duque, M., & Fereres, A. (2004). The incidence and distribution of viruses infecting lettuce, cultivated Brassica and associated natural vegetation in Spain. *Annals of Applied Biology*, 144, 339–346.

Moreno, A., Nebreda, M., Díaz, B. M., García, M., Salas, F., & Fereres, A. (2007). Temporal and spatial spread of Lettuce mosaic virus in lettuce crops in central Spain: Factors involved in Lettuce mosaic virus epidemics. *Annals of Applied Biology*, 150, 351–360. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2007.00135.x

Mou, D. F., Sandoya, G. V., Mészáros, A., Batuman, O., & Smith, T. (2025). The updated seed testing rule for Lettuce mosaic virus in Florida: ENY2127/IN1455, 9/2025. EDIS, 2025(5).

Mumford, R. A., Macarthur, R., & Boonham, N. (2016). The role and challenges of new diagnostic technology in plant biosecurity. *Food Security*, 8, 103–109. https://doi.org/10.1007/s12571-015-0533-y

Murphy, J. F., Rychlik, W., Rhoads, R. E., Hunt, A. G., & Shaw, J. G. (1991). A tyrosine residue in the small nuclear inclusion protein of tobacco vein mottling virus links the VPg to the viral RNA. *Journal of Virology*, 65, 511–513.

Nicaise, V., German-Retana, S., Sanjuán, R., Dubrana, M. P., Mazier, M., Maisonneuve, B., & Le Gall, O. (2003). The eukaryotic

translation initiation factor 4E controls lettuce susceptibility to the potyvirus Lettuce mosaic virus. *Plant Physiology*, 132(3), 1272–1282.

Özalp, O. (1964). İzmir'de sebzelerde görülen virüs hastalıkları. *Bitki Koruma Bülteni*, 4(1), 18–25.

Pavan, M. A., Krause-Sakate, R., Silva, N. D., Zerbini, F. M., & Le Gall, O. (2008). Virus diseases of lettuce in Brazil. *Plant Viruses,* 2(1), 35–41.

Peypelut, M., Krause-Sakate, R., Guiraud, T., Pavan, M. A., Candresse, T., Zerbini, F. M., & Le Gall, O. (2004). Specific detection of Lettuce mosaic virus isolates belonging to the 'Most' type. *Journal of Virological Methods*, 121, 119–124.

Randa-Zelyüt, F. (2016). Ankara ili marul ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi (Yüksek lisans tezi). Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, Türkiye.

Reddy, K., Kunda, D., Gilbertson, R. L., McDonald, K. A., Nandi, S., & Sudarshana, M. R. (2024). First complete genome sequence resource of a Potyvirus lactucae isolate from the United States of America. *PhytoFrontiers™*, 4(4), 828–831.

Rybicki, E. P. (2015). A top ten list for economically important plant viruses. *Archives of Virology*, 160, 17–20. https://doi.org/10.1007/s00705-014-2295-9

Ryder, E. J. (1964). Transmission of common lettuce mosaic virus through the gametes of the lettuce plant. *Journal of the American Society for Horticultural Science,* 98(6), 610–614.

Sağlam, H., & Kamberoğlu, M. (2021). Adana ve Mersin illeri'nde marul yetiştirilen alanlarda Marul mozaik virüsü (Lettuce mosaic virus, LMV)'nün saptanması ve karakterizasyonu. Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri

Dergisi, 26(2), 257–265. https://doi.org/10.37908/mkutbd.822534

Sastry, K. S. (2013). Seed-borne plant virus diseases. Springer, New Delhi https://doi.org/10.1007/978-81-322-0813-6

Sertkaya, G. (2015). Hatay ili marul ve ıspanak alanlarında bazı virüslerin araştırılması. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 20(1), 7–12.

Shen, W., Shi, Y., Dai, Z., & Wang, A. (2020). The RNA-dependent RNA polymerase NIb of potyviruses plays multifunctional, contrasting roles during viral infection. *Viruses,* 8;12(1):77. doi: 10.3390/v12010077.

Silva, J. A., Leles, P. G., Zerbini, F. M., Kitajima, E. W., & Almeida, A. M. R. (2018). Hypochaeris brasiliensis: a new host for Lettuce mosaic virus. *New Disease Reports* 38, 23 https://doi.org/10.5197/j.2044-0588.2018.038.023

Simons, J. N., Simons, J. E., & Simons, J. L. (1995). JMS Stylet-Oil User Guide: as a fungicide, as an insecticide and for plant virus control (1st ed.). JMS Flower Farms Inc.

Tatineni, S., & Hein, G. L. (2023). Plant viruses of agricultural importance: Current and future perspectives of virus disease management strategies. *Phytopathology*®, 113(2), 117–141.

Tomlinson, J. A. (1962). Control of lettuce mosaic by the use of healthy seed. *Plant Pathology*, 11(2).

Ugandhar, T. (2025). Emerging trends in plant viral diseases: Symptoms, economic impact, and novel control strategies. *Journal of Virology Research & Reports*. https://doi.org/10.47363/JVRR/2025(6)174

Wang, R. Y., & Pirone, T. P. (1996). Mineral oil interferes with retention of Tobacco etch potyvirus in the stylets of Myzus persicae. *Phytopathology*, 86, 820–823.

Wylie, S. J., Adams, M., Chalam, C., Kreuze, J., López-Moya, J. J., Ohshima, K., Praveen, S., Rabenstein, F., Stenger, D., Wang, A., Zerbini, F. M., & ICTV Report Consortium. (2017). ICTV virus taxonomy profile: Potyviridae. *Journal of General Virology,* 98, 352–354. https://doi.org/10.1099/jgv.0.000740

Yeşil, S., & Ağca, H. İ. (2021). Determination of virus diseases on lettuce in Konya province. *Turkish Journal of Agriculture Food Science and Technology*, 9, 2532–2536.

Yılmaz, M. A. (1981). Virus particles associated with diseases of tomato and lettuce in Turkey. *Phytopathologia Mediterranea*, 20, 79–80.

Zelyut, F. R., & Ertunc, F. (2018). Molecular characterization of lettuce mosaic virus isolates in Ankara province. International *Journal of Agriculture Innovations and Research*, 6(5), 239–245.

BÖLÜM 10

Crinivirus tomatichlorosis (Tomato chlorosis virus, ToCV)

NİHAN GÜNEŞ[1]
BAYRAM ÇEVİK[2]

Giriş

Crinivirus tomatichlorosis (Tomato chlorosis virus, ToCV), yükselen öneme sahip bir viral etmendir. İlk kez 1988 yılında, ABD'nin Florida eyaletinin kuzey-orta kesiminde seralarda yetiştirilen domates bitkilerinde gözlenen ve "sarı yaprak bozukluğu" olarak adlandırılan bir sendromla ilişkili olarak tanımlanmıştır. Bu sendromun 1989 yılından beri gözlendiği ancak başlangıçta besin elementi noksanlığıyla ilişkilendirildiği rapor edilmiştir (Wisler vd., 1998a; Wisler vd., 1998b)

1996 yılında karakterize edilen ve domateste "sarı yaprak bozukluğu" sendromuna neden olan patojen, vektör beyazsineklerin artan popülasyonu ve genişleyen dağılımı yanında küresel domates ticareti yoluyla yayılımını sürdürmektedir. Doğal başlıca konukçusu domates olmakla birlikte ToCV, farklı botanik familyalara ait çok sayıda bitkide de enfeksiyon yaparak hastalığa neden olmaktadır. ToCV dünyadaki başlıca domates üretim alanlarının neredeyse tamamına yayılmıştır. Günümüzde dünya genelinde Amerika,

[1]Araş. Gör. Dr., Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-6608-4871

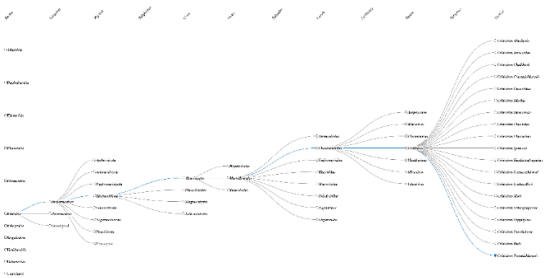
[2]Prof. Dr., Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0001-9387-4302

Avrupa, Asya ve Afrika kıtaları dahil olmak üzere en az 60 ülkede virüsün varlığı bildirilmiş olup bu sayı her geçen yıl artmaya devam etmektedir. Virüs, özellikle Akdeniz Havzası, Asya ve Amerika kıtalarında domates üretim alanlarında ciddi ekonomik kayıplara neden olmaktadır (EPPO, 2026).

Taksonomi ve Genomik Özellikler

Crinivirus cinsi içinde yer alan ToCV Closterovirus, Ampelovirus, Velarivirus vb. cinsler ile birlikte *Closteroviridae* familyasında sınıflandırılmaktadır (Şekil 1). Martellivirales takımı Alsuviricetes sınıfında Kitrinoviricota şubesinde bulunmaktadır. Orthornavirae âlemi ise Riboviria üst âleminde yer almaktadır (ICTV, 2026).

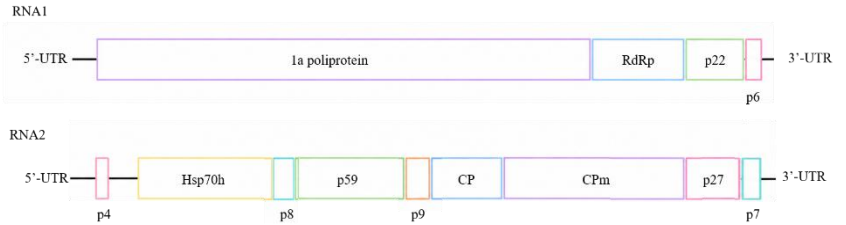
Şekil 1 ToCV etmeninin taksonomik hiyerarşisi.



Kaynak: (ICTV, 2026).

Etmen, RNA 1 ve RNA 2 olarak adlandırılan iki pozitif anlamlı tek iplikçikli RNA (ssRNA) segmentinden oluşmaktadır. Her bir RNA segmenti yaklaşık 800–850 nm uzunluğunda (Şekil 2) olup ayrı ayrı uzun ve esnek çubuksu şekildeki partiküller içine paketlenmektedir (Wintermantel vd., 2005).

Şekil 2. ToCV etmeninin genom yapısı ve organizasyonu.



Kaynak: (Yang vd., 2025)'den uyarlanmıştır.

RNA 1 8593–8596 nükleotit uzunluğundadır ve virüs replikasyonu (poliprotein ve RdRp) ve gen susturmanın baskılanmasıyla ilişkili p22 proteini kodlayan açık okuma çerçevesi (ORF) dahil dört ORF içermektedir (Wintermantel vd., 2005).

ORF1a (302-6139 nt); proteaz, metiltransferaz ve helikaz bölgelerini içeren çok işlevli 221 kDa bir poliprotein kodlarken ORF1b (6141-7655 nt) ise 59 kDa büyüklüğünde RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (RdRp) kodlamaktadır (Wintermantel vd., 2005). ORF2 (7662-8243 nt), 22 kDa RNA susturmayı baskılayan ve lokal olarak oldukça uzun süreli etki gösteren p22 proteinini kodlarken (Cañizares vd., 2008) ORF3 (8263-8418 nt) ise transmembran bölge içeren diğer crinivirusların 3′ uç proteinlerine benzer, 6 kDa büyüklüğünde olası bir proteini (p6) kodlamaktadır (Lozano vd., 2007).

RNA 2 (8242–8247 nükleotit) ise virion oluşumu, beyazsineklerle taşınma, membranla ilişki, hücreden hücreye hareket ve gen susturmanın baskılanmasıyla ilişkili olduğu düşünülen proteinleri kodlayan dokuz açık okuma çerçevesi (ORF 1 -9) içermektedir (Lozano vd., 2006; Wintermantel vd., 2005).

ORF1, hidrofobik bir bölge taşıyan ve transmembran proteini olarak işlev gördüğü düşünülen 4 kDa büyüklüğünde bir proteini (p4) kodlamaktadır. ORF2, Closterovirus cinsindeki üyelerle benzerliğine dayanarak virion oluşumu ve hücreden hücreye

harekette rol alabileceği düşünülen bir ısı şoku proteini 70 homoloğunu (HSP70h) kodlamaktadır (Wintermantel vd., 2005). ORF3, Crinivirus cinsindeki üyelerin proteinlerine benzer homoloji gösteren yaklaşık 8 kDa'lık bir p8 proteini kodlamaktadır. ORF4, hücreden hücreye harekette rol alan 59 kDa büyüklüğünde p59 proteini kodlamaktadır (Yang vd., 2025). ORF5, işlevi henüz bilinmeyen olası 9 kDa büyüklüğünde p9 proteini kodlamaktadır (Wintermantel vd., 2005).

ORF6 ve ORF7 sırasıyla 29 ve 76 kDa büyüklüğünde majör (CP) ve minör (CPm) kılıf proteinlerini kodlamaktadır. Closteroviridae familyasının diğer üyeleriyle benzer şekilde, CP ve CPm'nin hücreden hücreye harekette, CPm'nin ise virüsün beyazsineklerle taşınmasında rol oynadığı düşünülmektedir (Wintermantel vd., 2005). Ayrıca CP ve CPm proteinlerinin RNA1'de kodlanan p22 proteini ile birlikte gen susturmayı baskılayıcı aktivite gösterdiği belirlenmiştir (Cañizares vd., 2008; R. Zhao vd., 2016). ORF8, Crinivirus cinsine özgü gibi görünen 27 kDa'lık p27 proteini kodlamaktadır. ORF9 ise yalnızca ToCV'ye özgü, transmembran bölge içeren olası 7 kDa'lık p7 proteini kodlamaktadır (Wintermantel vd., 2005).

Ekonomik Önemi

Dünya genelinde 20'den fazla ülkede ekonomik açıdan önemli kayıplara yol açan ToCV meyvelerde doğrudan belirti oluşturmamaktadır. Ancak virüs fotosentez alanının azalmasına, meyve boyutunda küçülmeye ve olgunlaşmada gecikmelere neden olarak ciddi verim kayıplarına neden olmaktadır. Domates üretim alanlarında virüsün yaygınlığının sıklıkla %100'e ulaştığı ve buna bağlı olarak üretimde kayıplara yol açtığı rapor edilmiştir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019; Fortes vd., 2012; X. Shi vd., 2018; Velasco vd., 2008; L. Zhao vd., 2015)

Türkiye'deki Durumu

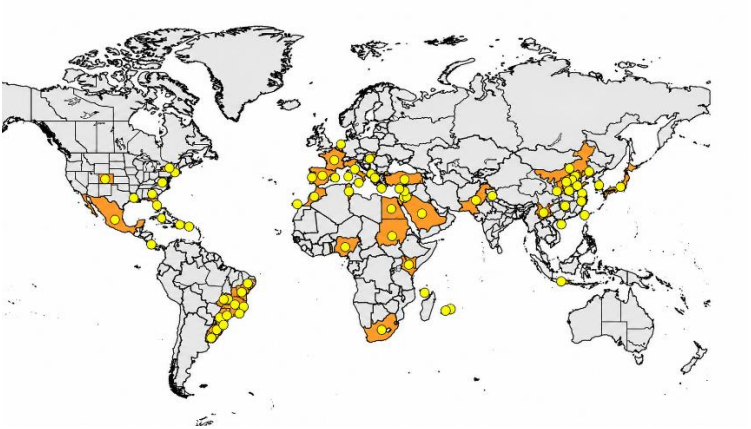
Türkiye'de ToCV'nin varlığı ilk kez 2007 yılında Muğla'nın Fethiye ilçesinde bir domates serasında (Çevik & Erkış, 2008) tespit edilmiştir. Takip eden yıllarda virüs, özellikle sera üretiminin yoğun olduğu Antalya bölgesinde yaygınlaşmıştır. Antalya'daki seralarda yapılan sürvey çalışmaları ve araştırmalarda, tek başına enfeksiyon oranının yaklaşık %30 olduğu, ayrıca Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV, Begomovirus, Geminiviridae) ile %9 oranında karışık enfeksiyonlar oluşturduğu saptanmıştır (Gul-Seker & Elibuyuk, 2019). Bunun yanı sıra Antalya ve Muğla illeri (Akdura Yeşilyurt & Çevik, 2017) ile birlikte Isparta ve Burdur illerinde de (Akdura Yeşilyurt & Çevik, 2019) etmenin hem örtü altında ve hem de tarlalarda görüldüğü belirlenmiştir.

Domates üretim alanlarından elde edilen Türkiye izolatlarının genetik analizi, bu izolatların düşük genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ve birbirine oldukça yakın (homojen) bir yapı gösterdiğini ortaya koymuştur. Filogenetik olarak ToCV Türkiye izolatları aynı grupta kümelenirken, farklı ülkelerden elde edilen izolatların daha yüksek çeşitlilik gösterdiği ve birden fazla filogenetik gruba ayrıldığı belirlenmiştir (Akdura Yeşilyurt & Çevik, 2019). Ayrıca Türkiye'de süs bitkisi olarak kullanılan *Cestrum elegans* ve *C. nocturnum* türlerinde de ToCV varlığı moleküler yöntemlerle doğrulanmıştır (Roumi vd., 2021).

Yayılım

İlk olarak 1990'lı yılların sonunda tanımlanmasına rağmen filocoğrafik analizler virüsün kökeninin yaklaşık 1882 yılına kadar uzandığını göstermektedir. Şekil 3'de görüldüğü gibi etmen tropikal, subtropikal ve ılıman iklim kuşaklarında geniş bir coğrafi dağılım sergilemektedir (Chaudhary vd., 2023; Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019; Mohammed vd., 2018).

Şekil 3. ToCV etmeninin küresel dağılımı. Sarı noktalar mevcut enfeksiyonları göstermektedir.



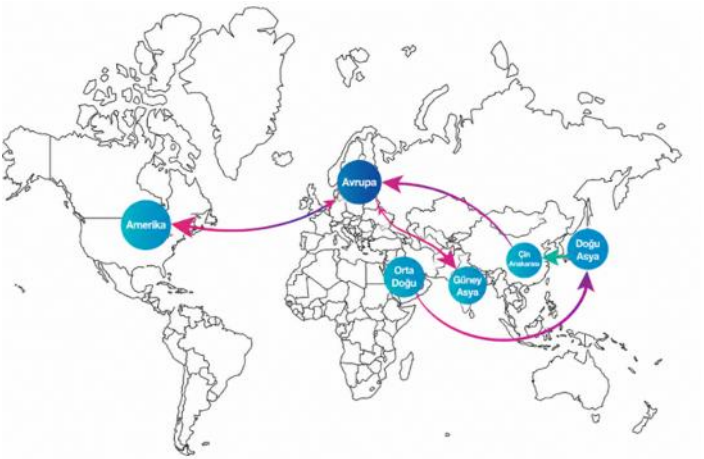
Kaynak: EPPO (2026)'dan uyarlanmıştır.

ToCV Akdeniz havzasındaki İspanya, Portekiz, İtalya, Yunanistan, Türkiye ve İsrail gibi ülkelerde yerleşik hale gelmiştir. Son yıllarda ise Çin, ABD, Brezilya ve bazı Sahra Altı Afrika ülkelerinde (Nijerya, Kenya) hızla yayılmıştır (Amer vd., 2019; Barbosa vd., 2011; Louro vd., 2000). Küresel iklim değişikliği, etmenin vektörlerinin kışlama kapasitesini ve aktivitesini artırarak etmenin yakın gelecekte daha kuzey bölgelere (örneğin Hollanda ve İngiltere) yayılmasına zemin hazırlamaktadır.

Dünyanın farklı bölgelerinden elde edilen ToCV izolatlarının CP geninin filo-coğrafik analizleri etmenin küresel ölçekte yayılımını Avrupa'dan Amerika'ya, Avrupa'dan Güney Asya'ya, Orta Doğu'dan Doğu Asya'ya, Doğu Asya'dan Çin ana karasına ve Çin ana karasından tekrar Avrupa'ya gerçekleşen yayılımlar olarak beş ana göç yolu (Şekil 4) ile açıklanmaktadır. Bu çok yönlü hareketlilik, ToCV'nin farklı coğrafi bölgeler arasında karşılıklı geçişlerle yayıldığını ve küresel ölçekte karmaşık bir epidemiyolojik yapı sergilediğini ortaya koymaktadır.

Şekil 4. ToCV izolatlarının küresel yayılım yolları ve popülasyon dinamikleri.

155 izolat ve 10 alt örneklem CP geni veri seti filo-coğrafik analizleri üzerinden oluşturulan bu harita, virüsün bölgeler arası göç hareketlerini özetlemektedir.



Kaynak:(Wu vd., 2025)'ten uyarlanmıştır.

Konukçular

Etmen başlıca domatesi enfekte etmekle birlikte Tablo 1'de gösterildiği gibi biber ve patates gibi ekonomik açıdan önemli birçok kültür bitkisini de içeren geniş bir konukçu yelpazesine sahiptir. Bugüne kadar 28 familyaya ait 119'dan fazla konukçu bitki türü kaydedilmiştir (Bello vd., 2020; Sun vd., 2022; Trenado vd., 2007) Doğal konukçuları arasında ekonomik değeri yüksek süs bitkilerinin yanı sıra yabancı otlar da yer almaktadır (Chaudhary vd., 2023; Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019; Fonseca vd., 2013).

Tablo 1. ToCV'nin konukçu dizini.

Tür	Familya	Durum
Domates (*Solanum lycopersicum*)	*Solanaceae*	Ana konukçu
Biber *(Capsicum annuum)*	*Solanaceae*	Doğal konukçu
Patates *(Solanum tuberosum)*	*Solanaceae*	Doğal konukçu
Patlıcan *(Solanum melongena)*	*Solanaceae*	Doğal konukçu
Tütün *(Nicotiana tabacum)*	*Solanaceae*	Doğal konukçu
Bal kabağı *(Cucurbita moschata)*	*Cucurbitaceae*	Doğal konukçu
Börülce *(Vigna unguiculata)*	*Fabaceae*	Doğal konukçu
Fasulye *(Phaseolus vulgaris)*	*Fabaceae*	Deneysel konukçu
Bezelye *(Pisum sativum)*	*Fabaceae*	Deneysel konukçu
Bakla *(Vicia faba)*	*Fabaceae*	Deneysel konukçu
Marul *(Lactuca sativa)*	*Asteraceae*	Doğal konukçu
Brassica sp.	*Brassicaceae*	Doğal konukçu
Köpek üzümü (*Solanum nigrum*)	*Solanaceae*	Ara konukçu
Şeytan elması (*Datura stramonium*)	*Solanaceae*	Ara konukçu
Sirken *(Chenopodium album)*	*Amaranthaceae*	Ara konukçu
Yeşil horozibiği *(Amaranthus viridis)*	*Amaranthaceae*	Ara konukçu
Semizotu (*Portulaca oleracea*)	*Portulacaceae*	Ara konukçu

Kaynak: (Fiallo-Olivé vd., 2014; Fonseca vd., 2016; Font vd., 2004; Fortes & Navas-Castillo, 2012; Lozano vd., 2004; Moodley vd., 2016; Orfanidou vd., 2014; Solórzano-Morales vd., 2011; Souza vd., 2020; X. Y. Wang vd., 2018; Wisler vd., 1998b; Zhou vd., 2015).

Taşınma Yolları

Mekanik yolla veya tohumla taşınmayan ToCV beyazsinekler (Hemiptera takımı *Aleyrodidae* familyası) tarafından yarı kalıcı (semi-persistent) şekilde taşınmaktadır. Virüsün beyazsinek tarafından edinilmesi ve bulaştırılması için birkaç saatlik beslenme süresi yeterlidir; etmen vektör vücudunda çoğalmaz ancak birkaç gün boyunca (maksimum kalıcılık süresi: 3-5 gün) taşınabilmektedir (X. Shi vd., 2018).

Etmenin vektörleri arasında *Bemisia tabaci* tür kompleksine ait bireyler ile *Trialeurodes vaporariorum* ve *Trialeurodes abutiloneus* türlerini (Wintermantel & Wisler, 2006; Wisler vd., 1998a) içeren iki cinse ait beyazsinekler bulunmaktadır. Akdeniz ülkelerinde *T. vaporariorum*, *B. tabaci* B (sinonimi Middle East Asia Minor 1, MEAM1) ve Q (sinonimi Mediterranean, MED) biyotipleri (X. Y. Wang vd., 2018) baskın iken *T. abutiloneus* (Haldeman) ve *B. tabaci* biyotip A tarafından düşük etkinlikle taşınabilmektedir (Dalmon vd., 2009).

Etmenin tohumla veya vejetatif üretim materyalleri ile bulaştığına dair bir kanıt bulunmamasından dolayı geniş coğrafik yayılımın büyük olasılıkla enfekteli fide veya gelişmekte olan bitkilerin ithalatı ve taşınması yoluyla gerçekleştiği düşünülmektedir. Ayrıca, virüsün vektörü olan polifag beyazsinek *B. tabaci* B biyotipinin ticareti yapılan bitki materyali üzerinde taşınması, beyazsinekle bulaşan hastalıkların küresel ölçekte artışında önemli bir rol oynamaktadır (Jones, 2003).

Simptomatoloji

Enfekte olmuş domates bitkilerinde en belirgin belirtiler alt (yaşlı) yapraklarda başlayan damarlar arası sararmadır. Başlangıçta sınırları belirgin, açık sarı renkli klorotik lekeler oluşmaktadır; daha sonra bu lekeler birleşir ve damarlar yeşil kalırken damar aralarında parlak sarı bir görünüm oluşmaktadır. Sararma bitkinin alt

kısımlarından üst kısımlarına doğru ilerlemektedir ancak genç yapraklarda nadiren görülmektedir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2023; Hirota vd., 2010; Wintermantel & Wisler, 2006)

Etmenin neden olduğu kloroz belirtileri göz önüne alındığında kloroplast ile ilişkili ferredoxin 2 (Fd2) geninin ekspresyonunun , farklı enfeksiyon zamanlarında ToCV tarafından önemli ölçüde baskılandığının gösterilmesi şaşırtıcı değildir (Çevik vd., 2021).

Bununla birlikte belirti gösteren alt yapraklar genellikle içe doğru kıvrılmış, kalınlaşmış ve dokunulduğunda gevrek olup kırılgan bir yapıdadır. Enfekteli bitkiler erken yaşlanma göstermekte olup daha zayıf gelişmektedir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2023; Hirota vd., 2010; Wintermantel & Wisler, 2006).

Etmenin neden olduğu belirtiler besin noksanlıkları, fitotoksisite veya yaşlanmanın yol açtığı belirtilere benzer olup sıklıkla magnezyum noksanlığının oluşturduğu belirtilerle karıştırılabilmektedir (Wisler vd., 1998a). Domates meyvesinde belirgin belirtiler görülmemesine rağmen meyve gelişiminin azalması ve olgunlaşmanın gecikmesi nedeniyle verim kaybı ortaya çıkmaktadır.

Şekil 5 ToCV'nin domates bitkisinde oluşturduğu belirtiler



Kaynak: Akdura Yeşilyurt & Çevik, 2019)

ToCV diğer domates virüsleriyle birlikte karışık enfeksiyon oluşturduğu durumlarda tipik kloroz ve damarlar arası sararma dışında belirtilere de neden olmaktadır. Örtü altında yetiştirilen domates bitkilerinde sıklıkla görülen ve *B. tabaci* tarafından taşınan TYLCV ile ToCV'nin birlikte enfeksiyonu, tekli enfeksiyonlara kıyasla domates bitkilerinin hastalığın ilerleyen dönemlerinde yapraklarda kıvrılma, nekroz ve hatta bitki ölümüne varacak düzeyde daha şiddetli belirtiler göstermesine neden olabilmektedir (Ontiveros vd., 2022). Ayrıca TYLCV ve ToCV enfekteli bitkilerde tarla koşullarında yapılan denemelerde enfekteli örneklerin yüksek çıktılı dizileme (HTS) ve kantitatif PCR (qPCR) kullanarak yapılan analizlerinde semptom gösteren üst ve alt yapraklarda sırasıyla TYLCV ve ToCV varlığı ortaya koyulmuştur. Bunun yanı sıra, hem üst hem de alt yapraklarda her iki virüsün bir arada bulunduğu da belirlenmiştir. TYLCV ve ToCV'nin birlikte yol açtığı karışık enfeksiyon, ciddi hastalık gelişimine neden olarak ticari domates çeşitlerinde TYLCV dayanaklılığın kırmasına yol açarak meyve kalitesinin düşmesine ve pazarlanabilir ürün verimin azalmasına neden olmuştur (Kumar vd., 2023). Benzer şekilde İtalya'da örtü altında yetiştirilen domates bitkilerinde meyvelerde mermer deseni ile birlikte yapraklarda damarlar arası renk açılması belirtisinin birlikte görülmesinin nedeninin ToCV'nin Pepino mosaic virus (PepMV, Potexvirus, Flexiviridae) ile karışık enfeksiyon yapmasıyla ilişkili olabileceği belirtilmiştir (Davino vd., 2008).

Ayrıca tripslerle taşınan bir domates virüsü olan Tomato spotted wilt virus (TSWV, Orthotospovirus, Tospoviridae) ile ToCV arasındaki etkileşim deneysel koşullarda incelenmiştir. Her iki virüse de duyarlı domates çeşidine ait bitkilerde ToCV ve TSWV'nin birlikte enfeksiyonu sonucunda sinerjik bir etki gözlenmiştir ve bu durum bitkilerin hızla ölmesine neden olmuştur. Öte yandan, karışık enfeksiyonlarda ToCV viral birikiminin belirgin şekilde arttığı, ancak TSWV düzeyinde benzer bir artış olmadığı belirlenmiştir.

Bunun yanı sıra TSWV'ye dayanıklılık sağlayan Sw-5 genini taşıyan domates bitkilerinde de sinerjizm gözlenmiştir. Bitkilerin önceden ToCV ile enfekte edilmesi, TSWV'ye karşı duyarlılık oluşmasına yol açarken, aynı anda yapılan inokulasyonlarda bu durum görülmemiştir. Bu sonuç, ToCV'nin dayanıklı bitkilerde savunma mekanizmasını baskılayabilmesi için belirli bir süreye veya belirli bir eşik düzeyine ulaşmasının gerektiğini düşündürmektedir (García-Cano vd., 2010).

ToCV'nin diğer konukçularında yol açtığı belirtiler de domatesten bazı farklılıklar göstermektedir. Virüs biberde cüceleşme, yapraklarda damarlar arası kloroz, kıvrılma ve şekil bozuklukları ile meyvelerde küçülme ve meyve sayısında azalmadan dolayı verim kayıpları oluşturmaktadır (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019). Patates bitkisinde ise özellikle yaşlı yapraklarda kıvrılma ve damarlar arasında sararma belirtileri ortaya çıkmaktadır (Freitas vd., 2012).

Teşhis

Etmenin teşhis süreci, domates üretim alanlarında beyazsinek varlığı ile birlikte yapraklarda görülen karakteristik damarlar arası sararma belirtilerinin gözlemlenmesiyle başlamaktadır. Belirtiler fizyolojik bozukluklarla karıştırılabildiği için kesin teşhis için belirtili bitkilerin test edilmesi gerekmektedir. Örnekleme yapılırken hafif şiddette damarlar arası sararma gösteren, tam gelişmiş yapraklar seçilmelidir. Virüs konsantrasyonu, yaşlı ve parlak sararma, bronzlaşma veya nekroz gibi belirgin belirti gösteren yapraklar ile genç ve belirtisiz yapraklarda düşük düzeyde olabilir ya da tespit edilemeyebilir (EPPO, 2013).

ToCV için ticari ELISA kitleri geliştirilmiş olsa da günümüzde poliklonal antikorlar sadece Alman Mikroorganizmalar ve Hücre Kültürleri Koleksiyonu Enstitüsü (DSMZ)'nden temin edilebilmektedir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019; Gul-Seker &

Elibuyuk, 2019). Geliştirilen başka bir DAS-ELISA testinin ise %5 oranında yanlış negatif sonuç verdiği bildirilmiştir (Jacquemond vd., 2009). Etmen floemde düşük konsantrasyonda bulunması nedeniyle günümüzde görece hassasiyeti düşük serolojik testler yaygın olarak kullanılmamaktadır. Bunların yerine nükleik asitlerin çoğaltımına dayalı daha duyarlı PCR temelli yöntemler kullanılmaktadır.

Konvansiyonel RT-PCR ve gerçek zamanlı RT-PCR (Kumar vd., 2023) testleri hem virüs tespiti hem de tanılama amacıyla kullanılabilmektedir. ToCV'nin RT-PCR ile tespiti için çok sayıda özgül primer çifti tasarlanmıştır ve bu testler optimize edilmiştir (Çevik vd., 2019; Tu vd., 2022). Bu primerlerin çoğu, HSP70h (Velasco vd., 2008), CP (Fortes vd., 2012; Kumar vd., 2023) veya CPm (Orfanidou vd., 2014) proteinini kodlayan gen bölgelerini hedeflemektedir. Ayrıca, bu testlerde çoğaltılan amplikonların dizi analizi de tanılama amacıyla kullanılabilmektedir.

Şüpheli bitkilerden alınan örneklerde virüsün kesin tanısı için yukarıda bahsedilen konvansiyonel veya gerçek zamanlı RT-PCR testlerine tabi tutulması gerekmektedir. Test sonucunun pozitif çıkması virüs varlığını ortaya koyarken, negatif sonuç etmenin olmadığını göstermektedir. Eğer konvansiyonel RT-PCR sonuçları şüpheli bulunursa test tekrar edilebilir veya elde edilen amplikonların dizilimi yapılabilmektedir. Doğruluğu kesinleştirmek için farklı ve daha duyarlı bir yöntem olarak gerçek zamanlı RT-PCR ile tekrardan test gerçekleştirilebilir. Gerçek zamanlı RT-PCR sonuçlarının şüpheli kalması durumunda ise aynı örnekten tekrardan nükleik asit ekstraksiyonu yapılarak test tekrarlanmalıdır (EPPO, 2013).

Son yıllarda ayrıca bitkilerde ve beyazsineklerde virüsün tespiti için farklı gen bölgelerine spesifik primerler kullanılarak (RdRp, ORF6) ters transkriptaz halka aracılı izotermal amplifikasyon (RT-LAMP) protokolü geliştirilmiştir (Karwitha vd., 2016; Kil vd., 2015; Zhao vd., 2015).

Çoğu çalışmada ise ToCV ve Tomato infectious chlorosis (TICV, Crinivirus, Closteroviridae) etmenlerinin birlikte test edilmesine yönelik olarak HSP70h, CP gen bölgelerini hedef alan nested PCR, multiplex RT-PCR ve TaqMan RT-PCR yöntemleri geliştirilmiştir (Çevik vd., 2019; Dovas vd., 2002; Papayiannis vd., 2011).

ToCV'nin teşhisi için dot-blot immunoassay (DBIA) yönteminde kullanılmak üzere poliklonal antiserum geliştirilmiş ve yöntem RT-PCR ile karşılaştırılmıştır. DBIA testi, RT-PCR pozitif örneklerin %96'sını doğru tespit ederek virüs tanısında güvenilir bir alternatif olduğunu göstermiştir (Pinto vd., 2021).

ToCV enfeksiyonunun erken ve belirti göstermeyen dönemde spektral ölçümler ile tespit edilebileceği de gösterilmiştir. Bu kapsamda hastalıklı yapraklar RT-qPCR ile doğrulanmış ve makine öğrenmesi modelleri kullanılarak hem virüs varlığı hem de viral yük yüksek doğruluk oranlarıyla tahmin edilmiştir (Morellos vd., 2020). Elde edilen sonuçlar, bu yaklaşımın laboratuvar yöntemlerine alternatif olarak hızlı ve etkili bir tanı sistemi sunabileceğini ortaya koymaktadır.

Epidemiyoloji

Geniş konukçu dizisi ve çeşitli beyazsinek türleri tarafından taşınmasıyla ilişkili olarak etmenin dünya genelinde domates yetiştiriciliği açısından önemli bir sorun oluşturduğu ve yayıldığı düşünülmektedir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019).

ToCV, enfekte olmuş konukçu bitkilerde nispeten uzun bir latent döneme sahiptir ve genellikle enfeksiyondan 3 ile 4 hafta sonrasına kadar bitkide belirti gözlenmemektedir. Fideler erken dönemde vektör popülasyonlarına maruz kalırsa, ToCV'nin belirti gelişmeden önce fidelerin taşınması yoluyla yeni alanlara yayılması mümkündür (Wintermantel & Wisler, 2006).

Etmen hem tarlalarda hem de örtü altı yetiştiricilikte enfeksiyona neden olmaktadır. Virüsün neden olduğu epidemiler, hasta bitkiler ve yabancı otlar vb. enfeksiyon kaynaklarının varlığına, vektör beyaz sinek popülasyonunun yoğunluğuna ve çevre sıcaklığına doğrudan bağlıdır. Tarla çalışmalarında, ToCV'nin neden olduğu hastalığın başlıca yayılma mekanizmasının birincil bulaşma olduğu ve epidemilerin virüs taşıyan beyazsineklerin ardışık girişleriyle oluştuğu gösterilmiştir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019).

Yabancı otların ve örneğin biber ve patates vb. üretimi gerçekleştirilen alternatif konukçuların varlığı, hastalığın epidemiyolojisinin karmaşıklığına yeni bir boyut kazandırmaktadır. Yabancı otların varlığının ya da tarlada domates ile biber, patates veya diğer hassas bitkilerin birlikte bulunmasının epidemiyolojik sonuçlarına dair ayrıntılı çalışmalar bulunmamakla birlikte, bazı çalışmalar domatesin, patatese kıyasla daha iyi bir inokulum kaynağı olduğunu ortaya koymuştur. Vektör olarak *B. tabaci* MEAM1 biyotipi kullanılarak ve inokulum kaynağı olarak domates veya patates bitkileriyle yapılan bulaştırma deneyleri, ToCV'nin taşınma oranlarının domates>patates>tatlı biber sırasını izlediğini göstermiştir (Mituti vd., 2018).

ToCV'nin önemli potansiyel kaynağı, üretim alanlarının yakınında bulunan ve ara konukçuluk yapan yabancı ot bitkileridir. İspanya'nın bazı bölgelerinde ToCV ile enfekte olmuş *Solanum nigrum* L.tespit edilmiştir (Font vd., 2004). Tarla veya sera üretim alanlarının yakınındaki diğer ara konukçu bitkiler, virüsü kültür bitkisine taşıyabilecek beyazsinek popülasyonları için ara konukçu görevi görebilmektedir. Yıl boyu üretimin yapıldığı Antalya gibi bölgelerde, hasat sonrası bırakılan bitki artıkları ve kontrol edilmeyen yabancı otlar virüsün mevsimler arası geçişini sağlamaktadır (Gul-Seker & Elibuyuk, 2019). Sera koşullarında,

vektörlerin gelişimini ve çoğalmasını destekleyen çevresel şartlar nedeniyle virüsün yayılması daha hızlı olmaktadır.

Virüs taşıyan beyazsineklerin sağlıklı domates bitkilerini tercih ettiği ve bu nedenle virüsün yayılmasını büyük ölçüde kolaylaştırdığı bildirilmiştir. ToCV ile vektörü *B. tabaci* MED biyotipi arasındaki etkileşimlerin incelendiği çalışmada, ToCV'nin ne yatay (eşeysel temas yoluyla) ne de dikey (nesilden nesile) taşınabildiği gösterilmiştir. Virülifer erkek bireylerin virüsü dişilere, virülifer dişilerin ise erkeklere aktaramadığı ve F1 generasyonunda virüsün tespit edilemediği belirlenmiştir. Bununla birlikte, virüsün edinim sürecinin oldukça hızlı olduğu, yalnızca 20 dakikalık bir edinim süreci sonrasında hem erkek hem de dişi bireylerin yaklaşık %4'ünde ToCV'nin saptanabildiği ortaya koyulmuştur. Benzer şekilde, bulaştırma etkinliğinin de kısa sürede gerçekleşebildiği ve 10 adet virülifer bireyin 20-30 dakikalık beslenme süreci sonunda domates bitkilerinin %33'ünü enfekte edebildiği belirlenmiştir. Virüsün vektör bünyesinde kalıcılığı sınırlı olup, maksimum tutulma süresinin dişilerde 7 gün, erkeklerde ise 5 gün olduğu saptanmıştır (Wei vd., 2019).

Virüsün vektör davranışı üzerindeki etkileri incelendiğinde, virülifer olmayan *B. tabaci* MED bireylerinin enfekteli ve sağlıklı bitkiler arasında bir tercih göstermediği, buna karşın virülifer *B. tabaci* MED bireylerinin anlamlı şekilde sağlıklı bitkilere yöneldiği belirlenmiştir. Bu bulgular, ToCV'nin epidemiyolojisinde vektör davranışının ve kısa süreli ancak etkili bulaşma pencerelerinin kritik rol oynadığını ortaya koymaktadır (Wei vd., 2019).

ToCV'nin bitki uçucu organik bileşiklerini (VOCs) değiştirerek virüssüz beyazsinekleri kendine çektiği, virülifer beyazsineklerin ise sağlıklı bitkileri tercih ederek yayılımı kolaylaştırdığı saptanmıştır. Enfekteli bitkilerde *B. tabaci* MED biyotipini çeken p-etilasetofenonun tamamen kaybolduğu, buna karşın itici nitelikte bir bileşik olan butil hidroksitolüenin sağlıklı

bitkilere kıyasla yaklaşık 3 kat arttığı saptanmıştır. Ayrıca ToCV taşıyan *B. tabaci* MED bireylerinin enfekteli bitkileri reddederek sağlıklı domates bitkilerini tercih ettiği belirlenmiştir. Söz konusu davranışsal değişimin moleküler altyapısında ise vektörün OBP-17 ve CSP-1 adlı koku bağlayıcı proteinlerinin kritik rol oynadığı belirlenmiştir. ToCV, bir yandan enfekteli bitkideki çekici uçucu bileşiği ortadan kaldırırken diğer yandan virüs taşıyan beyazsineğin koku algı genlerinin (OBP-17 ve CSP-1) ifadesini artırarak vektörün bu bileşiğe duyarlılığını artırmaktadır. Bu etkiler, virüs taşıyan bireyleri sağlıklı bitkilere yönlendirerek ToCV'nin yayılımını kolaylaştırmaktadır (J. Wang vd., 2025).

Virüsün Çin'de hızlı yayılmasının temel nedeninin, yerli beyazsinek türlerinin yerini alan ve *B. tabaci* MEAM1 biyotipine göre ToCV'yi çok daha yüksek edinme ve birikme oranıyla taşıyan *B. tabaci* MED biyotipi olduğu saptanmıştır. Ayrıca, ToCV'nin varlığı MEAM1 biyotipinde sadece 2 gün ile sınırlı iken MED biyotipinde 4 günden fazla varlığını sürdürdüğü belirlenmiştir (Shi vd., 2018).

Virüs-Konukçu Etkileşimleri

Diğer virüslerde olduğu gibi ToCV de enfeksiyon oluşturma, çoğalma, yayılma ve belirti meydana getirme süreçlerinde konukçu bitkiyle moleküler düzeyde etkileşime girmektedir. ToCV enfeksiyonunun en karakteristik belirtisi, yaşlı yapraklardan başlayarak yukarı doğru ilerleyen belirgin kloroz ve yaprak kırılganlığıdır. Bu kloroz belirtilerinin arkasındaki transkriptomik değişimleri anlamak amacıyla baskılayıcı eksiltici hibridizasyon (SSH), makroarray ve RT-qPCR teknikleri kullanılarak yapılan çalışmalar, virüsün konukçu bitkinin kloroplast fonksiyonlarını baskıladığını göstermiştir. ToCV ile enfekte edilen duyarlı Money Maker domates çeşidinde enfeksiyonun 30. gününde kloroplastla ilişkili çok sayıda genin ekspresyonunda 1.5 kattan fazla anlamlı

düşüşler olduğu saptanmıştır. Baskılanan bu genlerin büyük çoğunluğunun transkripsiyon, sinyal iletimi ve protein metabolizması, ışık reaksiyonları ve karbon fiksasyonu gibi fotosentez mekanizmaları ve bitki savunma yanıtları ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Özellikle kloroplast içi elektron transport zincirinde ve bitki bağışıklığında kritik bir rol oynayan Ferredoxin 2 (Fd2) geninin ekspresyon seviyelerinin, enfeksiyonun erken-orta evrelerinde kararlı bir şekilde baskılandığı doğrulanmıştır. Sonuçlar ToCV enfeksiyonunun bitkide kloroplast genlerini ve yapısal proteinlerini koordineli bir şekilde baskılayarak klorofil biyosentezinin bozulmasına ve parçalanmasının hızlanmasına neden olarak enfekteli bitkilerde kloroz gelişimini doğrudan etkilediği gösterilmiştir (Çevik vd., 2021).

Virüs enfekteli bitkilerde kloroplast genlerinin ifadesini baskılamasına karşı konukçu domates bitkinin savunma sistemini harekete geçirerek geniş ölçekli bir gen grubunun ekspresyonunu da uyarmaktadır. Bu bağlamda ToCV enfeksiyonuna yanıt olarak yapılan gen ifadesi analizlerinde, bitki yaprak dokusunda ifadesi önemli ölçüde (1.5 kat ve üzeri) artan 92 adet domates geni tanımlanmıştır. Gen ifadesi uyarılan bu gen grupları içinde domates savunma ve sinyal iletimiyle alakalı patojen ilişkili (PR) proteinleri, proteinaz inhibitörleri ve sinyal yolaklarında görev alan protein kinazları kodlayan genlerin öne çıktığı görülmektedir Uyarılan genler arasında WRKY transkripsiyon faktörleri ve RNA helikazlar gibi transkripsiyon ve translasyon ile bağlantılı gen regülasyonu bileşenlerini kodlayan genler de yer almaktadır. Ayrıca membran transport proteinleri ve ATP sentaz alt birimleri gibi bitkide hücresel taşıma ve enerji üretimi işlevlerini yapan proteinleri kodlayıcı genler de bulunmaktadır. Zaman seyrine bağlı (inokülasyon sonrası 0-45 gün) RT-qPCR analizleri, domatesin ToCV enfeksiyonuna karşı hem mekanik yaralanma ile örtüşen genel stres yanıtlarını uyardığını hem

de virüse özgü bazal savunma mekanizmalarını aktif tuttuğunu göstermektedir (Şahin-Çevik vd., 2019).

Konukçu bitkinin savunma engellerini aşabilmek için ToCV fonksiyonel proteinleri aracılığıyla doğrudan konukçu hücresel sistemleri hedef almaktadır. Son yıllarda yapılan moleküler çalışmalarda virüsün p22, CPm ve p59 proteinlerinin konukçu hedefleriyle olan ilişkileri ortaya konmuştur. Virüsün RNA1 genom segmentinde kodlanan p22 proteininin, güçlü bir RNA susturma baskılayıcısı olmasının yanı sıra, bitki otofaji yolaklarını manipüle eden bir efektör görevi yaptığı da belirlenmiştir. Maya ikili hibrit sistemiyle yapılan protein-protein etkileşim analizleri, p22 proteininin domates/tütün hücrelerinde mitokondriyal lokalizasyona sahip NbBAG5 proteini ile doğrudan etkileşime girdiğini göstermiştir (Shang vd., 2023).

Normal şartlar altında NbBAG5, ToCV enfeksiyonunu negatif yönde etkileyen antiviral bir faktör olarak işlev görmektedir. Ancak p22 proteini NbBAG5 ile bağlandığında, mitokondrilere özgü otofaji (mitofaji) ile ilişkili genlerin ekspresyonunu baskılamakta ve hücre içindeki otofagozom oluşum sayısını azaltmaktadır. Otofajinin p22-NbBAG5 etkileşimi üzerinden engellenmesi, konukçunun virüsü temizleme kapasitesini azaltarak virüsün replikasyonunu ve birikimini artırmaktadır (Shang vd., 2023).

ToCV'nin RNA2 genom segmentinde kodlanan minör kılıf proteininin (CPm), virüsün kılıf yapısında yer almasının ötesinde, konukçunun ubikitin-26S proteazom sistemi (UPS) üzerinde bozucu bir etkiye sahip olduğu da gösterilmiştir. Ubikitin-26S proteazom kompleksi, bitkilerde protein homeostazını koruyan ve antiviral savunmayı yöneten bir sistemdir. Yapılan protein-protein etkileşim çalışmalarında, ToCV CPm proteininin 26S proteazomunun düzenleyici bileşenlerinden biri olan SlPAD1 proteinine rekabetçi bir şekilde bağlandığı tespit edilmiştir (Wang vd., 2025). Normalde SlPAD1, bu proteazomun başka bir alt birimi olan SlPA4 ile

etkileşime girerek proteazomun aktif yapısını ve antiviral direncini sürdürmesini sağlamaktadır. Ancak CPm proteini sisteme dahil olduğunda, SlPAD1-SlPA4 arasındaki doğal etkileşimi fiziksel olarak bozmakta ve sonuç olarak 26S proteazomunun işlevini yapamaz hale getirmektedir. Böylece proteazom fonksiyonunu ortadan kaldırıp bitkinin savunma proteinlerini stabilize etmesini engelleyerek ToCV enfeksiyonunun artmasına zemin hazırlamaktadır (X. Wang vd., 2025).

Bitkide enfeksiyon sırasında ToCV'nin sistemik hareketi kolaylaştıran bir diğer kritik faktör p59 proteinidir. Bu protein, konukçu domates hücresindeki antioksidan savunmanın anahtarı olan Catalase 1 (SlCAT1) enzimini hedef alarak onun parçalanmasına neden olmaktadır. SlCAT1'in p59 tarafından etkisiz hale getirilmesi, hücre içinde reaktif oksijen türlerinin (ROS) birikmesine yol açarak hücresel redoks homeostazını tamamen bozmakta ve virüsün bitki içinde sistemik olarak hareket etmesini kolaylaştırmaktadır (D. Zhao vd., 2026). Virüsün p59 efektörüne karşı domates bitkisi de spesifik bir antiviral UPS yolağı geliştirmiştir. Domates hücreleri, p59 proteinini doğrudan tanıyabilen SlAVE2 (Antiviral E2 ubikitin-konjuge edici enzim) ve SlAVE3 (Antiviral E3 ubikitin ligazı) enzim çiftini geliştirmiştir. ToCV enfeksiyonu sırasında, hücresel sinyal mekanizmaları üzerinden SlWRKY6 transkripsiyon faktörü ubikitinlenerek ortadan kaldırılır. SlWRKY6, normalde SlAVE3 geninin ekspresyonunu baskılayan bir transkripsiyon faktörü olduğundan, yıkımı sonrasında SlAVE3 ifadesi üzerinde pozitif bir geri besleme döngüsü başlar ve SlAVE3 üretimi artar. Üretilen SlAVE3 ubikitin ligazı, viral p59 proteinine yüksek afinite ile bağlanarak onu ubikitini etiketleriyle işaretler ve 26S proteazomunda yıkıma gönderir; böylece virüsün yayılımı baskılanmış olur (D. Zhao vd., 2026).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

ToCV etmeni ile mücadelede entegre mücadele yönetimi esastır. Günümüzde maalesef etmene dayanıklı veya tolerant ticari domates veya diğer konukçu bitki çeşitleri bulunmasa da virüsten ari fide kullanılması gerekmektedir. Birçok üretici yabancı otların varlığının ToCV vb. vektörle taşınan hastalıkların epidemiyolojisinde önemli olduğunun farkında değildir. Bundan dolayı alternatif konukçu olan yabancı otların temizliği önemlidir.

Etmen vektörler aracılığıyla taşındığı için beyazsinek popülasyonlarının ortadan kaldırılması hastalığın yönetimi için önemlidir. Örtü altı yetiştiricilikte, vektör girişini engelleyen ince gözenekli ve yüksek kaliteli örtülerin kullanımı beyazsinek girişini engelleyerek bitkileri ToCV enfeksiyonundan korumada etkili olmaktadır (Velasco vd., 2008; X. Y. Wang vd., 2018). Mücadele yöntemleri arasında vektör beyazsinekler için yapışkan tuzaklar bulunmaktadır. Beyazsineklerin kimyasal kontrolünün bu hastalığın yönetimi için etkili olduğu gösterilmemiştir (Fiallo-Olivé & Navas-Castillo, 2019).

Güncel çalışmalar, insektisit kullanımının hastalık yayılımını istemeden hızlandırabileceğini ortaya koymaktadır. Pimetrozin, siyantraniliprol, asetamiprid, flupiradifuron veya kartap etken maddeli insektisit uygulamalarının ToCV'nin birincil ve ikincil yayılımını kontrol etmediği hatta tarlada enfekteli bitkilerin daha kümelenmiş bir şekilde dağılmasına yol açabileceği belirlenmiştir (Macedo vd., 2019).

Spirotetramat ve tiyametoksam etken maddeli insektisitlerin *B. tabaci* MED'i kontrol etmede etkili olsa bile, subletal (öldürmeyen) etkilerinin virüsün yayılımını beklenmedik şekilde artırabildiği ortaya koyulmuştur. Sırasıyla her iki insektisitin LC_{15} dozlarının (popülasyonun yalnızca %15'ini öldüren subletal konsantrasyonlarının) *B. tabaci*'nin ToCV iletimini kontrol

grubundaki %62 oranından %86'ya ve %84'e yükselttiği ortaya koyulmuştur. Enfekteli bitkilerde beslenme süresi arttıkça, *B. tabaci* içindeki ToCV miktarı da artmıştır. Tiyametoksam için bu etki yalnızca uzun beslenme süresinden sonra görülmüştür. Ayrıca *B. tabaci*'nin ToCV'yi sağlıklı domates bitkilerine aktarma kapasitesi artarken ToCV taşıyan *B. tabaci* erginlerinin spirotetramata ve tiyametoksama karşı duyarlılığının azaldığı da bulunmuştur. Ancak spirotetramat etken maddesi, ToCV taşımayan *B. tabaci* bireyleri için enfekteli bitkilerin çekiciliğini azaltırken ToCV taşıyan bireyler için de sağlıklı bitkilerin çekiciliğini azalttığı belirlenmiştir (Dai vd., 2023).

Geçici reseptör potansiyel V (Transient receptor potential V, TRPV) kanal modülatörü grubuna ait üç insektisitin, (piriflukinazon, afidopiropen ve pimetrozin) *B. tabaci* üzerindeki toksisitesi ve ToCV iletimini engelleme kapasitesi karşılaştırmalı olarak incelenmiştir. Yeni nesil piridin azometin türevi piriflukinazonun Çin genelindeki 22 farklı *B. tabaci* popülasyonunun tamamına karşı yüksek toksisite sergilediği saptanmıştır. Ek olarak piriflukinazon ve afidopiropen etken maddeleri dinotefuran ile pimetrozine karşı çapraz direnç göstermemiştir. ToCV iletimini piriflukinazon ve afidopiropen yaprak uygulaması, sırasıyla %41 ve %33 oranında azaltmıştır. Buna karşın pimetrozin ise ToCV iletimini engellemede işlevsiz kalmıştır. Bu bulgular, aynı hedef reseptörü paylaşan insektisitler arasında bile iletim engelleyici etkinlik bakımından önemli farklılıklar bulunabileceğini açıkça ortaya koymaktadır. Bununla birlikte, on bireylik grupta piriflukinazon ve afidopiropen istatistiksel olarak anlamlı koruma sağlarken, yirmi bireylik grupta inhibisyon oranı yalnızca %14'e gerilemiş ve anlamlılığını yitirmiştir. Vektör yoğunluğunun insektisit etkinliği üzerindeki belirleyici rolünü ortaya koyan bu bulgular insektisit uygulamasının erken dönemde ve düşük yoğunlukta yapıldığında fayda sağladığını ancak

popülasyon yükseldikten sonra uygulama etkinliğinin ciddi ölçüde azaldığını göstermektedir (Wen vd., 2023).

Etmen ile mücadelede, vektörün koku algısını düzenleyen OBP3 gibi proteinlerin hedeflenmesi, beyazsineğin konukçu seçimini bozarak virüs taşınmasını büyük ölçüde azaltabilecek yenilikçi ve umut verici bir biyoteknolojik yaklaşım sunmaktadır. Virüs taşıyan *B. tabaci* MED bireylerinin virüs ediniminden 48 saat sonra sağlıklı bitkileri tercih ettiği belirlenmiştir (Shi vd., 2018). Virüs ediniminden sonra *B. tabaci* MED bireylerinde OBP3 gen ekspresyonu önce yükselip sonra düşme eğilimi göstermektedir ve 48 saatte maksimuma ulaşmaktadır. MED bireyinin OBP3 geninin ifadesi RNA interferansı (RNAi) tekniğiyle baskılandığında konukçu tercihinin görülmediği ve ToCV bulaşma oranının %83 azaldığı gösterilmiştir (Shi vd., 2019). ToCV enfekteli bitkilerde beslenen *B. tabaci* MED'de vitellogenin (Vg) gen ekspresyonunun sağlıklı bitkilerde beslenenlere göre uyarıldığı ve vektörün üremesinin teşvik edildiği belirlenmiştir. Dolayısıyla virüs taşıyan beyazsinek popülasyonu daha hızlı büyümekte, bu nedenle daha fazla bireyden oluşan bir vektör topluluğu daha geniş bir alana daha fazla virüs taşıyabilmektedir. Ancak Vg gen ekspresyonu böceğin beslenmesi sırasında aldığı dsRNA aracılı RNAi ile susturulduğunda, beyaz sineğin hem yumurtalık gelişimi hem de doğurganlığı baskılanmıştır (Huang vd., 2021). Bu durum, virüsle mücadelede vektörün üreme mekanizmalarının hedeflenmesini önemli ve yenilikçi bir strateji haline getirmektedir.

Etmene karşı domates bitkisinde dayanıklılığın moleküler mekanizması hâlen tam olarak anlaşılmamıştır ancak yabani domates türlerinden gelen dayanıklılık genlerinin ıslah çalışmalarında kullanımı ise umut vericidir.

ToCV ile deneysel inokülasyon çalışmaları sonrasında bazı yabani genotiplerin (*S. peruvianum* LA2157 ve LA0444) etmene karşı bağışıklık yanıtı gösterdiği belirlenmiştir. Ayrıca virüse yüksek

düzeyde dayanıklılık gösteren bazı yabani domates genotipleri (*S. chmielewskii* LA1028 ve *S. peruvianum* LA1283, LA3858, 162-3 ve Wo587) tespit edilmiştir. Genetik analizler, LA1028 ve LA0444'te ToCV dayanıklılığının kantitatif olduğunu ve esas olarak dört lokus (LA1028'den Qtc1.1 ve Qtc11.1, LA0444'ten ise Qtc7.1 ve Qtc9.1) tarafından kontrol edildiğini göstermiştir (Gao vd., 2025).

LA1028 ve LA0444'den elde edilen melez domates hatlarının ToCV'ye dayanıklık gösterdiği belirlenmiştir (García-Cano vd., 2010). Bunun yanı sıra *S. lycopersicum* 'Angela Gigante' x *S. peruvianum* LA 444-1 melezlemesinden elde edilen IAC-CN-RT domates hattının virüse yüksek dayanıklılık gösterdiği belirtilmiştir (Mansilla-Córdova vd., 2018).

Beyazsinek türleri tarafından etkin şekilde kolonize edilen ve yumurta bırakılan bazı yabani domates genotiplerinin ise (*S. lycopersicum* 'LT05', *S. habrochaites* PI 127827, *S. peruvianum* (sensu lato) 'CGO 6711', *S. chilense* LA1967 ve *S. pennellii* LA0716) ToCV'ye karşı tolerant reaksiyon gösterdiği bulunmuştur (González-Arcos vd., 2018).

Kaynakça

Akdura Yeşilyurt, N., & Çevik, B. (2017). Isparta ve Burdur İli Domates Üretim Alanlarında Tomato chlorosis virus'un Nested-RT-PCR Yöntemiyle Tanılanması. *Ziraat Fakültesi Dergisi*, *12*(1), 11–23.

Akdura Yeşilyurt, N., & Çevik, B. (2019). Genetic diversity and phylogenetic analyses of tomato chlorosis virus isolates using the coat protein gene sequences. *Journal of Plant Pathology*, *101*(4), 1143–1150. https://doi.org/10.1007/s42161-019-00297-4

Amer, M. A., Ibrahim, Y. E., Kheder, A. A., Hamed, A. H., Farrag, A. A., & Al-Saleh, M. A. (2019). Confirmation Incidence of

Tomato chlorosis virus Naturally Infecting Tomato Crop in Egypt. *International Journal of Agriculture and Biology*, *23*(5). https://doi.org/10.17957/IJAB/15.1375

Barbosa, J. C., Costa, H., Gioria, R., & Rezende, J. A. M. (2011). Occurrence of Tomato chlorosis virus in tomato crops in five Brazilian states. *Tropical Plant Pathology*.

Bello, V. H., Gorayeb, E. S., Watanabe, L. F. M., De Marchi, B. R., Ribeiro-Junior, M. R., Vicentin, E., Da Silva, F. B., & Krause-Sakate, R. (2020). First Report of Tomato Chlorosis Virus Infecting Cucumber in Brazil. *Plant Disease*, *104*(2), 603. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-19-1490-PDN

Cañizares, M. C., Navas-Castillo, J., & Moriones, E. (2008). Multiple suppressors of RNA silencing encoded by both genomic RNAs of the crinivirus, Tomato chlorosis virus. *Virology*, *379*(1), 168–174. https://doi.org/10.1016/j.virol.2008.06.020

Çevik, B., & Erkış, G. (2008). First report of Tomato chlorosis virus in Turkey. *Plant Pathology*, *57*, 767. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01795.x

Çevik, B., Kıvrak, H., & Şahin-Çevik, M. (2019). Development of a graft inoculation method and a real-time RT-PCR assay for monitoring Tomato chlorosis virus infection in tomato. *Journal of Virological Methods*, *265*, 1–8. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2018.12.004

Çevik, B., Sönmez, E., & Şahin-Çevik, M. (2021). Tomato chlorosis virus infection represses chloroplast related genes in tomato. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, *116*, 101722. https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2021.101722

Chaudhary, P., Kaur, A., Singh, B., Kumar, S., Hallan, V., & Nagpal, A. K. (2023). First report of tomato chlorosis virus (ToCV) and detection of other viruses in field-grown tomatoes in North-

Western region of India. *VirusDisease*, *34*(1), 56–75. https://doi.org/10.1007/s13337-022-00801-y

Dai, H., Tian, L., Sun, X., Wang, X., Zhu, X., Monticelli, L. S., Ullah, F., Jing, Z., Desneux, N., & Wang, S. (2023). Spirotetramat- and thiamethoxam-induced sublethal effects increase spread of tomato chlorosis virus by its vector Bemisia tabaci. *Entomologia Generalis*, *43*(5), 1051–1059. https://doi.org/10.1127/entomologia/2023/1989

Dalmon, A., Fabre, F., Guilbaud, L., Lecoq, H., & Jacquemond, M. (2009). Comparative whitefly transmission of *Tomato chlorosis virus* and *Tomato infectious chlorosis virus* from single or mixed infections. *Plant Pathology*, *58*(2), 221–227. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01958.x

Davino, S., Davino, M., Bellardi, M. G., & Agosteo, G. E. (2008). Pepino mosaic virus and Tomato chlorosis virus causing mixed infection in protected tomato crops in Sicily. *Phytopathologia Mediterranea*, *47*(1), 35–41.

Dovas, C. I., Katis, N. I., & Avgelis, A. D. (2002). Multiplex Detection of Criniviruses Associated with Epidemics of a Yellowing Disease of Tomato in Greece. *Plant Disease*, *86*(12), 1345–1349. https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.12.1345

EPPO. (2013). PM 7/118 (1) *Tomato chlorosis virus* and *Tomato infectious chlorosis virus*. *EPPO Bulletin*, *43*(3), 462–470. https://doi.org/10.1111/epp.12062

EPPO. (2026). *Crinivirus tomatichlorosis (TOCV00)[World distribution]*|. EPPO Global Database. https://gd.eppo.int/taxon/TOCV00/distribution

Fiallo-Olivé, E., Espino, A. I., Botella-Guillén, M., Gómez-González, E., Reyes-Carlos, J. A., & Navas-Castillo, J. (2014). Tobacco: A New Natural Host of *Tomato chlorosis virus* in Spain.

Plant Disease, *98*(8), 1162–1162. https://doi.org/10.1094/PDIS-01-14-0083-PDN

Fiallo-Olivé, E., & Navas-Castillo, J. (2019). Tomato chlorosis virus, an emergent plant virus still expanding its geographical and host ranges. *Molecular Plant Pathology*, *20*(9), 1307–1320. https://doi.org/10.1111/mpp.12847

Fiallo-Olivé, E., & Navas-Castillo, J. (2023). Tomato chlorosis virus, a promiscuous virus with multiple host plants and whitefly vectors. *Annals of Applied Biology*, *182*(1), 29–36. https://doi.org/10.1111/aab.12809

Fonseca, M. E. N., Boiteux, L. S., Lima, M. F., Mendonça, J. L., Costa, A. F., Fontes, M. G., Costa, H., & González-Arcos, M. (2016). First Report of *Tomato chlorosis virus* Infecting Eggplant and Scarlet Eggplant in Brazil. *Plant Disease*, *100*(4), 867. https://doi.org/10.1094/PDIS-09-15-1087-PDN

Fonseca, M. E. N., Boiteux, L. S., Nogueira, I., & Pereira-Carvalho, R. C. (2013). Physalis angulata: A New Natural Host of Tomato chlorosis virus in Brazil . *Plant Disease*, *97*. https://doi.org/10.1094/PDIS-06-12-0593-PDN

Font, M. I., Juárez, M., Martínez, O., & Jordá, C. (2004). Current Status and Newly Discovered Natural Hosts of *Tomato infectious chlorosis virus* and *Tomato chlorosis virus* in Spain. *Plant Disease*, *88*(1), 82–82. https://doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.1.82A

Fortes, I. M., Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2012). *Tomato chlorosis virus* in pepper: Prevalence in commercial crops in southeastern Spain and symptomatology under experimental conditions. *Plant Pathology*, *61*(5), 994–1001. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02584.x

Fortes, I. M., & Navas-Castillo, J. (2012). Potato, an experimental and natural host of the crinivirus Tomato chlorosis

virus. *European Journal of Plant Pathology*, *134*(1), 81–86. https://doi.org/10.1007/s10658-012-0023-4

Freitas, D. M. S., Nardin, I., Shimoyama, N., Souza-Dias, J. A. C., & Rezende, J. A. M. (2012). First Report of *Tomato chlorosis virus* in Potato in Brazil. *Plant Disease*, *96*(4), 593–593. https://doi.org/10.1094/PDIS-12-11-1068-PDN

Gao, W., Wang, Z., Dong, C., Wei, K., Chen, Y., Qiu, Z., Liu, Z., Li, X., Liu, L., Du, Y., Huang, Z., Li, J., & Wang, X. (2025). Screening for Resistant Germplasms and Quantitative Trait Locus Mapping of Resistance to Tomato Chlorosis Virus. *International Journal of Molecular Sciences*, *26*(5), 2060. https://doi.org/10.3390/ijms26052060

García-Cano, E., Navas-Castillo, J., Moriones, E., & Fernández-Muñoz, R. (2010). Resistance to *Tomato chlorosis virus* in Wild Tomato Species that Impair Virus Accumulation and Disease Symptom Expression. *Phytopathology®*, *100*(6), 582–592. https://doi.org/10.1094/PHYTO-100-6-0582

González-Arcos, M., De Noronha Fonseca, M. E., Arruabarrena, A., Lima, M. F., Michereff-Filho, M., Moriones, E., Fernández-Muñoz, R., & Boiteux, L. S. (2018). Identification of genetic sources with attenuated Tomato chlorosis virus-induced symptoms in Solanum (section Lycopersicon) germplasm. *Euphytica*, *214*(10), 178. https://doi.org/10.1007/s10681-018-2253-9

Gul-Seker, M., & Elibuyuk, I. O. (2019). Occurrence of Tomato yellow leaf curl virus and Tomato chlorosis virus mixed infections in protected tomato plants, Antalya, Turkey. *Phytoparasitica*, *47*(3), 441–449. https://doi.org/10.1007/s12600-019-00743-0

Hirota, T., Natsuaki, T., Murai, T., Nishigawa, H., Niibori, K., Goto, K., Hartono, S., Suastika, G., & Okuda, S. (2010). Yellowing disease of tomato caused by Tomato chlorosis virus newly recognized in Japan. *Journal of General Plant Pathology*, *76*(2), 168–171. https://doi.org/10.1007/s10327-010-0219-4

Huang, L., Shi, X., Shi, J., Zhang, Z., Fang, Y., Zhang, Z., Pan, Q., Zheng, L., Gao, Y., Zhang, D., Tan, X., Liu, Y., & Zhou, X. (2021). Tomato Chlorosis Virus Infection Facilitates Bemisia tabaci MED Reproduction by Elevating Vitellogenin Expression. *Insects*, *12*(2), 101. https://doi.org/10.3390/insects12020101

ICTV. (2026). *International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) Taxonomy Browser: Crinivirus tomatochlorosis*. ICTV Global. https://ictv.global/taxonomy/visual-browser

Jacquemond, M., Verdin, E., Dalmon, A., Guilbaud, L., & Gognalons, P. (2009). Serological and molecular detection of Tomato chlorosis virus and Tomato infectious chlorosis virus in tomato. *Plant Pathology*, *58*(2), 210–220. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01959.x

Jones, D. R. (2003). Plant Viruses Transmitted by Whiteflies. *European Journal of Plant Pathology*, *109*, 195–219.

Karwitha, M., Feng, Z., Shen, Y., Essendi, W., Zhang, W., Li, J., & Tao, X. (2016). Rapid Detection of *Tomato chlorosis virus* from Infected Plant and Whitefly by One-step Reverse Transcription Loop-mediated Isothermal Amplification. *Journal of Phytopathology*, *164*(4), 255–263. https://doi.org/10.1111/jph.12453

Kil, E.-J., Kim, S., Lee, Y.-J., Kang, E.-H., Lee, M., Cho, S.-H., Kim, M.-K., Lee, K.-Y., Heo, N.-Y., Choi, H.-S., Kwon, S.-T., & Lee, S. (2015). Advanced loop-mediated isothermal amplification method for sensitive and specific detection of Tomato chlorosis virus

using a uracil DNA glycosylase to control carry-over contamination. *Journal of Virological Methods*, *213*, 68–74. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2014.10.020

Kumar, M., Kavalappara, S. R., McAvoy, T., Hutton, S., Simmons, A. M., & Bag, S. (2023). Association of Tomato Chlorosis Virus Complicates the Management of Tomato Yellow Leaf Curl Virus in Cultivated Tomato (Solanum lycopersicum) in the Southern United States. *Horticulturae*, *9*(8), 948. https://doi.org/10.3390/horticulturae9080948

Louro, D., Accotto, G. P., & Vaira, A. M. (2000). Occurrence and Diagnosis of Tomato chlorosis virus in Portugal. *European Journal of Plant Pathology*, *106*, 589–592.

Lozano, G., Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2004). First Report of Sweet Pepper (*Capsicum annuum*) as a Natural Host Plant for *Tomato chlorosis virus*. *Plant Disease*, *88*(2), 224–224. https://doi.org/10.1094/PDIS.2004.88.2.224A

Lozano, G., Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2006). Complete nucleotide sequence of the RNA2 of the crinivirus tomato chlorosis virus. *Archives of Virology*, *151*(3), 581–587. https://doi.org/10.1007/s00705-005-0690-y

Lozano, G., Moriones, E., & Navas-Castillo, J. (2007). Complete sequence of the RNA1 of a European isolate of tomato chlorosis virus. *Archives of Virology*, *152*(4), 839–841. https://doi.org/10.1007/s00705-006-0886-9

Macedo, M. A., Inoue-Nagata, A. K., Silva, T. N. Z., Freitas, D. M. S., Rezende, J. A. M., Barbosa, J. C., Michereff-Filho, M., Nascimento, A. R., Lourenção, A. L., & Bergamin Filho, A. (2019). Temporal and spatial progress of the diseases caused by the crinivirus tomato chlorosis virus and the begomovirus tomato severe

rugose virus in tomatoes in Brazil. *Plant Pathology*, *68*(1), 72–84. https://doi.org/10.1111/ppa.12920

Mansilla-Córdova, P. J., Bampi, D., Rondinel-Mendoza, N. V., Melo, P. C. T., Lourenção, A. L., & Rezende, J. A. M. (2018). Screening tomato genotypes for resistance and tolerance to *Tomato chlorosis virus*. *Plant Pathology*, *67*(5), 1231–1237. https://doi.org/10.1111/ppa.12826

Mituti, T., Edwards Molina, J. P., & Rezende, J. A. M. (2018). Bioassays on the role of tomato, potato and sweet pepper as sources of Tomato chlorosis virus transmitted by Bemisia tabaci MEAM1. *European Journal of Plant Pathology*, *152*(3), 613–619. https://doi.org/10.1007/s10658-018-1504-x

Mohammed, I. U., Yakub, A. M., Yusuf, I., Muhammad, A., Navas-Castillo, J., & Fiallo-Olivé, E. (2018). First Report of *Tomato chlorosis virus* Infecting Tomato in Nigeria. *Plant Disease*, *102*(1), 257. https://doi.org/10.1094/PDIS-07-17-1099-PDN

Moodley, V., Gubba, A., & Mafongoya, P. L. (2016). Occurrence of *Tomato chlorosis virus* (ToCV) on *Datura stramonium* Near Tomato Crops (*Solanum lycopersicum*) in South Africa. *Plant Disease*, *100*(7), 1512. https://doi.org/10.1094/PDIS-01-16-0131-PDN

Morellos, A., Tziotzios, G., Orfanidou, C., Pantazi, X. E., Sarantaris, C., Maliogka, V., Alexandridis, T. K., & Moshou, D. (2020). Non-Destructive Early Detection and Quantitative Severity Stage Classification of Tomato Chlorosis Virus (ToCV) Infection in Young Tomato Plants Using Vis–NIR Spectroscopy. *Remote Sensing*, *12*(12), 1920. https://doi.org/10.3390/rs12121920

Ontiveros, I., López-Moya, J. J., & Díaz-Pendón, J. A. (2022). Coinfection of Tomato Plants with *Tomato yellow leaf curl virus* and *Tomato chlorosis virus* Affects the Interaction with Host

and Whiteflies. *Phytopathology®*, *112*(4), 944–952. https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-21-0341-R

Orfanidou, C. G., Dimitriou, C., Papayiannis, L. C., Maliogka, V. I., & Katis, N. I. (2014). Epidemiology and genetic diversity of criniviruses associated with tomato yellows disease in Greece. *Virus Research*, *186*, 120–129. https://doi.org/10.1016/j.virusres.2013.12.013

Papayiannis, L. C., Harkou, I. S., Markou, Y. M., Demetriou, C. N., & Katis, N. I. (2011). Rapid discrimination of Tomato chlorosis virus, Tomato infectious chlorosis virus and co-amplification of plant internal control using real-time RT-PCR. *Journal of Virological Methods*, *176*(1–2), 53–59. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2011.05.036

Pinto, L. R., Bampi, D., Silva, T. N. Z., Edwards Molina, J. P., Kitajima, E. W., Rezende, J. A. M., & Filho, A. B. (2021). Dot-blot immunoassay for detection of tomato chlorosis virus and reaction of potato genotypes to virus infection. *Tropical Plant Pathology*, *46*(2), 156–162. https://doi.org/10.1007/s40858-020-00379-0

Roumi, V., Caglayan, K., Gazel, M., & Li, S. (2021). Tomato chlorosis virus found to infect Cestrum elegans and C. nocturnum in Turkey. *European Journal of Plant Pathology*, *161*(1), 247–252. https://doi.org/10.1007/s10658-021-02310-y

Şahin-Çevik, M., Sivri, E. D., & Çevik, B. (2019). Identification and Expression Analysis of Genes Induced in Response to Tomato chlorosis virus Infection in Tomato. *The Plant Pathology Journal*, *35*(3), 257–273. https://doi.org/10.5423/PPJ.OA.12.2018.0287

Shang, K., Xiao, L., Zhang, X., Zang, L., Zhao, D., Wang, C., Wang, X., Zhou, T., Zhu, C., & Zhu, X. (2023). Tomato chlorosis

virus p22 interacts with NbBAG5 to inhibit autophagy and regulate virus infection. *Molecular Plant Pathology*, *24*(5), 425–435. https://doi.org/10.1111/mpp.13311

Shi, X., Tang, X., Zhang, X., Zhang, D., Li, F., Yan, F., Zhang, Y., Zhou, X., & Liu, Y. (2018). Transmission Efficiency, Preference and Behavior of Bemisia tabaci MEAM1 and MED under the Influence of Tomato Chlorosis Virus. *Frontiers in Plant Science*, *8*, 2271. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.02271

Shi, X.-B., Wang, X.-Z., Zhang, D.-Y., Zhang, Z.-H., Zhang, Z., Cheng, J., Zheng, L.-M., Zhou, X.-G., Tan, X.-Q., & Liu, Y. (2019). Silencing of Odorant-Binding Protein Gene OBP3 Using RNA Interference Reduced Virus Transmission of Tomato Chlorosis Virus. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(20), 4969. https://doi.org/10.3390/ijms20204969

Solórzano-Morales, A., Barboza, N., Hernández, E., Mora-Umaña, F., Ramírez, P., & Hammond, R. W. (2011). Newly Discovered Natural Hosts of *Tomato chlorosis virus* in Costa Rica. *Plant Disease*, *95*(4), 497–497. https://doi.org/10.1094/PDIS-11-10-0836

Souza, T. A., Macedo, M. A., Albuquerque, L. C., & Inoue-Nagata, A. K. (2020). Host range and natural infection of tomato chlorosis virus in weeds collected in Central Brazil. *Tropical Plant Pathology*, *45*(1), 84–90. https://doi.org/10.1007/s40858-019-00323-x

Sun, X. H., Qiao, N., Zhang, X. P., Zang, L. Y., Zhao, D., & Zhu, X. P. (2022). First Report of Natural Infection of Zucchini by Tomato Chlorosis Virus and Cucurbit Chlorotic Yellows Virus in China. *Plant Disease*, *106*(4), 1313. https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-0932-PDN

Trenado, H. P., Fortes, I. M., Louro, D., & Navas-Castillo, J. (2007). Physalis ixocarpa and P. peruviana, new natural hosts of Tomato chlorosis virus. *European Journal of Plant Pathology*, *118*(2), 193–196. https://doi.org/10.1007/s10658-007-9129-5

Tu, L., Wu, S., Gan, S., Zhao, W., Li, S., Cheng, Z., Zhou, Y., Zhu, Y., & Ji, Y. (2022). A simplified RT-PCR assay for the simultaneous detection of tomato chlorosis virus and tomato yellow leaf curl virus in tomato. *Journal of Virological Methods*, *299*, 114282. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114282

Velasco, L., Simón, B., Janssen, D., & Cenis, J. L. (2008). Incidences and progression of tomato chlorosis virus disease and tomato yellow leaf curl virus disease in tomato under different greenhouse covers in southeast Spain. *Annals of Applied Biology*, *153*(3), 335–344. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00262.x

Wang, J., Liu, Y., Zhang, Y., Qin, P., Li, J., Xia, J., Zhang, Y., & Chu, D. (2025). Dual effects of tomato chlorosis virus on its whitefly vector and its host plant to facilitate viral spread. *Journal of Pest Science*, *98*(2), 833–852. https://doi.org/10.1007/s10340-024-01814-w

Wang, X., Shang, K., Liu, W., Wang, C., Zhang, T., Liu, Y., Zhou, S., Liu, H., Zhu, X., & Zhu, C. (2025). Tomato Chlorotic Virus Minor Coat Protein Interferes With the Host Proteasome Function by Competitive Disruption of SlPAD1 – SlPA4 Interaction to Enhance Viral Infection. *Molecular Plant Pathology*, *26*(11), e70176. https://doi.org/10.1111/mpp.70176

Wang, X. Y., Feng, J., Zang, L. Y., Yan, Y. L., Yang, Y. Y., & Zhu, X. P. (2018). Natural Occurrence of Tomato chlorosis virus in Cowpea (Vigna unguiculata) in China. *Plant Disease*, *102*(1), 254. https://doi.org/10.1094/PDIS-02-17-0288-PDN

Wei, K., Li, J., Ding, T., Liu, T., & Chu, D. (2019). Transmission characteristics of Tomato chlorosis virus (ToCV) by Bemisia tabaci MED and its effects on host preference of vector whitefly. *Journal of Integrative Agriculture*, *18*(9), 2107–2114. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(18)62080-5

Wen, Z., Feng, J., Zhu, B., Xu, W., Xu, F., Tan, H., Chu, D., & Guo, L. (2023). Pyrifluquinazon baseline susceptibility and inhibition of *Tomato chlorosis virus* transmission by *Bemisia tabaci* . *Pest Management Science*, *79*(10), 3520–3528. https://doi.org/10.1002/ps.7532

Wintermantel, W. M., & Wisler, G. C. (2006). Vector Specificity, Host Range, and Genetic Diversity of *Tomato chlorosis virus*. *Plant Disease*, *90*(6), 814–819. https://doi.org/10.1094/PD-90-0814

Wintermantel, W. M., Wisler, G. C., Anchieta, A. G., Liu, H.-Y., Karasev, A. V., & Tzanetakis, I. E. (2005). The complete nucleotide sequence and genome organization of tomato chlorosis virus. *Archives of Virology*, *150*(11), 2287–2298. https://doi.org/10.1007/s00705-005-0571-4

Wisler, G. C., Duffus, J. E., Liu, H.-Y., & Li, R. H. (1998a). Ecology and Epidemiology of Whitefly-Transmitted Closteroviruses. *Plant Disease*, *82*(3), 270–280. https://doi.org/10.1094/PDIS.1998.82.3.270

Wisler, G. C., Li, R. H., Liu, H.-Y., Lowry, D. S., & Duffus, J. E. (1998b). Tomato Chlorosis Virus: A New Whitefly-Transmitted, Phloem-Limited, Bipartite Closterovirus of Tomato. *Phytopathology®*, *88*(5), 402–409. https://doi.org/10.1094/PHYTO.1998.88.5.402

Wu, K., Zhang, S., Huang, W., Du, Z., Gao, F., & Guan, X. (2025). Phylogeographic History of Tomato Chlorosis Virus. *Viruses*, *17*(4), 457. https://doi.org/10.3390/v17040457

Yang, X., Li, J., Gao, M., Huang, P., Li, M., Wu, G., & Qing, L. (2025). Complete genomic analysis of tomato chlorosis virus isolates from Sichuan and Chongqing, China. *Virology*, *604*, 110447. https://doi.org/10.1016/j.virol.2025.110447

Zhao, D., Liu, X., Li, H., Xia, T., Jia, Q., Li, P., Shan, Q., Li, C., Li, H., Gai, Y., Lin, T., Zang, L., Zhou, T., Wei, J.-W., Zhu, X., & Gong, B. (2026). Tomato antiviral ubiquitin-proteasome system recognizes viral 59 kDa protein to confer tomato chlorosis virus resistance. *Nature Communications*, *17*(1), 2229. https://doi.org/10.1038/s41467-026-68832-3

Zhao, L., Li, G., Gao, Y., Zhu, Y., Liu, J., & Zhu, X. (2015). Reverse transcription loop-mediated isothermal amplification assay for detecting tomato chlorosis virus. *Journal of Virological Methods*, *213*, 93–97. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2014.11.013

Zhao, R., Wang, N., Liu, S., Ling, K., Fan, Z., & Zhou, T. (2016). P22 of tomato chlorosis virus, an RNA silencing suppressor, is naturally expressed in the infected plant. *Acta Virologica*, *60*(04), 423–425. https://doi.org/10.4149/av_2016_04_423

Zhou, Y., Yan, J. Y., Qiao, G. H., Liu, M., Zhang, W., & Li, X. H. (2015). First Report of *Tomato chlorosis virus* Infecting Eggplant (*Solanum melongena*) in China. *Plant Disease*, *99*(11), 1657–1657. https://doi.org/10.1094/PDIS-01-15-0014-PDN

BÖLÜM 11

Tobamovirus fructirugosum (Tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV)

ABDULLAH GÜLLER[1]
MUSTAFA USTA[2]

Giriş

Tobamovirus fructirugosum (Tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV) son on yıl içerisinde küresel domates üretimini tehdit eden en önemli viral etmenlerden biri haline gelmiştir. *Tobamovirus* cinsine ait olan bu pozitif polariteli tek iplikli RNA virüsü, özellikle domates ve biber üretiminde ciddi verim ve kalite kayıplarına yol açmakta; mevcut direnç genlerini aşabilme kapasitesi nedeniyle klasik hastalık yönetim stratejilerini zorlamaktadır.

Virüsün 2015 yılında Orta Doğu'da tanımlanmasının ardından kısa sürede Avrupa, Amerika, Asya ve Afrika'ya yayılması, ToBRFV'nin yüksek epidemiyolojik potansiyele sahip olduğunu göstermiştir. Mekanik temasla kolay bulaşabilmesi, tohumla taşınabilmesi ve yoğun sera üretim sistemlerinde hızla

[1] Doç. Dr. Bingöl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0003-3887-4208
[2] Doç. Dr. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-3940-2774

yayılabilmesi, onu küresel ölçekte önemli bir fitosanitari risk haline getirmiştir. Özellikle *Tm-2*^{2} gibi uzun yıllar etkili kabul edilen direnç genlerini kırabilmesi, tobamovirus–konukçu etkileşimlerinin yeniden değerlendirilmesini ve yeni ıslah stratejilerinin geliştirilmesini zorunlu kılmıştır.

ToBRFV'nin biyolojisinin, genom organizasyonunun, konukçu etkileşim mekanizmalarının ve popülasyon yapısının anlaşılması; etkili tanı sistemlerinin geliştirilmesi, epidemiyolojik risklerin yönetilmesi ve sürdürülebilir dayanıklılık stratejilerinin oluşturulması açısından kritik öneme sahiptir. Bu bölümde, ToBRFV'nin taksonomik ve genomik özellikleri, bitki–virüs etkileşimleri, yayılım ve taşınma yolları, konukçu aralığı, simptomatolojisi, teşhis yöntemleri, epidemiyolojisi, Türkiye'deki durumu ve güncel kontrol–ıslah yaklaşımları bütüncül bir çerçevede ele alınacaktır.

Taksonomi ve Genomik Özellikler

ToBRFV, Virgaviridae familyasında yer alan *Tobamovirus* cinsine ait bir virüstür. ICTV'nin güncel sınıflandırmasına göre taksonomik konumu aşağıdaki gibidir:

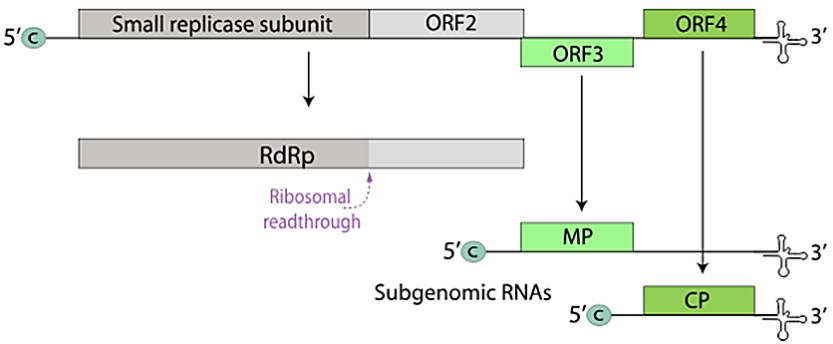
- Âlem (Kingdom): Viruses
- Kategori: Riboviria
- Kategori: Orthornavirae
- Şube (Phylum): Kitrinoviricota
- Sınıf (Class): Alsuviricetes
- Takım (Order): Martellivirales
- Familya (Family): Virgaviridae
- Cins (Genus): Tobamovirus
- Tür (Species): *Tobamovirus fructirugosum* (ToBRFV)

Virgaviridae familyası; pozitif polariteli tek iplikli RNA genomuna sahip, 3′ ucunda tRNA-benzeri yapı taşıyan, replikasyon proteinleri alfa-benzeri süper grup ile ilişkili ve zarfsız, çubuk şeklinde virionlara sahip bitki virüslerini kapsar. *Tobamovirus* cinsi, tür sayısı bakımından familyanın en geniş grubudur ve segmentli olmayan (bölünmemiş) genoma sahip tek cinstir (King vd., 2011). Doğal koşullarda konukçu aralığı genellikle sınırlıyken, deneysel koşullarda daha geniş bir konukçu spektrumu gösterebilir (Adams vd., 2009).

Virion Yapısı

ToBRFV partikülleri zarfsız, sarmal simetri gösteren sert çubuklar şeklindedir ve yaklaşık 18 nm çapında, 300–310 nm uzunluğundadır (Adams vd., 2017). Bu morfolojik özellikler transmisyon elektron mikroskobu (TEM) analizleriyle doğrulanmıştır (Luria vd., 2017) (Şekil 1).

Şekil 1. Tomato brown rugose fruit virus'un (ToBRFV) genom organizasyonu ve protein ekspresyon stratejisi (Anonim, 2026)



Kaynak: Anonim, 2026

Genom Organizasyonu

Virüs, yaklaşık 6.3–6.5 kb uzunluğunda, tek parçalı ve pozitif polariteli tek iplikçikli RNA [ssRNA(+)] genom taşır. RNA'nın 5′

ucunda metillenmiş bir kap yapısı (m^7GpppG), 3′ ucunda ise tRNA-benzeri bir yapı bulunur (Anonim, 2026).

Genom organizasyonu tipik bir tobamovirus yapısı gösterir ve dört açık okuma çerçevesi (ORF) içerir:

- 126 kDa büyüklüğünde replikasyonla ilişkili protein (ORF1a),
- 183 kDa büyüklüğünde replikasyonla ilişkili protein (ORF1b),
- Yaklaşık 30 kDa hareket proteini (MP, ORF2),
- Yaklaşık 17.5 kDa kılıf proteini (CP, ORF3).

ORF1b, ORF1a'nın stop kodonunun ribozomal read-through mekanizması ile baskılanması sonucu sentezlenir. Hareket ve kılıf proteinleri ise 3′-koterminal subgenomik RNA'lar aracılığıyla ifade edilir (Salem vd., 2016).

Gen Ekspresyonu ve Replikasyon

Genom organizasyonunun doğal bir sonucu olarak ToBRFV RNA'sı hem genom hem de mRNA işlevi görür. 5′ uçtaki ORF'ler doğrudan translasyona uğrayarak replikaz proteinlerini üretir; RdRp ise stop kodonunun baskılanması yoluyla sentezlenir. MP ve CP proteinleri subgenomik mRNA'lardan ifade edilir.

Gen ekspresyonunu takiben viral yaşam döngüsünün bir sonraki aşaması sitoplazmada gerçekleşen replikasyon sürecidir. Virüs konak hücreye girdikten sonra kapsidini açarak genomik RNA'yı sitoplazmaya salar. Pozitif anlamlı ssRNA(+), önce replikasyon proteinlerinin sentezinde kullanılır; ardından RdRp aracılığıyla çift iplikçikli RNA (dsRNA) ara formu oluşturulur. Bu ara form hem yeni genomik RNA'ların hem de subgenomik RNA'ların sentezi için kalıp görevi görür. Montaj sitoplazmada

tamamlanır ve oluşan virionlar hareket proteini aracılığıyla hücreler arasında taşınır (Anonim, 2026).

Kökeni ve Genetik çeşitlilik

ToBRFV'nin ortaya çıkışı rekombinasyon ve konukçu değişimi ile ilişkilendirilmektedir. Salem vd. (2016), Rep geninin 314 nükleotidlik bir bölümünde rekombinasyon sinyali saptamış ve TMV (Ohio V suşu) ile ToMMV'yi olası ebeveynler olarak tanımlamıştır. Filogenetik analizler ise ToBRFV'nin ToMV ve TMV'nin ortak bir atasından köken almış olabileceğini ve düşük mutasyon oranıyla kısa sürede konukçu değişimi geçirmiş olabileceğini göstermektedir (Maayan vd., 2018).

Virüsün kısa sürede Akdeniz Havzası, Kuzey Amerika ve Asya'ya yayılmasına rağmen izolatlar arasında oldukça düşük genetik çeşitlilik bulunmaktadır. Farklı ülkelerden elde edilen tam genom dizileri arasında %99'un üzerinde nükleotid benzerliği bildirilmiştir (Şekil 7). Chanda ve ark. (2020), izolatlar arasında %99.6–99.9 oranında benzerlik saptamış; buna karşın diğer tobamoviruslarla (ToMV, ToMMV, TMV ve CGMMV) benzerliğin %82.2'nin altında olduğunu göstermiştir. Hollanda'daki 50 izolatın analizinde de %99.3–100 arasında benzerlik rapor edilmiştir (van de Vossenberg vd., 2020).

Bu bulgular, bugüne kadar sekanslanan ToBRFV izolatlarının genetik olarak birbirine çok yakın olduğunu ve muhtemelen tek bir ortak atadan türediğini düşündürmektedir (Oladokun vd., 2019).

ToBRFV-Bitki Etkileşimleri

ToBRFV, genomik olarak iyi çalışılmış bir tobamovirus olan TMV ile büyük benzerlik göstermektedir. Bu nedenle TMV için tanımlanan pek çok moleküler etkileşimin ToBRFV için de geçerli olduğu düşünülmektedir. Son yıllarda yapılan çalışmalar,

ToBRFV'nin domateste tanımlanmış direnç genlerini moleküler düzeyde nasıl aştığını ortaya koymaya odaklanmıştır (Hak & Spiegelman, 2021; Maayan vd., 2018; Yan vd., 2021a).

Elde edilen bulgular, ToBRFV'nin hareket proteininin (MP) *Tm-2²* aracılı direnci aşmada temel virülens faktörü olduğunu göstermektedir. Özellikle MP'nin 60-186 amino asitlik bölgesinin kritik rol oynadığı belirlenmiştir. Bu bölgedeki altı amino asidin (H67, N125, K129, A134, I147 ve I168), *Tm-2²* tarafından tanınmayı engelleyerek direncin kırılmasını sağladığı bildirilmiştir (Yan vd., 2021a).

Buna ek olarak, ToBRFV'nin spontan bir mutantı olan ToBRFV-Tom2M-Jo'nun *Solanum habrochaites* ve *S. peruvianum*'daki direnç kaynaklarını da aşabildiği gösterilmiştir (Jewehan vd., 2022a; Jewehan vd., 2022b). Bu mutantta saptanan bazı nükleotid değişikliklerinin, özellikle hareket proteinindeki iki amino asit dönüşümünün (Phe22→Asn ve Tyr82→Lys), direnç kırılmasıyla ilişkili olduğu düşünülmektedir (Jewehan vd., 2022a).

Tobamovirusların dirençli konukçulara uyum sağlaması yeni bir durum değildir. ToMV ve TMV'de *Tm-1*, *Tm-2* ve *Tm-2²* genlerini aşan suşlar daha önce tanımlanmıştır (Betti vd., 1997; Calder & Palukaitis, 1992; Meshi vd., 1989). Ancak bu suşların yayılımı sınırlı kalmış ve ciddi verim kayıplarına yol açmamıştır.

Bitki içinde yayılım ise plazmodezmalar aracılığıyla gerçekleşmektedir (Heinlein, 2015). ToBRFV enfeksiyonu sırasında plazmodezma ile ilişkili PDLP5 proteininin (PDLP5-GFP) yaprak hücrelerindeki birikiminin arttığı gösterilmiştir (Kutscher vd., 2021). Bu durum, virüsün hücreler arası taşınım sürecini etkileyen düzenleyici mekanizmalarla ilişkili olabileceğini düşündürmektedir.

Türkiye'deki Durumu

ToBRFV'nin dünya genelinde yayılımının ardından, virüs Türkiye'de ilk kez 2019 yılında Antalya'nın Demre ilçesindeki örtü altı domates üretim alanlarında saptanmıştır. Seralarda klorotik mozaik, yaprak daralması, sap ve çanak yapraklarda nekroz ile meyvelerde buruşuk ve nekrotik lekeler gözlenmiş; yapılan moleküler analizler sonucunda etmenin *Tomato brown rugose fruit virus* (ToBRFV) olduğu doğrulanmıştır. TMV, ToMV, *Pepino mosaic virus* ve *Tomato spotted wilt virus*'a yönelik testlerin negatif sonuç vermesi üzerine genel tobamovirus primerleri ile gerçekleştirilen RT-PCR ve dizi analizleri tanıyı netleştirmiştir. Ayrıca Tm-2^2 direnç genini taşıyan ticari bir domates çeşidinde yapılan mekanik inokulasyon denemeleri, sistemik enfeksiyon gelişimini göstermiş ve ToBRFV'nin direnç kırıcı özelliğini ortaya koymuştur. Bu çalışma, ToBRFV'nin Türkiye'deki ilk resmi bildirimi olup, özellikle Antalya'nın sezon dışı domates üretimindeki stratejik konumu dikkate alındığında, virüsün tarımsal üretim ve ihracat açısından oluşturabileceği potansiyel riskleri gündeme taşımıştır (Fidan vd., 2019).

Türkiye'de yürütülen sonraki çalışmalar, hem tanı yöntemlerinin geliştirilmesine hem de direnç durumunun ortaya konmasına odaklanmıştır. Fidan vd. (2021), ToBRFV'nin domates ve biberde oluşturduğu belirtileri ayrıntılı olarak tanımlamış ve güvenilir bir tanı yöntemi geliştirmeyi amaçlamıştır. Enfekte bitkilerde yapraklarda kloroz, mozaik ve beneklenme; meyvelerde ise buruşukluk (rugose), nekroz, mermerleşme ve sarı-kahverengi lekelenmeler gözlenmiştir. TEM analizlerinde Tobamoviruslara özgü çubuk şeklinde partiküller saptanmıştır. RT-PCR ve qPCR analizleri etmenin ToBRFV olduğunu doğrulamış; ayrıca domateste Tm-2^2 ve biberde L1–L4 direnç genlerinin virüse karşı etkili olmadığı belirlenmiştir. Çalışmada, özellikle tohumlarda ToBRFV'nin saptanmasına yönelik PCR temelli bir tanı yöntemi

önerilmiş ve bu yaklaşımın ticari tohum kaynaklı yayılımın önlenmesinde önemli olacağı vurgulanmıştır.

Direnç ıslahı perspektifinden ele alındığında, Ulusoy ve ark. (2022), Anamas Tohum gen havuzundaki F6 kademesindeki 593 domates hattını ToBRFV izolatı (MT107885) ile mekanik olarak inokule ederek dayanıklılık yönünden değerlendirmiştir. Gelişim süreci boyunca belirti göstermeyen 51 hat tolerant olarak belirlenmiştir. Bu hatlardan geliştirilen hibritler iki sezonda test edilmiş ve ToBRFV belirtisi göstermeyen, performansı yüksek 46 hibrit aday çeşit seçilmiştir. Bulgular, ToBRFV'ye karşı tolerant genetik materyalin ıslah çalışmalarında değerlendirilebileceğini göstermektedir.

Moleküler epidemiyoloji ve popülasyon genetiği açısından yapılan çalışmalar da dikkat çekicidir. Başka bir çalışmada, Güller vd. (2023), Türkiye'de ToBRFV'nin ilk saptandığı Antalya bölgesindeki üretim seralarından elde edilen altı varyant üzerinde kılıf proteini (CP) ve hareket proteini (MP) gen bölgelerine dayalı ayrıntılı biyoinformatik ve moleküler evrim analizleri gerçekleştirmiştir. Araştırmacılar, hem CP hem de MP gen dizilerine göre varyantların üç ana klad altında toplandığını ortaya koymuştur. Popülasyon genetiği analizleri, her iki gen bölgesinde de oldukça düşük nükleotid ve haplotip çeşitliliği bulunduğunu göstermiş; bu durum virüs popülasyonunda rekombinasyonun son derece sınırlı olduğunu düşündürmüştür. Ayrıca CP (dN/dS = 0,0877) ve MP (dN/dS = 0,2104) gen bölgelerinde güçlü negatif seleksiyon baskısı saptanmıştır. Nötralite testleri ise ToBRFV popülasyonlarının genişleme fazında olduğunu ortaya koymuştur. Amerika, Avrupa ve Asya varyantları arasında yapılan ikili karşılaştırmalarda yüksek gen akışı ve güçlü genetik benzerlik belirlenmiş (FST < 0,33; göç oranı > 1); bu bulgular virüsün küresel ölçekte yakın zamanda yayılmış bir popülasyon yapısına sahip olduğunu göstermiştir. Çalışma, özellikle

uluslararası tohum ticaretinde kontamine tohumlara karşı daha sıkı önlemler alınması gerektiğini vurgulamaktadır.

Benzer şekilde ülke genelinde yürütülen izleme çalışmaları, virüsün yayılım dinamiklerini ortaya koymuştur. Çelik vd. (2022), 2020–2021 yıllarında Türkiye'nin farklı illerinden toplanan simptomatik domates ve biber örneklerinin %3,6'sında ToBRFV varlığını saptamış; pozitif bitkilerin seralardan uzaklaştırılması ve hijyen önlemlerinin uygulanması gerektiğini bildirmiştir. Tam kılıf proteini (CP) genine dayalı filogenetik analizler, küresel izolatların üç ana grupta kümelendiğini ve genetik çeşitliliğin oldukça düşük olduğunu göstermiştir. Genomun tüm ORF bölgelerinde güçlü negatif seleksiyon belirlenmiş, ancak nötralite testleri popülasyonun genişleme evresinde olduğunu ortaya koymuştur. Düşük FST değerleri ise farklı coğrafi bölgeler arasında belirgin bir genetik ayrışma bulunmadığını göstermiştir. Bu çalışma, ToBRFV'nin küresel ölçekte genetik olarak homojen ancak yayılma potansiyeli yüksek bir popülasyon yapısına sahip olduğunu ortaya koymuştur. Bölgesel düzeyde yapılan moleküler karakterizasyon çalışmaları da bu tabloyu desteklemektedir. Özdemir & Elçi (2025), 2023 yılında Isparta'daki domates seralarından toplanan 70 fide örneğinde ToBRFV varlığını moleküler yöntemlerle araştırmıştır. Hareket proteini (MP) gen bölgesi PCR ile çoğaltılmış, dizi analizleri ve filogenetik incelemeler sonucunda etmenin ToBRFV olduğu doğrulanmış ve izolatların genetik ilişkileri ortaya konmuştur.

Yayılım ve Taşınma Yolları

Tobamovirus cinsinin diğer üyelerinde olduğu gibi ToBRFV de kısa mesafede esas olarak mekanik temas yoluyla, uzun mesafede ise kontamine tohum ve meyveler aracılığıyla yayılmaktadır. Tarımsal uygulamalar sırasında virüs; işçi elleri, giysiler, ayakkabılar ve aletler aracılığıyla ya da enfekte ve sağlıklı bitkilerin doğrudan teması sonucu kolaylıkla taşınabilmektedir. Kontrollü sera koşullarında yapılan çalışmalar, yalnızca iki enfekte bitkinin 0.05 ha

büyüklüğündeki bir serada enfeksiyonu hızla yaymaya yettiğini göstermiştir. Enfeksiyon oranı bir ayda %1.45'e, dört ayda %80'e ve üretim dönemi sonunda %100'e ulaşmıştır (Panno vd., 2020a). Benzer şekilde ticari seralarda da dört ay içinde %100 enfeksiyon oranına ulaşıldığı bildirilmiştir. Mekanik bulaşın, özellikle kültürel işlemlerin yoğun olduğu seralarda salgının kısa sürede tüm üretim alanına yayılmasında belirleyici olduğu ortaya konmuştur (González-Concha vd., 2021; Panno vd., 2020a).

Virüsün çevresel yayılımına ilişkin dikkat çekici bulgulardan biri, Slovenya'da henüz resmi olarak bildirilmeden önce atık sularda yüksek verimli dizileme (HTS) ile tespit edilmesidir (Bačnik vd., 2020). Bir yıl sonra aynı bölgede sera üretiminde de saptanması (Vučurović vd., 2022), sulama amacıyla geri kazanılmış su kullanımının potansiyel bir risk oluşturabileceğini düşündürmektedir. Bununla birlikte, virüsün suda stabilitesi ve sulama suyundaki seyreltme oranının enfektivite üzerindeki etkisi konusunda daha fazla çalışmaya ihtiyaç vardır.

ToBRFV tohumla taşınan bir virüs olarak kabul edilmekte ve uzun mesafeli yayılımda kontamine tohumlar temel rol oynamaktadır (Dombrovsky & Smith, 2017). Enfekte meyvelerden elde edilen domates tohumlarının dış yüzeyi (testa) tamamen kontamine olabilmektedir (Klap vd., 2020a; Salem vd., 2022b). Tohumdan fideye bulaş oranı düşük (%0.08–2.8) olmakla birlikte (Davino vd., 2020; Salem vd., 2022b), bu oran yeni üretim alanlarında enfeksiyonun başlaması için yeterlidir. Benzer şekilde, yabancı ot türü Solanum nigrum'da da tohumla bulaş %1.9 oranında gösterilmiştir (Salem vd., 2022a). Bu bulgu, yabancı otların primer enfeksiyon kaynağı olarak epidemiyolojide önemli bir rol oynayabileceğini göstermektedir.

Arthropod vektörlerle bulaş henüz kanıtlanmamıştır. Ancak ticari seralarda yaygın olarak kullanılan Bombus terrestris (bombus arısı), çiçek tozlaşması sırasında virüsü mekanik olarak

taşıyabilmektedir. Virüs, arıların titreşimli tozlaşma sırasında polen ve ham özsuyu mandibulaları veya vücut titreşimleriyle aktarması yoluyla yayılmaktadır (Levitzky vd., 2019). Virüsün çiçek organlarında ve polen tanelerinde bulunduğu, ancak ovül içinde yer almadığı ve polenle taşınmadığı gösterilmiştir (Avni vd., 2020).

Ayrıca ticareti yapılan enfekte domates meyveleri de potansiyel bir primer enfeksiyon kaynağıdır. Enfekte domates suyunun hastalık yayılımında rol oynayabileceği bildirilmiştir (Klap vd., 2020a). Nitekim Florida'da Meksika'dan ithal edilen ve marketlerde satışa sunulan domateslerde ToBRFV tespit edilmiştir (Batuman vd., 2021).

Konukçular

Bugüne kadar ToBRFV'nin doğal konukçuları olarak başlıca iki kültür bitkisi tanımlanmıştır: domates (*Solanum lycopersicum*) ve biber (*Capsicum annuum*) (Luria vd., 2017; Salem vd., 2016; 2020). Virüs, domateste tobamovirus direnç genleri olan *Tm-1*, *Tm-2* ve *Tm-2*^{2}'yi taşıyan çeşitleri enfekte edebilmektedir (Chanda vd., 2021; EPPO, 2022a). Özellikle *Tm-2*^{2} direnç genini taşıyan ticari domates çeşitlerinin deneysel inokulasyonlar sonucunda tipik hastalık belirtileri geliştirdiği gösterilmiştir. Bu durum, ToBRFV'nin mevcut tobamovirus direnç genlerini aşabildiğini açıkça ortaya koymaktadır. Ayrıca belirli koşullar altında virüsün biberi (*Capsicum annuum*) de enfekte edebildiği bildirilmiştir (Luria vd., 2017; Oladokun vd., 2019).

Biberde L1 ve L2 alellerini taşıyan çeşitlerin enfekte olabildiği, L3 ve L4 genotiplerinde ise hipersensitif reaksiyon (HR) geliştiği bildirilmiştir (Fidan vd., 2021). Bununla birlikte, 30 °C'nin üzerindeki sıcaklıklarda ve kontamine toprak koşullarında yetiştirilen L-genli çeşitlerde direncin aşılabildiği gösterilmiştir (Luria vd., 2017).

Laboratuvar koşullarında yapılan mekanik inokulasyon çalışmalarında ToBRFV'nin dört farklı bitki familyasına (*Amaranthaceae*, *Apocynaceae*, *Asteraceae* ve *Solanaceae*) ait çok sayıda türü enfekte edebildiği gösterilmiştir (Zhang vd., 2022). Bu türler arasında çeşitli *Nicotiana* türleri, *Chenopodium* spp., *Datura* spp., *Physalis* spp. ve *Solanum nigrum* yer almaktadır (Chanda vd., 2021; Luria vd., 2017; Salem vd., 2020). Bu bağlamda yabancı otlar, kültür bitkileri için önemli bir inokulum kaynağı ve potansiyel rezervuar olarak değerlendirilmektedir. Özellikle asemptomatik enfeksiyonların tarım ekosistemlerinde virüsün fark edilmeden varlığını sürdürmesine ve yayılmasına olanak sağlayabileceği vurgulanmaktadır (Luria vd., 2017).

Patates (*Solanum tuberosum*) üzerine yapılan çalışmaların çoğunda bu türün ToBRFV'ye duyarlı olmadığı bildirilmiştir (Chanda vd., 2021, Fidan vd., 2021; Luria vd., 2017; Panno vd., 2019). Patlıcan (*Solanum melongena*) için ise çelişkili sonuçlar mevcuttur. Bir çalışmada mekanik inokulasyon sonrası patlıcan ve patateste latent enfeksiyon bildirildiği (Yan vd., 2021a) ve Meksika'da tek bir pozitif patlıcan örneği rapor edildiği (EPPO, 2019) belirtilmiştir. Bununla birlikte, bazı çalışmalarda yapay inokulasyon sonrası sistemik yapraklarda tipik semptom gözlenmemesine rağmen RT-PCR analizlerinde pozitif sonuç elde edilmiştir (Yan vd., 2021b). Bu durum, patlıcanda olası semptomsuz veya latent enfeksiyon ihtimalini gündeme getirmiştir. Bu nedenle Avrupa ve Akdeniz Bitki Koruma Örgütü (EPPO), patlıcanı "şüpheli konukçu" kategorisinde değerlendirmiştir (EPPO, 2019). Patates için ise deneysel olarak konukçu olmadığı gösterilmiştir (Luria vd., 2017). *Cucurbitaceae*, *Brassicaceae* ve *Verbenaceae* familyalarına ait bazı türlerde yapılan RT-PCR analizleri negatif sonuç vermiş ve bu türlerin duyarlı olmadığı belirlenmiştir (Chanda vd., 2021; Yan vd., 2021a).

Ürdün'de gerçekleştirilen bir saha çalışmasında, ToBRFV'nin olası alternatif konukçularını belirlemek amacıyla kapsamlı bir survey yapılmıştır (Salem vd., 2022a). Bu çalışmada sekiz farklı familyaya ait 12 yabancı ot türü, ToBRFV'nin doğal konukçusu olarak ilk kez rapor edilmiştir. Bu türler arasında *Amaranthus retroflexus, Beta vulgaris subsp. maritima, Chenopodium murale, Conyza canadensis, Taraxacum officinale, Malva parviflora, Oxalis corniculata, Portulaca oleracea, Veronica syriaca, Solanum elaeagnifolium, Solanum nigrum* ve *Corchorus olitorius* yer almaktadır.

Bu yabancı otlarda enfeksiyon ELISA, RT-PCR ve biyolojik testlerle doğrulanmıştır. Ancak yabancı otlarda bulunan ToBRFV izolatlarının domatesi enfekte edip edemeyeceğinin ve salgınlar açısından ne ölçüde önem taşıdığının netleştirilmesi için ek in vivo çalışmalara ihtiyaç vardır. Dikkat çekici olarak, enfekte edilen yabancı otlar arasında yalnızca *S. nigrum* belirgin virüs benzeri belirtiler (yaprak beneklenmesi ve mozaik) göstermiştir.

Salem vd. (2022a), bu bulgular ışığında, özellikle yeni üretim döneminden önce yabancı ot kontrol stratejilerinin yeniden gözden geçirilmesi gerektiğini vurgulamış; yabancı otların primer inokulum kaynağı olarak rol oynayabileceğine dikkat çekmiştir.

Sonuç olarak mevcut veriler, ToBRFV'nin doğal konukçu aralığının başlıca domates ve biberle sınırlı olduğunu; ancak deneysel koşullarda daha geniş bir tür yelpazesini enfekte edebildiğini göstermektedir. Asemptomatik enfeksiyon olasılığı ve yabancı otların rezervuar rolü, virüsün epidemiyolojisi açısından dikkatle değerlendirilmesi gereken unsurlardır.

Simptomatoloji

ToBRFV enfeksiyonunda gözlenen belirtiler; konukçu tür, bitki organı, çevresel koşullar ve olası karışık enfeksiyon durumlarına bağlı olarak farklılık göstermektedir. Klinik tablo

yalnızca morfolojik değişimlerle sınırlı olmayıp, verim kaybı ve tanısal karışıklık açısından da önem taşımaktadır. Aşağıdaki tabloda, domates ve biberde bildirilen başlıca simptom grupları, epidemiyolojik önemi ve tanısal değerlendirme açısından sistematik olarak özetlenmiştir (Tablo 1).

Tablo 1. ToBRFV Enfeksiyonunda Domates ve Biberde Gözlenen Belirtilerin Organ, Şiddet ve Tanısal Önemi Açısından Sınıflandırılması

Konukçu / Organ	Belirti Grubu	Öne Çıkan Özellik	Özel Koşul / Not	Referans
Domates – Yaprak	Pigment değişimi	Klorotik mozaik, koyu yeşil kabarcık	Kültivar ve çevreye bağlı değişkenlik	Luria vd.,2017 Menzel vd.,2019
	Doku bozulması	Apikal nekroz, damar arası sararma	İleri enfeksiyonda solma	Alfaro-Fernández vd.,2021 Oladokun vd.,2019
Domates – Meyve	Renk bozukluğu	Çanak yaprak çevresinde sarı lekeler	Erken dönemde belirgin	Salem vd.,2016
	Yapısal bozulma	Rugose alanlar, mermerleşme	Pazarlanabilirliği düşürür	Menzel vd.,2019
	Verim etkisi	Dal başına meyve azalması	Ekonomik kayıp	Luria vd.,2017
Biber – Vejetatif organlar	Hafif belirtiler	Mozaik, damar boyunca renk açılması	Genotipe bağlı değişkenlik	Panno vd.,2020a
	Savunma yanıtı	Hipersensitif reaksiyon (HR)	L1, L3, L4 genotiplerinde	Luria vd.,2017
	Sıcaklık etkisi	Kök/gövde nekrozu ve çökme	>30 °C koşullarında HR şiddetlenir	

Şekil 2. ToBRFV ile enfekte domates ve biber bitkilerinin meyve ve yapraklarında ortaya çıkan belirtiler (A, B, C) Domates ve biber meyvelerinde nekroz, koyu renkli leke ve pürüzlü yüzey (rugosite) belirtileri; (D, E) renk değişimi göstermiş ve şekli bozulmuş biber meyveleri; (F ve G) Biberde sarı lekeler ve şekil bozukluğu olan yapraklar; (H) şekli bozulmuş biber meyvesi



Kaynak: Güller vd., 2023

ToBRFV enfeksiyonunda gözlenen belirtiler, tobamovirus grubuna ait diğer virüslerin oluşturduğu semptomlarla büyük ölçüde benzerlik göstermektedir. Bu nedenle yalnızca görsel değerlendirmeye dayalı tanı güvenilir değildir. Özellikle *Tomato mosaic virus* (ToMV) ve *Tobacco mosaic virus* (TMV) enfeksiyonlarıyla klinik olarak karışma riski yüksektir (Alkowni vd., 2019). Ayrıca bazı durumlarda belirtiler fitotoksisite kaynaklı zararlarla da yanlış ilişkilendirilebilmektedir.

Karışık enfeksiyonların varlığı tanısal süreci daha da karmaşık hale getirmektedir. PepMV-CH2 veya TSWV ile birlikte görülen enfeksiyonlarda semptom şiddeti ve dağılımı

değişebilmekte, bu da etiyolojik yorumlamayı zorlaştırmaktadır (Klap vd., 2020b; Ling vd., 2019). Bunun yanında erken enfeksiyon dönemlerinde belirtilerin hafif seyretmesi veya çevresel koşullara bağlı olarak baskılanması, hastalık insidensinin olduğundan düşük değerlendirilmesine yol açabilir. Bu nedenlerle ToBRFV tanısında güvenilir sonuç elde edebilmek için serolojik ve özellikle moleküler doğrulama yöntemlerinin kullanılması gereklidir.

Teşhis

ToBRFV'ye karşı tam dirençli ticari domates ve biber çeşitleri henüz bulunmadığından (Davino vd., 2020), hastalık yönetiminde erken ve güvenilir tanı kritik öneme sahiptir. Tanı yöntemleri biyolojik, serolojik ve moleküler teknikler olarak sınıflandırılabilir. Biyolojik testler (*Nicotiana* spp. gibi indikatör bitkiler) kullanılabilmekle birlikte zaman alıcıdır ve rutin tanı için uygun değildir. Serolojik yöntemlerde başlangıçta TMV antikorları kullanılmış ancak kapsid protein benzerliği nedeniyle çapraz reaksiyon gözlenmiştir (Luria vd., 2017). Günümüzde ToBRFV'ye özgü DAS-ELISA kitleri ve lateral flow cihazları (LFD) hızlı ve pratik çözümler sunmaktadır.

Moleküler yöntemler ise özgüllük ve duyarlılık açısından en güvenilir tanı araçlarını oluşturmaktadır (Alkowni vd., 2019; Ling vd., 2019; Magaña-Álvarez vd., 2021; Panno vd., 2019; Rodríguez-Mendoza vd., 2019). Genel tanı metotları Tablo 2'de verilmiştir.

Tablo 2. ToBRFV için günümüze kadar kullanılan teşhis metotları

Yöntem	Avantajları	Sınırlılıkları	Referans
Biyolojik test (indikatör bitki)	Basit uygulama	Uzun süre, düşük özgüllük	–
DAS-ELISA	Rutin kullanım, ekonomik	Çapraz reaksiyon riski (eski testler)	Luria vd.,2017
LFD (Hızlı test)	5–30 dk'da sonuç, saha uyumlu	Duyarlılık PCR'dan düşük	–

Yöntem	Avantajları	Sınırlılıkları	Referans
Klasik RT-PCR	Yüksek özgüllük	RNA ekstraksiyonu gerekli	Alkowni vd.,2019 Ling vd.,2019
Gerçek zamanlı RT-PCR (TaqMan MGB)	Hızlı, yüksek duyarlılık, maliyet azaltımı	Laboratuvar altyapısı gerektirir	Panno vd.,2019
LAMP	65°C'de ~35 dk, yüksek duyarlılık, görsel okuma	Standardizasyon gerektirir	Sarkes vd.,2020 Rizzo vd.,2021 Panno vd.,2020c
HTS (Tam genom)	İzolat düzeyinde tanımlama	Yüksek maliyet	EPPO, 2020
CRISPR/Cas12a	ToBRFV–ToMV ayrımı, saha potansiyeli	Yeni teknoloji	Alon vd.,2021 Bernabé-Orts vd.,2021

Epidemiyoloji

Virüs, ilk kez Nisan 2015'te Ürdün'de, serada yetiştirilen domates bitkilerinden (cv. *Candela*) izole edilmiştir (Salem vd., 2016). Enfekte bitkilerde hafif yaprak belirtilerine karşılık meyvelerde belirgin kahverengi ve buruşuk (rugose) lezyonlar gözlenmiş, hastalık oranının %100'e yakın olması viral bir etiyolojiyi düşündürmüştür. Elde edilen 6.393 nükleotid uzunluğundaki tam genom dizisi (Tom1-Jo), yakın akraba tobamoviruslarla karşılaştırılmış; filogenetik analizler ve nispeten düşük dizi benzerliği, bunun yeni bir tobamovirus türü olduğunu ortaya koymuştur (Salem vd., 2016).

Bundan kısa süre önce, 2014 yılında İsrail'in güneyinde şiddetli bir domates hastalığı salgını bildirilmiş ve hastalık bir yıl içerisinde ülkenin farklı üretim bölgelerine yayılmıştır. *Tm-2*^{2} direnç genini taşıyan domates çeşitlerinde dahi yapraklarda mozaik, yaprak daralması ve sarı benekli meyve belirtileri gözlenmiştir. İsrail izolatının (TBRFV-IL) tam genom dizisi, Ürdün izolatı ile yüksek düzeyde benzerlik göstermiştir (Luria vd., 2017).

İlk raporların ardından virüs hızla farklı ülkelere yayılmıştır. 2018 yılında Filistin (Alkowni vd., 2019), Meksika (Camacho-Beltrán vd., 2019), ABD–Florida (Dey vd., 2021), ABD–Kaliforniya (Ling vd., 2019), Almanya (Menzel vd., 2019) ve İtalya'da (Panno vd., 2019) ToBRFV bildirilmiştir. 2019 yılında Türkiye (Fidan vd., 2019), Çin (Yan vd., 2019), Birleşik Krallık (Skelton vd., 2019), Hollanda, Yunanistan (OEPP/EPPO, 2019), Mısır (Amer & Mahmoud, 2020) ve İspanya'da (Alfaro-Fernández vd., 2021) rapor edilmiştir. 2020–2021 döneminde ise Fransa, Çekya, Kıbrıs, Polonya (OEPP/EPPO, 2020a-d), Avusturya, Portekiz, Belçika, Estonya, Macaristan, Malta, Slovenya, İsviçre (OEPP/EPPO, 2021a-h), Norveç (Hamborg & Blystad, 2021), , Suriye (Hasan vd., 2021) ve Suudi Arabistan'da (Sabra vd., 2021) yeni salgınlar bildirilmiştir.

Virüs yalnızca domatesle sınırlı kalmamış; Ürdün (Salem vd., 2020), İtalya (Panno vd., 2020a), Türkiye (Fidan, 2020; Fidan vd., 2021) ile Suriye ve Lübnan'da (Abou Kubaa vd., 2021) sera koşullarında yetiştirilen biber bitkilerinde de tespit edilmiştir. Bu durum, virüsün *Solanaceae* familyası içerisinde ekonomik öneme sahip türler açısından ciddi bir tehdit oluşturduğunu göstermektedir.

ToBRFV'nin ilk resmi bildiriminin 2016 yılında yapılmış olması ve başlangıçta birçok ülkede düzenleyici önlemlere tabi olmaması nedeniyle, küresel dağılımına ilişkin verilerin sınırlı olduğu düşünülmektedir (Salem vd., 2016). Virüsün bazı ülkelerde henüz resmi olarak rapor edilmemiş olabileceği değerlendirilmektedir. Özellikle enfekte tohumların uluslararası

ticareti, virüsün kısa sürede kıtalar arası yayılımında temel faktör olarak kabul edilmektedir. Tohum kabuğunda bulunabilen viral partiküller ve mekanik temasla kolay bulaşma özelliği, ToBRFV'nin epidemiyolojik başarısını artırmaktadır.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

ToBRFV'nin Önlenmesi

Entegre hastalık yönetimi (IDM), fitosaniter ve kültürel önlemler, konukçu dayanıklılığı, biyolojik mücadele ve gerektiğinde genetik mühendisliği uygulamalarının birlikte kullanılmasına dayanan en etkili kontrol yaklaşımıdır (Pandey vd., 2016). Hastalık döngüsünün farklı aşamalarını hedefleyen tamamlayıcı stratejiler, mücadeleyi daha sürdürülebilir kılar.

Günümüzde ToBRFV kontrolü büyük ölçüde fitosaniter önlemlere dayansa da, dayanıklılık ıslahı, genetik mühendisliği ve biyolojik mücadele alanındaki gelişmeler, entegre uygulamaların yakın gelecekte daha etkin kullanılabileceğini göstermektedir (Dombrovsky & Smith, 2017).

Fitosaniter Önlemler

ToBRFV'nin ülkelere girişini önlemek için yasal düzenlemeler ve karantina uygulamaları zorunludur. Virüs, 2020 yılında EPPO uyarı listesine alınmış ve A2 zararlısı olarak sınıflandırılmıştır; birçok ülkede karantina etmeni olarak kabul edilmektedir (EPPO, 2022).

Tohum üreticileri düzenli olarak temsilî tohum örneklerini test etmeli, ithalatçı ülkeler ise piyasaya sunulmadan önce resmi laboratuvar analizlerini zorunlu kılmalıdır. Virüs bir bölgeye girdikten sonra ise ilk enfeksiyon odakları genellikle kontamine tohum ve meyve ticareti ile çiftlikler arasında personel ve ekipman paylaşımı yoluyla ortaya çıkmaktadır.

Hijyen ve Dezenfeksiyon

Bir bitki patojeninin yayılım yollarının ve epidemiyolojik dinamiklerinin anlaşılması, salgınların önlenmesi ve etkili kontrol programlarının geliştirilmesi açısından temel bir gerekliliktir (Jeger vd., 2004; Panno vd., 2020b). ToBRFV'nin kısa sürede geniş coğrafyalara yayılmış olması ve birden fazla bulaşma mekanizmasına sahip olması, onu yüksek riskli bir fitosanitari tehdit haline getirmiştir. Bu nedenle hem üretim alanlarında hem de uluslararası ticarette sıkı kontrol önlemleri uygulanması zorunludur (Panno vd., 2019).

ToBRFV yönetiminde temel yaklaşım, enfekte materyalin üretim ve ticaret zincirine girmesini engellemek ve sekonder yayılımı en aza indirmektir. Bu biyogüvenlik zinciri "temiz başla, temiz kal" ilkesiyle başlar ve ilk kritik basamak tohum sağlığıdır. Virüsün tohum yüzeyinde lokalize olabildiği ve tohum kaynaklı bulaşın mümkün olduğu gösterilmiştir (Davino vd., 2020; Salem vd., 2022a). Bu nedenle tohum partilerinin düzenli olarak test edilmesi ve sistem temelli yaklaşımların (Good Seed and Plant Practices) uygulanması önerilmektedir (Hiddink vd., 2023). Profilaktik tohum dezenfeksiyonu önemli bir koruyucu önlemdir. Isıl uygulamalar (>70°C) ile birlikte %2.5 sodyum hipoklorit (15 dk), %2 HCl (30 dk) veya %10 trisodyum fosfat uygulamalarının yüksek düzeyde etkinlik sağladığı bildirilmiştir (Davino vd., 2020; Samarah vd., 2021). Ayrıca %0.5 laktroferrin, %2 Virocid, %10 sodyum hipoklorit ve %3 Virkon'un %90-100 oranında etkili olduğu gösterilmiştir (Chanda vd., 2021). Bu uygulamaların çimlenmeyi olumsuz etkilemeden tam dezenfeksiyon sağlayabildiği rapor edilmiştir (Davino vd., 2020; Samarah vd., 2021).

Tohumdan fide üretimine geçiş aşamasında sağlıklı üretim materyalinin sürekliliği korunmalıdır. Fidelerin üretim tesislerine sevk edilmeden önce ToBRFV açısından test edilmesi önerilmektedir. Çünkü virüs, az sayıda enfekte bitkiden hareketle bir

üretim sezonu içinde tüm seraya yayılabilecek kadar yüksek bulaşıcılığa sahiptir (Panno vd., 2020a).

Üretim tesisinde hijyen uygulamaları hastalık kontrolünün merkezinde yer alır (Panno vd., 2020b). ToBRFV, mekanik temasla kolayca bulaşır ve çevresel koşullara oldukça dayanıklıdır. İnsan derisinde en az iki saat, cam, metal, plastik ve beton gibi yüzeylerde ise haftalarca hatta aylarca enfektif kalabildiği; sap çözeltisinde inaktivasyon için 90°C'de 5 dakika gibi yüksek sıcaklıkların gerektiği bildirilmiştir (Skelton vd., 2021). Bu özellikler, üretim alanında çok katmanlı bir biyogüvenlik yaklaşımını zorunlu kılmaktadır (Reason, 2000).

Bu kapsamda yalnızca zorunlu personelin tesise girişine izin verilmesi, özel iş kıyafeti kullanımı, tek kullanımlık eldiven ve düzenli el hijyeni, üretim alanında zonlama, paketleme alanından üretim alanına geri dönüşün sınırlandırılması ve ekipmanların düzenli dezenfeksiyonu önerilmektedir (EFSA, 2011). Potansiyel olarak enfekte meyvelerin üretim alanına sokulmaması da temas yoluyla bulaş riskini azaltan önemli bir uygulamadır.

Yüzey ve ekipman dezenfeksiyonu zincirin kritik halkalarındandır. %10 sodyum hipoklorit, %2 glutaraldehit + kuaterner amonyum bileşikleri ve %3 Virkon'un yüksek etkinlik gösterdiği bildirilmiştir (Chanda vd., 2021). Gözenekli yüzeylerde özellikle glutaraldehit-QAC içeren ürünlerin daha etkili olduğu belirtilmiştir (Skelton vd., 2021). Bununla birlikte, etkin dezenfeksiyon sonrasında dahi moleküler yöntemlerle inaktif virüs kalıntılarının tespit edilebileceği unutulmamalıdır (Davino vd., 2020; Skelton vd., 2021).

Giysi ve ayakkabılar da önemli bulaşma araçlarıdır. Ev tipi deterjanların yetersiz olduğu; Fadex HC, Menno Hortisept Clean Plus ve Menno Florades gibi ürünlerin enfektif virüsü %99.9'dan fazla azalttığı gösterilmiştir (Ehlers vd., 2022a). Ayakkabı

dezenfeksiyonunda sodyum hipoklorit ve laktroferrin kısa temas süresinde etkili bulunmuş; dezenfektan paspas uygulamalarında mekanik sürtünmenin etkinliği artırdığı bildirilmiştir (Ehlers vd., 2022b). Avrupa Birliği'nde ToBRFV'ye karşı spesifik olarak ruhsatlı tek ürünün Menno Florades olduğu belirtilmektedir.

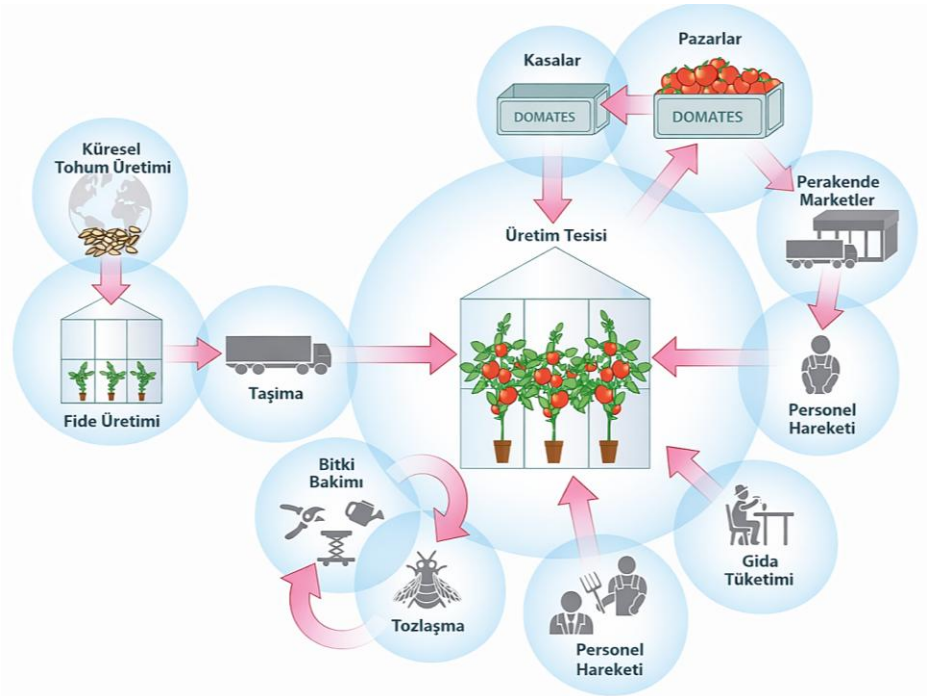
Kültürel önlemler de biyogüvenlik zincirinin tamamlayıcı unsurlarıdır. Konukçu olmayan türlerle münavebe, hasat sonrası bitki artıklarının uzaklaştırılması, yabancı ot kontrolü ve sertifikalı çoğaltım materyali kullanımı primer enfeksiyon riskini azaltır. Erken tanı sistemlerinin hem üretim alanlarında hem de sınır kontrollerinde uygulanması, hızlı müdahale açısından kritik öneme sahiptir (Pallás vd., 2018). Pozitif materyalin resmi protokoller çerçevesinde imhası zorunludur.

Bazı üretim süreçleri, örneğin bombus arılarıyla yapılan tozlaşma, klasik hijyen uygulamalarıyla tamamen kontrol edilemeyebilir. Bu durumlarda sürüntü (swab) temelli izleme ve tanı yaklaşımları risk azaltmada yardımcı olabilir (Loh vd., 2022).

Uzun vadede sürdürülebilir çözüm, dayanıklı veya toleranslı çeşitlerin geliştirilmesidir. Çok genli dayanıklılık stratejileri ve genom düzenleme gibi modern moleküler teknikler, ToBRFV'ye karşı kalıcı mücadelede umut verici yaklaşımlar sunmaktadır (Smith & Dombrovsky, 2019).

Sonuç olarak ToBRFV'nin kontrolü, tohumdan başlayarak fide üretimi, taşıma, üretim tesisi uygulamaları ve hasat sonrası süreçleri kapsayan bütüncül bir biyogüvenlik zinciri gerektirir. Tek bir önlem yeterli değildir; üretim sürecinin her aşamasında tamamlayıcı ve katmanlı uygulamaların birlikte yürütülmesi, virüsün yayılım riskini anlamlı düzeyde azaltabilmektedir. ToBRFV'nin üretim ve dağıtım zinciri boyunca olası bulaşma yolları ve biyogüvenlik müdahale noktaları Şekil 3' de şematik olarak gösterilmiştir.

Şekil 3. ToBRFV'nin tohumdan tüketime kadar üretim zinciri boyunca potansiyel bulaşma yolları ve biyogüvenlik müdahale noktaları



ToBRFV'ye Karşı Dayanıklılık ve Islah

Domateste tobamovirus kaynaklı hastalıkların ilk bildirimi 1909 yılına kadar uzanmaktadır. G.P. Clinton, ABD'nin Connecticut eyaletinde örtü altı domates üretiminde görülen bir hastalığı rapor etmiştir (Clinton, 1909). O dönemde etmen TMV olarak sınıflandırılmış olmakla birlikte, uzun süre ToMV'nin TMV'nin bir suşu olarak kabul edilmesi nedeniyle erken dönem sınıflandırmalar kesin değildir.

Yaklaşık kırk yıl sonra Porte vd. (1939), yabani bir domates türü olan *Solanum habrochaites*'te ToMV'ye karşı ilk direnç

kaynağını tanımlamıştır. Bu türde bulunan *Tm-1* geni, virüs çoğalmasını baskılayarak ToMV patotip 0'a karşı yüksek düzeyde dayanıklılık sağlamıştır. Daha sonraki genetik çalışmalar, *Tm-1*'in viral replikaz (RdRP) ile ilişkili olduğunu ve yalnızca iki amino asit değişikliğiyle bu direncin aşılabildiğini göstermiştir (Meshi vd., 1988). *Tm-1* geni kromozom 2'ye haritalanmıştır (Tanksley vd., 1992). Ancak *Tm-1* taşıyan çeşitlerin yaygınlaşmasından kısa süre sonra ToMV patotip 1 baskın hale gelmiş ve direnç etkinliğini kaybetmiştir (Pelham vd., 1970). Bu gelişme, ıslahçıları yeni direnç kaynakları aramaya yöneltmiştir. Aşağıda domateste geliştirilen başlıca direnç genleri özetlenmiştir (Tablo 3).

Tablo 3. Domateste Tobamoviruslara Karşı Geliştirilen Başlıca Direnç Genleri

Direnç Geni	Kaynak Tür	Hedef Patotip	Kromozom	Durum
Tm-1	*S. habrochaites*	ToMV patotip 0	2	Patotip 1 ile kırıldı
Tm-2	*S. peruvianum*	ToMV patotip 1	9	Patotip 2 ile kırıldı
Tm-2²	*S. peruvianum* (PI 128650)	ToMV & TMV	9	~50 yıl dayanıklı

Tm-2 geni (Soost, 1958, 1959, 1963) ve daha sonra *Tm-2²* geni (Alexander, 1963) geliştirilmiştir. *Tm-2* ve *Tm-2²* kromozom 9'da yer almakta ve allelik kabul edilmektedir (Tanksley vd., 1992). Bu genlerin hedefi viral hareket proteinidir (MP); direnç kıran ToMV suşlarında MP'nin avirülens (Avr) faktörü olduğu gösterilmiştir (Weber & Pfitzner, 1998). Her iki gen de CC-NBS-LRR sınıfı direnç proteinlerini kodlamaktadır (Lanfermeijer vd., 2003). Özellikle *Tm-2²*, yaklaşık yarım yüzyıl boyunca ToMV ve TMV'ye karşı etkili olmuş ve uzun süre sürdürülebilir bir çözüm olarak kabul edilmiştir.

Ancak 2015 yılında ToBRFV'nin ortaya çıkışı (Salem vd., 2016), bu uzun süreli dayanıklılığı sona erdirmiştir. Virüsün, bilinen tüm tobamovirus direnç genlerini — özellikle *Tm-2*^{2}'yi — aşabildiği gösterilmiştir. Moleküler düzeyde yapılan çalışmalar, direnç kırılmasının viral hareket proteini ile ilişkili olduğunu ortaya koymuştur. MP'nin 1–216 amino asitlik bölgesinin, özellikle 60–186 arasındaki altı kritik amino asidin, *Tm-2*^{2} tarafından tanınmayı engellediği belirlenmiştir (Hak & Spiegelman, 2021; Yan vd., 2021a).

ToBRFV'den önce 2013 yılında ToMMV tanımlanmış ve dirençli domateslerde enfeksiyon oluşturduğu bildirilmiştir (Li vd., 2013). Bununla birlikte, bazı genotiplerin ToMMV'ye karşı tamamen dirençli olduğu gösterilmiş (Sui vd., 2017) ve bu nedenle ToMMV, ToBRFV kadar geniş çaplı bir kriz oluşturmamıştır.

Son yıllarda ToBRFV'ye karşı yeni genetik kaynakların belirlenmesine yönelik çalışmalar hız kazanmıştır. Zinger vd. (2021), 160 domates genotipini değerlendirmiş ve kültür hatlarının %27.6'sında, *S. pimpinellifolium* aksesyonlarının ise %31'inde tolerans saptamıştır; ancak yalnızca tek bir genotip tam direnç göstermiştir. Ayrıntılı analizler, toleransın kromozom 11'de bulunan tek bir resesif gen tarafından kontrol edildiğini, tam direncin ise en az iki genin birbirini tamamlayan ve kümülatif (additif) etkisiyle ortaya çıktığını göstermiştir. Bu genlerden biri tolerans lokusu ile aynı bölgede, diğeri ise kromozom 2'de *Tm-1* genine yakın konumdadır. Ayrıca bu özelliklerin elit çeşitlere aktarımını kolaylaştırmak amacıyla DNA belirteçleri geliştirilmiştir.

Genel olarak değerlendirildiğinde, domateste tobamoviruslara karşı geliştirilen dayanıklılık yaklaşık bir asırlık bir "direnç–patotip–direnç kırılması" döngüsü içerisinde ilerlemiştir. *Tm-1* ve *Tm-2* genleri kısa sürede aşılmış, *Tm-2*^{2} ise yaklaşık 50 yıl boyunca etkili kalmıştır. Ancak ToBRFV'nin ortaya çıkışı, klasik tek dominant gen yaklaşımının sınırlarını göstermiştir. Güncel

bulgular, sürdürülebilir dayanıklılığın ancak çok genli, additif etkili ve moleküler belirteç destekli ıslah stratejileriyle mümkün olabileceğini ortaya koymaktadır.

Biyolojik Mücadele ve dsRNA Temelli Yaklaşımlar

ToBRFV'ye karşı alternatif mücadele stratejileri arasında biyolojik kontrol ve RNA temelli yaklaşımlar öne çıkmaktadır. Çapraz koruma (cross-protection), aynı virüsün hafif veya zayıflatılmış bir suşu ile ön enfeksiyon sağlanarak daha virulent suşlara karşı koruma oluşturulmasına dayanmaktadır (Folimonova vd., 2020; Fulton, 1986). Bu olgu ilk olarak McKinney (1929) tarafından TMV–tütün sisteminde tanımlanmıştır. Yöntemin pratik uygulanabilirliği; diğer konukçular için patojen olmayan, ekosistem ve tüketici güvenliği açısından risk oluşturmayan ve genetik olarak stabil hafif suşların belirlenmesine bağlıdır. Bu suşlar doğal popülasyon çeşitliliği içerisinden seçilebileceği gibi, biyoteknolojik yöntemler, ışınlama veya sıcaklık uygulamaları ile de geliştirilebilir.

Bitkisel kaynaklı antiviral bileşikler de biyolojik mücadelede potansiyel sunmaktadır. *Mirabilis jalapa* ve *Pseuderanthemum bicolor* ekstraktlarının cucurbit virüslerine karşı inhibitör etki gösterdiği bildirilmiştir (Kubo vd., 1990; Verma & Abid Ali Khan, 1984). ToBRFV açısından ise *Combretum micranthum* yaprak ekstraktından elde edilen 4-hidroksibenzoik asit ve kateşinik asidin virüs enfektivitesini inaktive edebildiği gösterilmiştir (Iobbi vd., 2022). Moleküler kenetlenme analizleri, bu bileşiklerin ToBRFV kılıf proteini (CP)–CP etkileşim bölgelerini hedeflediğini ortaya koymuştur (Iobbi vd., 2022). Ayrıca sarımsak ekstraktlarının ToBRFV kılıf proteininde parçalanmaya ve inaktivasyona yol açabildiği rapor edilmiştir (Iobbi vd., 2023). Arbusküler mikorizal fungus uygulamalarının biberde semptom şiddetini azaltabildiği (Ragasová vd., 2022) ve bazı biyostimülan ürünlerin enfekte domates bitkilerinde gelişim ve verim parametrelerini

iyileştirebildiği bildirilmiştir (Ortiz-Martinez & Ochoa-Martinez, 2023).

Son yıllarda en dikkat çekici yaklaşımlardan biri, eksojen çift sarmallı RNA (dsRNA) uygulamalarıdır. dsRNA, küçük girişimci RNA'lar ve saç tokası RNA yapıları aracılığıyla RNA interferansı (RNAi) mekanizmasını aktive ederek virüs gen ekspresyonunu susturabilmektedir (Dubrovina & Kiselev, 2019). Konakalla ve ark. (2016), yapraktan uygulanan dsRNA'nın tütün bitkilerinde TMV'ye karşı etkili bir RNAi yanıtı oluşturduğunu göstermiştir. Bu yaklaşım, hedefe özgü ve çevre açısından güvenli bir yöntem olarak umut verici görülmekle birlikte, tarla koşullarında stabilite, maliyet ve uygulama verimliliği gibi teknik sınırlılıkların giderilmesi gerekmektedir.

Genel olarak değerlendirildiğinde, biyolojik kontrol ve RNA temelli stratejiler ToBRFV yönetiminde tamamlayıcı yaklaşımlar olarak önem taşımaktadır. Ancak bu yöntemlerin geniş ölçekli uygulanabilirliği için ekolojik güvenlik, genetik stabilite ve saha etkinliğine ilişkin daha kapsamlı çalışmalar gereklidir.

Kaynaklar

Abou Kubaa, R., Choueiri, E., Heinoun, K., Cillo, F., & Saponari, M. (2021). First report of tomato brown rugose fruit virus infecting sweet pepper in Syria and Lebanon. *Journal of Plant Pathology*, 104, 425.

Adams, M. J., Adkins, S., Bragard, C., Gilmer, D., Li, D., MacFarlane, S. A., … ICTV Report Consortium. (2017). ICTV virus taxonomy profile: Virgaviridae. *The Journal of General Virology*, 98(8), 1999–2000.

Adams, M. J., Antoniw, J. F., & Kreuze, J. (2009). Virgaviridae: A new family of rod-shaped plant viruses. *Archives of Virology*, 154(12), 1967–1972.

Alexander, L. J. (1963). Transfer of a dominant type of resistance to the four known Ohio pathogenic strains of tobacco mosaic virus (TMV) from *Lycopersicon peruvianum* to *L. esculentum*. *Phytopathology*, 53, 869.

Alfaro-Fernández, A., Castillo, P., Sanahuja, E., Rodríguez-Salido, M. C., & Font, M. I. (2021). First report of Tomato brown rugose fruit virus in tomato in Spain. *Plant Disease*, 105(2), 515.

Alkowni, R., Alabdallah, O., & Fadda, Z. (2019). Molecular identification of tomato brown rugose fruit virus and investigation of its susceptibility to some disinfectants. *Journal of Plant Pathology*, 101(3), 719-723.

Alon, D. M., Partush, N., & Hak, H. (2021). CRISPR-Cas12a-based detection of tomato brown rugose fruit virus. *Phytopathology*, 111(12), 2234-2241.

Amer, M. A., & Mahmoud, S. Y. (2020). First report of tomato brown rugose fruit virus on tomato in Egypt. *New Disease Reports*, 41(1), 24.

Anonim, 2026. *Tomato brown rugose fruit virus*. Expasy ViralZone. Erişim: 24.02.2026, https://viralzone.expasy.org/search?query=%22tomato+brown+rugose+fruit+virus%22.

Avni, A., Sharaby, N., Shtark, O., Luria, N., Smith, E., & Dombrovsky, A. (2020). Tomato brown rugose fruit virus detected in tomato reproductive organs and pollen grains but not inside ovules. *Plant Disease*, 104(12), 3267-3271.

Bačnik, K., Kutnjak, D., Pecman, A., Mehle, N., Tušek-Žnidarič, M., & Ravnikar, M. (2020). First report of tomato brown rugose fruit virus in wastewater in Slovenia. *Plant Disease*, 104(12), 3272.

Batuman, O., Rojas, M. R., Al Rwahnih, M., & Gilbertson, R. L. (2021). First report of tomato brown rugose fruit virus in tomato in Florida, USA. *Plant Disease*, 105(4), 1234.

Bernabé-Orts, J. M., Torre, C., & Méndez-López, E. (2021). Development of specific monoclonal antibodies and a CRISPR-Cas12a-based detection system for tomato brown rugose fruit virus. *Plant Disease*, 105(11), 3653-3661.

Betti, L., Marini, F., Marani, F., Cuffiani, M., Rabiti, A. L., & Canova, A. (1997). A TMV strain overcoming both *Tm-2* and *Tm-2²* resistance genes in tomato. *Phytopathologia Mediterranea*, 36(1), 24-30.

Calder, V. L., & Palukaitis, P. (1992). Nucleotide sequence analysis of the movement genes of resistance breaking strains of tomato mosaic virus. *Journal of General Virology*, 73(1), 165-168.

Camacho-Beltrán, E., Pérez-Brito, D., Magaña-Álvarez, A., Uicab-Pool, G., Tún-Suárez, J., & Cortez-Madrigal, H. (2019). First report of tomato brown rugose fruit virus in tomato in Mexico. *Plant Disease*, 103(6), 1440.

Chanda, B., Gilliard, A., Jaiswal, N., & Ling, K. S. (2020). Comparative analysis of host range, ability to infect tomato cultivars with *Tm-2²* gene, and real-time RT-PCR detection of tomato brown rugose fruit virus. *Plant Disease*, 105(11), 3643-3652.

Chanda, B., Rivera, Y., Gilliard, A., & Ling, K. S. (2021). Evaluation of disinfectants against tomato brown rugose fruit virus. *Plant Health Progress*, 22(3), 273-278.

Clinton, G. P. (1909). Tomato mosaic. *Connecticut Agricultural Experiment Station Annual Report*, 31, 45-48.

Çelik A, Coşkan S, Morca AF, Santosa AI, Koolivand D (2022). Insight into population structure and evolutionary analysis

of the emerging tomato brown rugose fruit virus. Plants 11:3279. https://doi.org/10.3390/plants11233279

Davino, S., Caruso, A. G., Bertacca, S., Barone, S., & Panno, S. (2020). Seed transmission of tomato brown rugose fruit virus. *Agronomy*, 10(10), 1544.

Dey, K., Vilez-Climent, M., Soria, P., Batuman, O., Mavrodieva, V., Wei, G., ... McVay, J. (2021). First report of Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) infecting tomato in Florida, USA. *New Disease Reports*, 44, e12028.

Dombrovsky, A., & Smith, E. (2017). Seed transmission of tobamoviruses: aspects of global disease distribution. In J. C. Jimenez-Lopez (Ed.), *Advances in seed biology* (pp. 233-260). London: IntechOpen.

Dubrovina, A. S., & Kiselev, K. V. (2019). Exogenous RNAs for gene regulation and plant resistance. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(9), 2282.

EFSA Panel Plant Health. (2011). Scientific opinion on the assessment of the risk of solanaceous pospiviroids for the EU territory and the identification and evaluation of risk management options. *EFSA Journal*, 9(8), 2330.

Ehlers, J., Nourinejhad Zarghani, S., Kroschewski, B., Buttner, C., & Bandte, M. (2022a). Cleaning of tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) from contaminated clothing of greenhouse employees. *Horticulturae*, 8(8), 751.

Ehlers, J., Nourinejhad Zarghani, S., Kroschewski, B., Buttner, C., & Bandte, M. (2022b). Decontamination of tomato brown rugose fruit virus-contaminated shoe soles under practical conditions. *Horticulturae*, 8(12), 1210.

EPPO. (2019). Update of the situation of tomato brown rugose fruit virus in Mexico. *EPPO Reporting Service No.

2019/192*. Paris: European and Mediterranean Plant Protection Organization. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-6622

EPPO. (2020). Pest risk analysis for tomato brown rugose fruit virus. EPPO, Paris. Retrieved from https://gd.eppo.int/taxon/TOBRFV/documents

EPPO. (2022). Tomato brown rugose fruit virus (TOBRFV) datasheet. *EPPO Global Database*. Retrieved from https://gd.eppo.int/taxon/TOBRFV/datasheet

Fidan, H. (2020). Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV): Current situation and future prospects. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 33(1), 43-49.

Fidan, H., Sarikaya, P., & Calis, O. (2019). First report of Tomato brown rugose fruit virus on tomato in Turkey. *New Disease Reports*, 39(18), 2044-0588.

Fidan, H., Sarikaya, P., Yildiz, K., Topkaya, B., Erkis, G., & Calis, O. (2021). Robust molecular detection of the new tomato brown rugose fruit virus in infected tomato and pepper plants from Turkey. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(8), 2170-2179.

Folimonova, S. Y., Achor, D., & Bar-Joseph, M. (2020). Walking together: cross-protection, genome conservation, and the replication machinery of Citrus tristeza virus. *Viruses*, 12(12), 1353.

Fulton, R. W. (1986). Practices and precautions in the use of cross protection for plant virus disease control. *Annual Review of Phytopathology*, 24, 67-81.

González-Concha, L. F., Ramírez-Gil, J. G., García-Estrada, R. S., Rebollar-Alviter, Á., & Tovar-Pedraza, J. M. (2021). Spatiotemporal analyses of tomato brown rugose fruit virus in commercial tomato greenhouses. *Agronomy*, 11(7), 1268.

Güller, A., Mustafa, U., & Randa-Zelyüt, F. (2023). Genetic diversity and population structure of tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) variants from Antalya province, Turkey. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, *51*(3), 13356-13356.

Hak, H., & Spiegelman, Z. (2021). The tomato brown rugose fruit virus movement protein overcomes *Tm-2²* resistance in tomato while attenuating viral transport. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 34(9), 1024-1032.

Hamborg, Z., & Blystad, D. R. (2021). The first report of Tomato brown rugose fruit virus in tomato in Norway. *Plant Disease*, 106(7), 2004.

Hasan, Z. M., Salem, N. M., Ismail, I. D., Akel, I., & Ahmad, A. Y. (2021). First report of tomato brown rugose fruit virus on greenhouse tomato in Syria. *Plant Disease*, 106(2), 772.

Heinlein, M. (2015). Plant virus replication and movement. *Virology*, 479-480, 657-671.

Hiddink, G., Willmann, R., Woudenberg, J. H. C., & Souza-Richards, R. (2023). Seed health testing: doing things right. *PhytoFrontiers*. https://doi.org/10.1094/PHYTOFR-03-22-0029-FI

Iobbi, V., Lanteri, A. P., Minuto, A., Santoro, V., Ferrea, G., ... Bisio, A. (2022). Autoxidation products of the methanolic extract of the leaves of *Combretum micranthum* exert antiviral activity against tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV). *Molecules*, 27(3), 760.

Iobbi, V., Santoro, V., Maggi, N., Giacomini, M., Lanteri, A. P., ... Bisio, A. (2023). Characterization of sulfur compounds and antiviral activity against tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) of Italian "Vessalico" garlic compared to other cultivars and landrace. *LWT*, 174, 114411.

Jeger, M. J., Holt, J., Van Den Bosch, F., & Madden, L. V. (2004). Epidemiology of insect-transmitted plant viruses: Modelling disease dynamics and control interventions. *Physiological Entomology*, 29(3), 291-304.

Jewehan, A., Kiemo, F. W., Salem, N., Tóth, Z., Salamon, P., & Szabó, Z. (2022a). Isolation and molecular characterization of a tomato brown rugose fruit virus mutant breaking the tobamovirus resistance found in wild *Solanum* species. *Archives of Virology*, 167(7), 1559-1563.

Jewehan, A., Salem, N., Tóth, Z., Salamon, P., & Szabó, Z. (2022b). Evaluation of responses to tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) and selection of resistant lines in *Solanum habrochaites* and *Solanum peruvianum* germplasm. *Journal of General Plant Pathology*, 88(3), 187-196.

King, A. M., Lefkowitz, E., Adams, M. J., & Carstens, E. B. (Eds.). (2011). *Virus taxonomy: Ninth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses* (Vol. 9). San Diego, CA: Elsevier.

Klap, C., Luria, N., Smith, E., Bakelman, E., Belausov, E., Lavy, E., ... Dombrovsky, A. (2020a). The potential risk of plant-virus disease initiation by infected tomatoes. *Plants*, 9(5), 623.

Klap, C., Luria, N., Smith, E., Hadad, L., Bakelman, E., Sela, N., ... Dombrovsky, A. (2020b). Tomato brown rugose fruit virus contributes to enhanced Pepino mosaic virus titers in tomato plants. *Viruses*, 12(8), 879.

Konakalla, N. C., Kaldis, A., Berbati, M., Masarapu, H., & Voloudakis, A. E. (2016). Exogenous application of double-stranded RNA molecules from TMV p126 and CP genes confers resistance against TMV in tobacco. *Planta*, 244(4), 961-969.

Kubo, S., Ikeda, T., Imaizumi, S., Takanami, Y., & Mikami, Y. (1990). A potent plant virus inhibitor found in *Mirabilis jalapa* L. *Japanese Journal of Phytopathology*, 56(4), 481-487.

Kutscher, Y., Evenor, D., Belausov, E., Lapidot, M., & Reuveni, M. (2021). Leaf plasmodesmata respond differently to TMV, ToBRFV and TYLCV infection. *Plants*, 10(7), 1442.

Lanfermeijer, F. C., Dijkhuis, J., Sturre, M. J., de Haan, P., & Hille, J. (2003). Cloning and characterization of the durable tomato mosaic virus resistance gene *Tm-2²* from *Lycopersicon esculentum*. *Plant Molecular Biology*, 52(5), 1039-1051.

Levitzky, N., Smith, E., Lachman, O., Luria, N., Mizrahi, Y., Bakelman, H., ... Dombrovsky, A. (2019). The bumblebee *Bombus terrestris* carries a primary inoculum of tomato brown rugose fruit virus contributing to disease spread in tomatoes. *PLoS One*, 14(1), e0210871.

Li, R., Gao, S., Fei, Z., & Ling, K. S. (2013). Complete genome sequence of a new tobamovirus naturally infecting tomatoes in Mexico. *Genome Announcements*, 1(5), e00794-13.

Ling, K. S., Tian, T., Gurung, S., Salati, R., & Gilliard, A. (2019). First report of tomato brown rugose fruit virus infecting greenhouse tomato in the United States. *Plant Disease*, 103(6), 1439.

Loh, Y. L., Skelton, A., & Fox, A. (2022). On site detection of tomato brown rugose fruit virus: validation of ToBRFV diagnostics (LAMP) for use by UK growers. *Report PE035*, Agriculture and Horticulture Development Board, Stoneleigh, UK.

Luria, N., Smith, E., Reingold, V., Bekelman, I., Lapidot, M., Levin, I., ... Dombrovsky, A. (2017). A new Israeli Tobamovirus isolate infects tomato plants harboring *Tm-2²* resistance genes. *PLoS One*, 12(1), e0170429.

Maayan, Y., Pandaranayaka, E. P. J., Srivastava, D. A., Lapidot, M., Levin, I., Dombrovsky, A., & Harel, A. (2018). Using genomic analysis to identify tomato *Tm-2²* resistance-breaking mutations and their underlying evolutionary path in a new and emerging tobamovirus. *Archives of Virology*, 163(7), 1863-1875.

Magaña-Álvarez, A. A., Pérez-Brito, D., Vargas-Hernández, B. Y., Ramírez-Pool, J. A., Núñez-Muñoz, L. A., Salgado-Ortiz, H., ... Xoconostle-Cázares, B. (2021). Detection of Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) in solanaceous plants in Mexico. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 128, 1627-1635.

McKinney, H. (1929). Mosaic diseases in the Canary Islands, West Africa and Gibraltar. *Journal of Agricultural Research*, 39, 577-578.

Menzel, W., Knierim, D., Winter, S., Hamacher, J., & Heupel, M. (2019). First report of Tomato brown rugose fruit virus infecting tomato in Germany. *New Disease Reports*, 39(1), 1.

Meshi, T., Motoyoshi, F., Adachi, A., Watanabe, Y., Takamatsu, N., & Okada, Y. (1988). Two concomitant base substitutions in the putative replicase genes of tobacco mosaic virus confer the ability to overcome the effects of a tomato resistance gene, *Tm-1*. *The EMBO Journal*, 7(6), 1575-1581.

Meshi, T., Motoyoshi, F., Maeda, T., Yoshiwoka, S., Watanabe, H., & Okada, Y. (1989). Mutations in the tobacco mosaic virus 30-kD protein gene overcome *Tm-2* resistance in tomato. *The Plant Cell*, 1(5), 515-522.

OEPP/EPPO. (2019). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Greece. *EPPO reporting service* 10(2019/210). Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2019-10-en.pdf

OEPP/EPPO. (2020a). First report of tomato brown rugose fruit virus in France. *EPPO reporting service* 2(2020/037). Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2020-02-en.pdf

OEPP/EPPO. (2020b). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Czech Republic. *EPPO Reporting Service* 2020/223. Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2020-10-en.pdf

OEPP/EPPO. (2020c). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Cyprus. *EPPO Reporting Service* 2020/173. Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2020-08-en.pdf

OEPP/EPPO. (2020d). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Poland. *EPPO Reporting Service* 2020/122. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-6800

OEPP/EPPO. (2021a). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Austria. *EPPO Reporting Service* 2021/159. Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2021-07-en.pdf

OEPP/EPPO. (2021b). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Portugal. *EPPO Reporting Service* 2021/196. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-7135

OEPP/EPPO. (2021c). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Belgium. *EPPO Reporting Service* 2021/017. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-6956

OEPP/EPPO. (2021d). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Estonia. *EPPO Reporting Service* 2021/176. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-7115

OEPP/EPPO. (2021e). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Hungary. *EPPO Reporting Service* 2021/134. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-7073

OEPP/EPPO. (2021f). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Malta. *EPPO Reporting Service* 2021/106. Retrieved from https://gd.eppo.int/media/data/reporting/rs-2021-05-en.pdf

OEPP/EPPO. (2021g). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Slovenia. *EPPO Reporting Service* 2021/177. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-7116

OEPP/EPPO. (2021h). First report of Tomato brown rugose fruit virus in Switzerland. *EPPO Reporting Service* 2021/178. Retrieved from https://gd.eppo.int/reporting/article-7117

Oladokun, J. O., Halabi, M. H., Barua, P., & Nath, P. D. (2019). Tomato brown rugose fruit disease: Current distribution, knowledge and future prospects. *Plant Pathology*, 68(9), 1579-1586.

Ortiz-Martinez, L. E., & Ochoa-Martinez, D. L. (2023). Elicitors and biostimulants in the production of tomato infected with Tomato brown rugose fruit virus. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 130, 351-360.

Özdemir, A. E., & Elçi, E. (2025). *Molecular Characterization of Tomato brown rugose fruit virus – Isparta Isolates Movement Protein*. 4th International Congress of the Turkish Journal of Agriculture – Food Science and Technology (TURJAF), Bildiri No: 698, s. 1274–1280. Turkish Science and Technology Publishing (TURSTEP).

Pallás, V., Sánchez-Navarro, J. A., & James, D. (2018). Recent advances on the multiplex molecular detection of plant viruses and viroids. *Frontiers in Microbiology*, 9, 2087.

Pandey, A. K., Sain, S. K., & Singh, P. (2016). A perspective on integrated disease management in agriculture. *Bio Bulletin*, 2(2), 13-29.

Panno, S., Caruso, A. G., Barone, S., Lo Bosco, G., Rangel, E. A., & Davino, S. (2020a). Spread of tomato brown rugose fruit

virus in Sicily and evaluation of the spatiotemporal dispersion in experimental conditions. *Agronomy*, 10(6), 834.

Panno, S., Caruso, A. G., Blanco, G., & Davino, S. (2020b). First report of Tomato brown rugose fruit virus infecting sweet pepper in Italy. *New Disease Reports*, 41(20), 2044-0588.

Panno, S., Matić, S., Tiberini, A., Caruso, A. G., Bella, P., Torta, L., ... Davino, S. (2020c). Loop mediated isothermal amplification: Principles and applications in plant virology. *Plants*, 9(4), 461.

Panno, S., Ruiz-Ruiz, S., Caruso, A. G., Alfaro-Fernandez, A., San Ambrosio, M. I. F., & Davino, S. (2019). Real-time reverse transcription polymerase chain reaction development for rapid detection of tomato brown rugose fruit virus and comparison with other techniques. *PeerJ*, 7, e7928.

Pelham, J., Fletcher, J. T., & Hawkins, J. H. (1970). The establishment of a new strain of tobacco mosaic virus resulting from the use of resistant varieties of tomato. *Annals of Applied Biology*, 65(2), 293-297.

Porte, W. S., Doolittle, S. P., & Wellman, F. L. (1939). Hybridization of a mosaic-tolerant, wilt-resistant *Lycopersicon hirsutum* with *Lycopersicon esculentum*. *Phytopathology*, 29, 757-759.

Ragasová, L., Hakalová, E., Ferby, V., Čechová, J., Klapcová, G., & Pokluda, R. (2022). Effect of plant growth promoting microorganisms on pepper plants infected with tomato brown rugose fruit virus. *Diversity*, 14(8), 635.

Reason, J. (2000). Human error: models and management. *BMJ*, 320(7237), 768-770.

Rizzo, D., Da Lio, D., Panattoni, A., Salemi, C., Cappellini, G., Bartolini, L., & Parrella, G. (2021). Rapid and sensitive detection

of tomato brown rugose fruit virus in Tomato and pepper seeds by reverse transcription loop-mediated isothermal amplification assays (real time and visual) and comparison with RT-PCR end-point and RT-qPCR methods. *Frontiers in Microbiology*, 12, 640932.

Rodríguez-Mendoza, J., García-Ávila, C. D. J., López-Buenfil, J. A., Araujo-Ruiz, K., Quezada-Salinas, A., Cambrón-Crisantos, J. M., & Ochoa-Martínez, D. L. (2019). Identification of tomato brown rugose fruit virus by RT-PCR from a coding region of replicase (RdRP). *Revista Mexicana de Fitopatología*, 37(2), 345-356.

Sabra, A., Al Saleh, M. A., Alshahwan, I. M., & Amer, M. A. (2021). First report of tomato brown rugose fruit virus infecting tomato crop in Saudi Arabia. *Plant Disease*, 106(4), 1310.

Salem, N. M., Cao, M. J., Odeh, S., Turina, M., & Tahzima, R. (2020). First report of tobacco mild green mosaic virus and tomato brown rugose fruit virus infecting *Capsicum annuum* in Jordan. *Plant Disease*, 104(2), 601.

Salem, N. M., Sulaiman, A., Samarah, N., Turina, M., & Vallino, M. (2022b). Localization and mechanical transmission of tomato brown rugose fruit virus in tomato seeds. *Plant Disease*, 106(1), 275-281.

Salem, N., Abumuslem, M., Turina, M., Samarah, N., Sulaiman, A., & Abuqudaira, T. (2022a). New weed hosts for tomato brown rugose fruit virus in wild Mediterranean vegetation. *Plants*, 11(17), 2287.

Salem, N., Mansour, A., Ciuffo, M., Falk, B. W., & Turina, M. (2016). A new tobamovirus infecting tomato crops in Jordan. *Archives of Virology*, 161(2), 503-506.

Samarah, N., Sulaiman, A., Salem, N. M., & Turina, M. (2021). Disinfection treatments eliminated tomato brown rugose

fruit virus in tomato seeds. *European Journal of Plant Pathology*, 159(1), 153-162.

Sarkes, A., Fu, H., Feindel, D., Harding, M., & Feng, J. (2020). Development and evaluation of a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay for the detection of Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV). *PLoS One*, 15(6), e0230403.

Skelton, A., Buxton-Kirk, A., Ward, R., Harju, V., Frew, L., Fowkes, A., ... Fox, A. (2019). First report of Tomato brown rugose fruit virus in tomato in the United Kingdom. *New Disease Report*, 40(12), 2044-0588.

Skelton, A., Frew, L., Buxton-Kirk, A., Ward, R., Forde, S., ... Fox, A. (2021). Tomato brown rugose fruit virus: survival of the virus and efficacy of disinfection approaches (Report PEO33a). Stoneleigh, UK: Agriculture and Horticulture Development Board.

Smith, E., & Dombrovsky, A. (2019). Aspects in Tobamovirus management in intensive agriculture. In *Plant diseases- current threats and management trends*. London: IntechOpen.

Soost, R. K. (1958). Tobacco mosaic resistance. *Tomato Genetics Cooperative Report*, 8, 35-36.

Soost, R. K. (1959). Tobacco mosaic resistance. *Tomato Genetics Cooperative Report*, 9, 46.

Soost, R. K. (1963). Hybrid tomato resistant to tobacco mosaic virus. *Journal of Heredity*, 54, 241-244.

Sui, X., Zheng, Y., Li, R., Padmanabhan, C., Tian, T., Groth-Helms, D., ... Ling, K. S. (2017). Molecular and biological characterization of Tomato mottle mosaic virus and development of RT-PCR detection. *Plant Disease*, 101(5), 704-711.

Tanksley, S. D., Ganal, M. W., Prince, J. P., De Vicente, M. C., Bonierbale, M. W., Broun, P., ... Martin, G. (1992). High density molecular linkage maps of the tomato and potato genomes. *Genetics*, 132(4), 1141-1160.

Ulusoy, D., Kasapoğlu, S., & Fidan, H. (2022). Tomato Brown Rugose Fruit Virus (ToBRFV) Hastalığına Tolerantlı Domates Hatlarının Belirlenmesi. *Bahçe*, *51*(Özel Sayı 1) 13. Sebze Tarımı Sempozyumu), 150-153.

van de Vossenberg, B. T., Visser, M., Bruinsma, M., Koenraadt, H. M., Westenberg, M., & Botermans, M. (2020). Real-time tracking of Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) outbreaks in the Netherlands using Nextstrain. *PLoS One*, 15(10), e0234671.

Verma, H. N., & Abid Ali Khan, M. M. (1984). Management of plant virus diseases by *Pseuderanthemum bicolor* leaf extract. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 91(3), 266-272.

Vučurović, A., Brodarič, J., Jakomin, T., Pecman, A., Beloglavec, A. B., & Mehle, N. (2022). First report of tomato brown rugose fruit virus in tomato in Slovenia. *New Disease Reports*, 45(2), e12079.

Weber, H., & Pfitzner, A. J. (1998). *Tm-2²* resistance in tomato requires recognition of the carboxy terminus of the movement protein of tomato mosaic virus. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 11(6), 498-503.

Yan, Z. Y., Ma, H. Y., Han, S. L., Geng, C., Tian, Y. P., & Li, X. D. (2019). First report of tomato brown rugose fruit virus infecting tomato in China. *Plant Disease*, 103(11), 2973.

Yan, Z. Y., Ma, H. Y., Wang, L., Tettey, C., Zhao, M. S., Geng, C., ... Li, X. D. (2021a). Identification of genetic determinants of tomato brown rugose fruit virus that enable infection of plants

harbouring the *Tm-2²* resistance gene. *Molecular Plant Pathology*, 22(11), 1347-1357.

Yan, Z. Y., Zhao, M. S., Ma, H. Y., Liu, L. Z., Yang, G. L., Geng, C., ... Li, X. D. (2021b). Biological and molecular characterization of tomato brown rugose fruit virus and development of quadruplex RT-PCR detection. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(7), 1871-1879.

Zhang, S., Griffiths, J. S., Marchand, G., Bernards, M. A., & Wang, A. (2022). Tomato brown rugose fruit virus: an emerging and rapidly spreading plant RNA virus that threatens tomato production worldwide. *Molecular Plant Pathology*, 23(9), 1262-1277.

Zinger, A., Lapidot, M., Harel, A., Doron-Faigenboim, A., Gelbart, D., & Levin, I. (2021). Identification and mapping of tomato genome loci controlling tolerance and resistance to Tomato brown rugose fruit virus. *Plants*, 10(1), 179.

BÖLÜM 12

Tobamovirus tabaci (Tobacco mosaic virus, TMV)

HATİCE DİĞDEM OKSAL[1]

Giriş

Tütün mozaik virüsü (*Tobamovirus tabaci*, *Tobacco mosaic virus*, TMV), hem bitki virolojisi hem de genel viroloji alanında en çok çalışılmış ve bu nedenle "model virüs" olarak kabul edilen klasik bir RNA virüsüdür. Taksonomisi ve genom organizasyonu ayrıntılı biçimde karakterize edilmiştir.

Tütün mozaik hastalığının bilimsel olarak anlaşılmasına yönelik ilk çalışmalar 19. yüzyılın sonlarına dayanmaktadır. Adolf Mayer (1886), enfekteli tütün yapraklarından elde edilen özsuyun sağlıklı bitkilere uygulanmasıyla hastalığın bulaşabildiğini göstererek hastalığın enfeksiyöz karakterini ortaya koymuş, ancak etkeni bakteri benzeri bir organizma olarak değerlendirmiştir (Mayer, 1886). Bunu takiben Dimitri Ivanovski (1892), enfekteli bitki özsuyunu bakterileri tutan Chamberland porselen filtreden geçirmesine rağmen hastalığın oluşmaya devam ettiğini göstermiş

[1] Doç. Dr., Malatya Turgut Özal Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 0000-0003-1189-7864

ve “filtre edilebilir etken” kavramını ortaya koymuştur (Zaitlin, 1998).

Virüs kavramının bilimsel olarak yerleşmesi ise Martinus Beijerinck’in (1898) çalışmalarıyla mümkün olmuştur. Beijerinck, etkenin çoğalabilen bir “contagium vivum fluidum” olduğunu ileri sürmüş ve tütün mozaik etkenini bakterilerden farklı yeni bir bulaşıcı ajan sınıfı olarak tanımlamıştır (Zaitlin, 1998).

TMV’nin viroloji tarihindeki öncü rolü, sonraki yıllarda yapılan çalışmalarla daha da pekişmiştir. 1935 yılında Wendell M. Stanley tarafından TMV’nin kristal halde saflaştırılması, etkenin uzun süre yalnızca protein yapısında olduğu düşüncesine yol açmıştır (Stanley, 1935). 1930’lu ve 1940’lı yıllarda ultrasantrifüj ve elektron mikroskopisi çalışmaları ile TMV partikülünün çomak şeklindeki yapısı ortaya konmuş ve bu virüs, yapısal özellikleri ayrıntılı olarak tanımlanan ilk virüslerden biri haline gelmiştir (Eriksson-Quensel & Svedberg, 1936; Kausche vd., 1939).

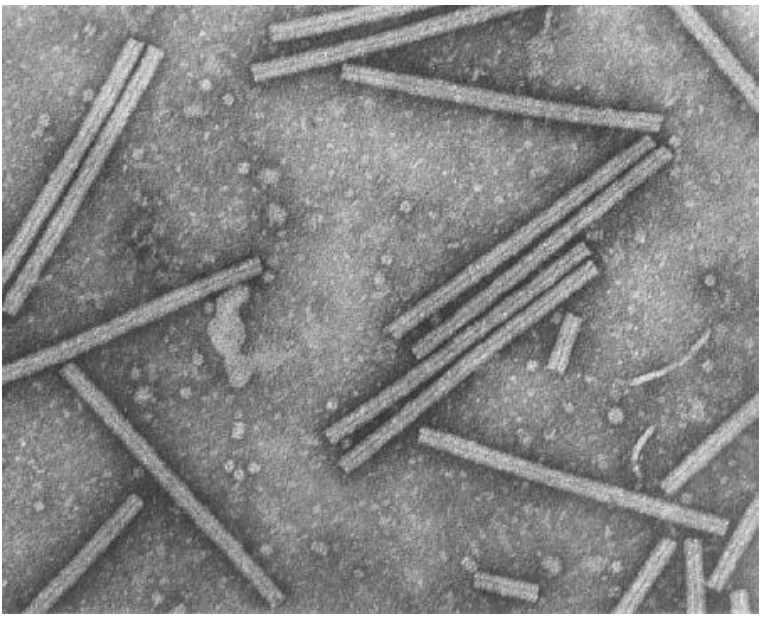
1950’li ve 1960’lı yıllarda gerçekleştirilen çalışmalar ise TMV RNA’sının tek başına enfektif olduğunu ortaya koyarak nükleik asidin genetik bilgiyi taşıyan temel molekül olduğunu göstermiş ve modern moleküler virolojinin gelişimine önemli katkı sağlamıştır (Gierer & Schramm, 1956; Fraenkel-Conrat vd., 1957).

Taksonomi ve Genomik Özellikler

TMV, Virgaviridae familyası içerisinde yer alan Tobamovirus cinsinin tip üyesidir ve alfavirus benzeri süpergrup içinde sınıflandırılır (Knapp & Lewandowski, 2001; Alishiri vd., 2013; Zamfir vd., 2023; Listihani vd., 2019). Tobamoviruslar; pozitif polariteli tek iplikçikli RNA (+ssRNA) genomuna sahip, çomak şeklinde ve çevresel koşullara karşı oldukça stabil virüslerdir. TMV, zarfsız ve helikal simetriye sahip rijit çubuk şeklinde partiküller oluşturan bir virüstür. Partiküller yaklaşık 300 nm uzunluğunda ve 18 nm çapında olup, tek iplikli pozitif polariteli RNA genomu kapsid

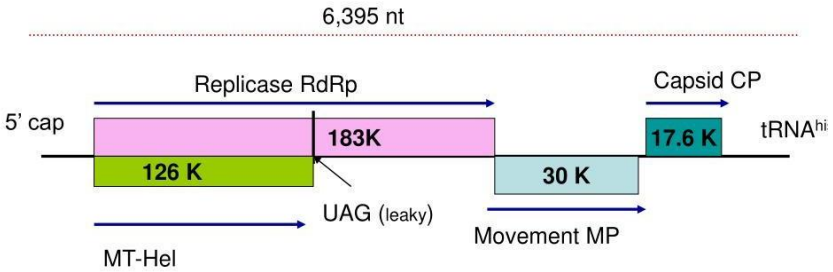
proteinleri tarafından helikal olarak sarılmıştır (Şekil 1). Elektron mikroskobunda negatif boyama ile karakteristik çubuk yapısı net olarak gözlenebilmektedir.

Şekil 1. Negatif boyama yöntemi ile elde edilmiş Tobacco mosaic virus (TMV) partiküllerinin temsili elektron mikroskobu görüntüsü. Partiküller rijit çubuk şeklinde olup yaklaşık 300 nm uzunluğunda ve 18 nm çapındadır. Ölçek çubuğu = 100 nm.



TMV'nin genomu bölünmemiş, yaklaşık 6.4 kb uzunluğunda pozitif polariteli tek iplikçikli RNA'dan oluşmaktadır. Virionlar yaklaşık 300 × 18 nm boyutlarında, rijit çubuk şeklinde olup helikal simetri gösteren kapsid yapısı, viral RNA'nın kapsid proteini (coat protein, CP) alt birimleri tarafından sarılmasıyla oluşmaktadır (Şekil 2) (Goelet vd., 1982; Namba vd., 1989).

Şekil 2. Tobacco mosaic virus (TMV) genomunun şematik gösterimi. TMV, yaklaşık 6.4 kb uzunluğunda tek iplikli pozitif polariteli RNA genomuna sahiptir. Genom üzerinde 126 kDa ve 183 kDa replikaz proteinlerini kodlayan açık okuma çerçeveleri (ORF), hücreler arası hareketten sorumlu hareket proteini (MP) ve kapsid proteini (CP) genleri yer almaktadır (ViralZone, 2024)



Bu genom organizasyonu, fonksiyonel olarak dört ana proteinin sentezlenmesini sağlar. TMV genomu tarafından kodlanan başlıca proteinler arasında 126 kDa büyüklüğündeki replikaz ve onun 183 kDa'lık readthrough ürünü yer almakta olup, bu proteinler metiltransferaz, helikaz ve RNA-bağımlı RNA polimeraz motiflerini içerir ve viral replikasyon açısından temel rol oynar (Goelet vd., 1982; Ishikawa vd., 1986).

Buna ek olarak yaklaşık 30 kDa büyüklüğündeki hareket proteini (movement protein, MP), virüsün bitki hücreleri arasında plazmodezmatalar aracılığıyla taşınmasını sağlar (Zaitlin & Palukaitis, 1983; Meshi vd., 1987). Yaklaşık 17.5–17.6 kDa büyüklüğündeki kapsid proteini (CP) ise virion oluşumunda görev almakta olup virüsün bitki içerisinde sistemik yayılımı için gereklidir (Zaitlin & Palukaitis, 1983; Culver, 2002).

Ayrıca TMV'de birden fazla subgenomik mRNA tanımlanmış olup bazı genlerin genom üzerinde kısmen örtüşecek şekilde organize olduğu bilinmektedir (Goelet vd., 1982; Zaitlin, 1999).

Farklı coğrafi bölgelerden elde edilen TMV izolatlarının kapsid proteini gen dizileri incelendiğinde, genetik çeşitliliğin düşük olduğu ve izolatlar arasında yüksek düzeyde benzerlik bulunduğu gösterilmiştir (Gibbs, 1999; Zaitlin, 1999; García-Arenal vd., 2001).

Bu sınırlı genetik çeşitlilik, TMV'nin geniş bir konukçu aralığına sahip olmasına rağmen yeni konukçulara uyum sağlamak için büyük ölçekli evrimsel değişimlere ihtiyaç duymadığını düşündürmektedir. Genom organizasyonunun yüksek düzeyde korunmuş olması ve küresel ölçekte gözlenen düşük genetik çeşitliliğe rağmen geniş bir konukçu aralığına sahip olması, TMV'yi hem önemli bir bitki patojeni hem de moleküler biyoloji ve viroloji çalışmalarında vazgeçilmez bir model sistem haline getirmektedir.

Ekonomik Önemi

TMV, küresel ölçekte önemli ekonomik kayıplara neden olan başlıca bitki virüslerinden biridir. Özellikle tütün ve diğer *Solanaceae* üyelerinde (domates, biber, patlıcan) görülen enfeksiyonlar, üretimde verim ve kalite düşüşlerine yol açmaktadır ve yıllık kayıpların yüz milyonlarca ABD dolarını aştığı; bazı tahminlerde ise küresel ekonomik kaybın 1 milyar ABD dolarının üzerine çıkabildiği bildirilmektedir (Ji vd., 2023; Trojak-Goluch, 2024).

Özellikle tütün üretiminde, TMV enfeksiyonunun ekonomik etkisi bölgesel düzeyde de açıkça ortaya konmuştur. Nitekim 2000 yılında Kuzey Karolina'da TMV kaynaklı verim kaybının 10 milyon ABD dolarının üzerinde olduğu hesaplanmıştır (Trojak-Goluch, 2024). Benzer şekilde, 1960–1980 yılları arasında yine Kuzey Karolina'da flue-cured (baca ısısıyla kurutulmuş) tütünde yıllık

ekonomik kaybın bazı yıllarda ürün değerinin %0,9'una, yani yaklaşık 9,5 milyon ABD dolarına kadar ulaştığı bildirilmiştir (Trojak-Goluch, 2024).

TMV enfeksiyonunun verim üzerindeki etkileri, özellikle enfeksiyon zamanına bağlı olarak belirgin farklılıklar göstermektedir. Tütünde erken dönemde meydana gelen enfeksiyonların, verim ve ürün değerinde %20–60'a varan kayıplara yol açtığı bildirilmiştir (Johnson vd., 1983). Benzer şekilde, biberde TMV enfeksiyonu enfeksiyon zamanına bağlı olarak %30'dan başlayıp %90'a kadar ulaşabilen ciddi ürün kayıplarına neden olabilmektedir (Johnson vd., 1983). Ayrıca TMV enfeksiyonları, bitkilerde mozaik, bodurluk, meyve deformasyonları ve düzensiz renk gelişimi gibi karakteristik simptomlarla ilişkilendirilmekte olup, bu durum yalnızca verim kayıplarına değil, aynı zamanda ürünün pazarlanabilirliğinde azalmaya da neden olabilmektedir (Scholthof vd., 2011; Hull, 2014; Islam vd., 2018).

TMV, geniş konukçu spektrumu ile dikkat çeken ve farklı familyalara ait yüzlerce bitki türünü enfekte edebilen bir virüs olup; tütün, domates, biber ve hıyar gibi ekonomik açıdan önemli kültür bitkilerinin yanı sıra çok sayıda süs bitkisi ve yabancı ot türünde de saptanmıştır. Bu durum, virüsün doğal rezervuarlar aracılığıyla ekosistem içinde sürekliliğini sürdürmesine olanak tanımakta ve epidemiyolojik yayılım potansiyelini artırarak tarımsal üretim üzerindeki etkisini güçlendirmektedir (Scholthof vd., 2011; Hull, 2014; Islam vd., 2018).

TMV'nin yol açtığı ekonomik kayıplar yalnızca doğrudan verim azalması ile sınırlı olmayıp, dolaylı maliyet unsurlarını da kapsamaktadır. Virüsün olağanüstü çevresel stabilitesi ve mekanik yollarla (tohum, tarım ekipmanları ve insan teması) etkin biçimde taşınabilmesi, üretim sistemlerinde sıkı hijyen protokollerinin uygulanmasını gerektirmekte; bu durum tanılama, sertifikasyon ve

dezenfeksiyon süreçlerine bağlı maliyetleri artırmaktadır (Scholthof vd., 2011; Hull, 2014; Islam vd., 2018).

Öte yandan, bitki virüslerine karşı kimyasal mücadelenin olmaması nedeniyle biyolojik mücadele, doğal metabolitler ve faydalı mikroorganizmaların kullanımı giderek daha fazla önem kazanmaktadır. Bununla birlikte, bu yaklaşımlar araştırma-geliştirme ve uygulama aşamalarında ek maliyetler gerektirmektedir. Ancak, uzun vadede daha sürdürülebilir üretim sistemlerinin geliştirilmesine önemli katkılar sağlamaktadır (Scholthof vd., 2011; Hull, 2014; Islam vd., 2018; Abo-Zaid vd., 2020).

TMV, özellikle tütün, domates ve biber gibi *Solanaceae* türlerinde önemli ekonomik kayıplara yol açabilen başlıca bitki virüslerinden biri olarak kabul edilmektedir (Scholthof, 2004; Hull, 2014; Scholthof vd., 2011). Domates üretiminde ise TMV ve diğer viral patojenlerin neden olduğu enfeksiyonlar, üretim miktarında azalma ve meyve kalitesinde bozulmaya yol açarak ekonomik kayıplara neden olmakta; bu kayıpların düzeyi çevresel koşullara, enfeksiyon zamanına ve konukçu genotipine bağlı olarak değişkenlik göstermektedir.

TMV ve filogenetik olarak yakın ilişkili tobamovirus türleri (*Tomato mosaic virus*, ToMV; *Tomato brown rugose fruit virus*, ToBRFV; *Tomato mottle mosaic virus*, ToMMV), özellikle domates üretim sistemlerinde öne çıkan ekonomik patojenler arasında yer almakta olup, uygun epidemiyolojik koşullarda hızla yayılım göstererek yüksek enfeksiyon düzeylerine ulaşabilmekte ve buna bağlı olarak önemli verim ve kalite kayıplarına yol açabilmektedir (Khoshkhatti vd., 2020; García-Estrada vd., 2022; Matzrafi vd., 2023).

TMV, tütün üretiminde bitkilerde büyüme geriliğine ve yaprak kalitesinde bozulmaya yol açarak önemli ekonomik kayıplara neden olabilmektedir. Bunun yanı sıra, son yıllarda yapılan bazı

çalışmalar, TMV enfeksiyonunun bitki–toprak etkileşimlerini etkileyebileceğini ve rhizosfer mikrobiyotasında değişimlere yol açabileceğini göstermektedir; ancak bu değişimlerin üretkenlik üzerindeki uzun vadeli etkileri henüz tam olarak ortaya konulamamıştır (Scholthof, 2004; Liu vd., 2024; Zhao vd., 2024).

TMV'nin hıyar, biber ve çeşitli süs bitkilerinde de ekonomik açıdan önemli kayıplara yol açabildiği bilinmektedir. Bu durum, son yıllarda virüs yönetiminde biyolojik ajanlar ve doğal metabolitlere dayalı alternatif stratejilere olan ilgiyi artırmış; özellikle çevre dostu ve sürdürülebilir kontrol yaklaşımlarının geliştirilmesine yönelik araştırmalar hız kazanmıştır (Islam vd., 2018; Basit vd., 2021).

TMV salgınlarının yönetiminde biyolojik kontrol ajanları, doğal metabolit temelli antiviral bileşikler, tohum ve sera hijyeni ile erken tanı uygulamalarını içeren entegre stratejiler ön plana çıkmaktadır. Ancak bu çok bileşenli yaklaşım, uygulama ve izleme süreçlerine bağlı olarak üretim maliyetlerinde artışa yol açabilmektedir (Islam vd., 2018; Basit vd., 2021; Trojak-Goluch, 2024).

Buna karşılık, tobamovirus cinsine dahil olan bazı türlerinin istilacı yabancı otların biyolojik kontrolünde potansiyel ajanlar olarak değerlendirildiği de bilinmektedir; bu kapsamda TMGMV-U2 izolatı, *Solanum viarum* (tropical soda apple)'a karşı ABD'de biyolojik herbisit olarak geliştirilmiş ve uygulamaya alınmış; böylece yabancı ot mücadelesine bağlı maliyetlerin azaltılmasına katkı sağlamıştır (Charudattan vd., 2024).

Türkiye'deki Durumu

Türkiye'de TMV, özellikle tütün ve biber gibi ekonomik öneme sahip Solanaceae bitkilerinde görülen önemli bir virüstür ve tohum, kontamine bitki artıkları ile bulaşmış toprak ve kültürel işlemler aracılığıyla kolaylıkla yayılabilmektedir (Agrios, 2005; Hull, 2014; Zaitlin & Palukaitis, 2000). Türkiye'de farklı konukçular

üzerinde yürütülen çalışmalar, TMV'nin yaygınlığının bölgeye ve üretim sistemine bağlı olarak değişkenlik gösterdiğini ortaya koymaktadır. Samsun'da 1998–1999 yıllarında biber üretim alanlarında gerçekleştirilen bir çalışmada, 313 örneğin ELISA ile analiz edilmesi sonucunda TMV dahil altı virüsün varlığı belirlenmiş; en yaygın karışık enfeksiyonun TMV + *Potato virus Y* (PVY) (%15,4) olduğu saptanmıştır. Ayrıca yabancı otların önemli rezervuar konukçular olduğu, özellikle *Amaranthus retroflexus*'un birden fazla virüsü taşıyabildiği ve *Hibiscus trionum*'un bazı virüsler için yeni konukçu olduğu belirlenmiştir (Arlı-Sökmen vd., 2005). Erzincan (Kemaliye) ve Artvin (Yusufeli) bölgelerinde yürütülen bir başka çalışmada, biber bitkilerinde TMV enfeksiyonu saptanmış; incelenen 45 örneğin bir kısmında TMV'nin tek başına veya PVY ile birlikte karışık enfeksiyonlar oluşturduğu belirlenmiştir (Bostan & Dursun, 2011). Doğu Akdeniz Bölgesi'nde (Adana, Mersin, Hatay, Kahramanmaraş ve Osmaniye) 2014–2015 yıllarında gerçekleştirilen çalışmada, 1225 biber örneğinin %59,4'ünün virüslerle enfekteli olduğu belirlenmiş; en yaygın virüsün *Cucumber mosaic virus* (CMV) (%33,68) olduğu, bunu *Tobacco etch virus* (TEV) ve Potato virüs Y (PVY)'nin izlediği, TMV'nin ise %1,08 oranı ile düşük düzeyde ve çoğunlukla karışık enfeksiyonlar içinde bulunduğu saptanmıştır (Öztürk & Baloğlu, 2019). Tütün üretim alanlarında ise TMV'nin bölgesel dağılımının önemli farklılıklar gösterdiği bildirilmektedir. Samsun'da 2008–2009 yıllarında gerçekleştirilen bir çalışmada, tütün tarlalarından alınan örneklerin %40,3'ünde TMV tespit edilirken (Erdem, 2010), Adıyaman'da yapılan daha güncel bir çalışmada bu oran %5,5 olarak belirlenmiş ve TMV'nin daha çok CMV ile karışık enfeksiyon halinde bulunduğu ortaya konmuştur (Günay & Usta, 2020). Aynı çalışmada, izolatların %74,17–%99,38 oranında nükleotit benzerliği gösterdiği ve filogenetik olarak yakın ilişkili olduğu belirlenmiştir. Batı Anadolu'nun yoğun tütün üretim bölgelerinde (Çanakkale, Balıkesir, İzmir, Manisa, Uşak, Aydın ve Denizli) 2019–2020

yıllarında yürütülen çalışmalarda TMV'nin %3,33–%10,7 oranlarında bulunduğu, buna karşılık *Tobacco mild green mosaic virus* (TMGMV)'nin daha yüksek yaygınlık gösterdiği ve karışık enfeksiyonların (%7) görüldüğü bildirilmiştir (Karanfil vd., 2023; Zelyüt vd., 2025). Son yıllarda yapılan çalışmalar, TMV'nin bazı üretim alanlarında düşük yaygınlık göstermesine karşın, özellikle karışık enfeksiyonlar içinde varlığını sürdürdüğünü ortaya koymaktadır. Nitekim Kırşehir'de 2023 üretim sezonunda domates ve biber üretim alanlarında yürütülen bir çalışmada, örneklerin %81,3'ünün virüslerle enfekteli olduğu; en yaygın virüsün *Tomato mosaic virus* (ToMV) olduğu, TMV'nin ise çoğunlukla diğer virüslerle birlikte karışık enfeksiyonlar halinde bulunduğu belirlenmiştir (Çandar vd., 2026). Bu bulgular, TMV'nin Türkiye'deki tarımsal üretim sistemlerinde hâlen önemli bir fitopatolojik etmen olduğunu ve özellikle üretim koşullarına bağlı olarak ekonomik etkisinin değişkenlik gösterebildiğini ortaya koymaktadır.

Yayılım

Tobacco mosaic virus (TMV), hem genel viroloji tarihinde tanımlanan ilk virüs hem de bitki virolojisinin ilk model organizması olup, 19. yüzyılın sonlarında Avrupa'da yapılan çalışmalarla bilim dünyasına kazandırılmış ve kısa süre içerisinde farklı kıtalarda rapor edilmiştir. Adolf Mayer (1886) tarafından enfeksiyöz karakteri ortaya konulan etkenin, Dmitri Ivanovsky (1892) ve Martinus Beijerinck (1898) tarafından yapılan çalışmalarla filtre edilebilir ve çoğalabilen bir ajan olduğu anlaşılmış; bu gelişmeler virüslerin küresel ölçekte araştırılmasının önünü açmıştır. 20. yüzyılın başlarından itibaren tütün ticareti, bitki materyali hareketleri ve insan faaliyetleri aracılığıyla TMV'nin Avrupa'dan Amerika kıtasına, ardından Asya ve diğer üretim bölgelerine yayıldığı bildirilmiştir. Özellikle enfekteli bitki materyalinin taşınması ve mekanik bulaşma yolunun etkinliği, virüsün kısa sürede farklı

agroekolojik koşullara adapte olmasını sağlamıştır. TMV'nin son derece dayanıklı partikül yapısı, kurumuş bitki dokularında ve kontamine yüzeylerde uzun süre enfektivitesini koruyabilmesine olanak tanımış ve bu durum, virüsün küresel ölçekte kalıcı hale gelmesinde temel faktörlerden biri olmuştur (Agrios, 2005; Hull, 2014; EPPO, 2023).

TMV, dünya genelinde en geniş yayılım gösteren bitki virüslerinden biri olup, özellikle Solanaceae türlerinin yetiştirildiği tüm üretim bölgelerinde varlığı rapor edilmiştir (Hull, 2014; EPPO, 2023). Virüsün bu geniş coğrafi dağılımı, yüksek çevresel stabilitesi ve mekanik bulaşma etkinliği ile yakından ilişkilidir. TMV, enfekteli bitki artıkları, kontamine tohum ve fide materyali ile tarımsal ekipmanlar aracılığıyla kolaylıkla taşınabilmekte; ayrıca insan faaliyetleri yoluyla üretim alanları arasında hızla yayılabilmektedir (Zaitlin & Palukaitis, 2000; Agrios, 2005).

Virüsün partikül yapısının son derece dayanıklı olması, kurumuş bitki dokularında ve tarımsal yüzeylerde uzun süre enfektivitesini koruyabilmesine olanak tanımakta ve bu durum, TMV'nin üretim sezonları arasında kalıcılığını artırarak epidemiyolojik açıdan önemli bir inokulum kaynağı oluşturmasına neden olmaktadır (Hull, 2014). Bu özellikler, TMV'nin hem açık alan hem de örtü altı yetiştiricilik sistemlerinde küresel ölçekte kalıcı bir tehdit olarak varlığını sürdürmesine katkı sağlamaktadır.

Bu küresel yayılım özellikleri dikkate alındığında, TMV'nin Türkiye'de özellikle yoğun sebze ve tütün üretiminin yapıldığı bölgelerde kalıcı olarak varlığını sürdürmesi beklenen bir durumdur. Nitekim Türkiye'de yürütülen çalışmalar, TMV'nin farklı konukçu bitkilerde ve üretim sistemlerinde değişen oranlarda saptandığını, ancak çoğu zaman diğer virüslerle birlikte karışık enfeksiyonlar halinde bulunduğunu ortaya koymaktadır. Özellikle mekanik bulaşmanın yaygın olduğu örtü altı yetiştiricilik sistemleri ile yoğun

iş gücüne dayalı üretim alanlarında, virüsün hızla yayılabildiği ve epidemiyolojik açıdan önemli bir risk oluşturduğu bildirilmektedir.

Konukçular

TMV, bilinen en geniş konukçu aralığına sahip bitki virüslerinden biri olup, başta Solanaceae olmak üzere çok sayıda bitki familyasını enfekte edebilmektedir (Tablo 1). Literatürde TMV'nin konukçu sayısına ilişkin farklı veriler bulunmakta olup, bazı çalışmalarda virüsün yaklaşık 65 familyaya ait 200'e yakın bitki türünü enfekte edebildiği bildirilirken, diğer kaynaklarda bu sayının daha geniş olduğu ifade edilmektedir (Hull, 2014; EPPO, 2023). Bu farklılıklar, yeni konukçu kayıtlarının sürekli artması ve deneysel konukçular ile doğal konukçular arasındaki ayrımdan kaynaklanmaktadır.

TMV'nin başlıca ekonomik öneme sahip konukçuları Solanaceae familyasına ait türler olup, özellikle tütün (*Nicotiana tabacum*), domates (*Solanum lycopersicum*), biber (*Capsicum annuum*) ve patlıcan (*Solanum melongena*) gibi kültür bitkilerinde önemli kayıplara yol açmaktadır. Bunun yanı sıra, Cucurbitaceae, Fabaceae ve Amaranthaceae gibi farklı familyalara ait bazı türlerin de TMV tarafından enfekte edilebildiği bilinmektedir (Scholthof, 2005; Hull, 2014; CABI, 2024).

Ayrıca TMV, çok sayıda yabancı ot türünde latent veya belirgin enfeksiyonlar oluşturabilmekte ve bu bitkiler virüs için önemli rezervuar konukçular olarak görev yaparak hastalığın epidemiyolojisinde kritik rol oynamaktadır. Bu nedenle, TMV'nin geniş konukçu aralığı, virüsün farklı agroekolojik koşullarda kalıcılığını ve yayılım potansiyelini artıran temel faktörlerden biri olarak değerlendirilmektedir.

Tablo 1. Tobacco mosaic virus (TMV)'nin doğal ve deneysel konukçuları (Scholthof 2004; Agrios,2005; Hull, 2014; EPPO,2023). *

Familya	**Tür (Bilimsel Ad)**	**Yaygın Ad**	**Konukçu Tipi**	**Önemi / Not**
Solanaceae	*Nicotiana tabacum*	Tütün	Doğal	Ana konukçu, model sistem
Solanaceae	*Nicotiana glutinosa*	Tütün	İndikatör bitki	Hipersensitif reaksiyon
Solanaceae	*Solanum lycopersicum*	Domates	Doğal	Yüksek ekonomik kayıp
Solanaceae	*Capsicum annuum*	Biber	Doğal	Yaygın konukçu
Solanaceae	*Solanum melongena*	Patlıcan	Doğal	Orta düzey duyarlılık
Amaranthaceae	*Amaranthus retroflexus*	Horoz ibiği	Doğal (yabancı ot)	Önemli rezervuar
Malvaceae	*Hibiscus trionum*	Yabani bamya	Doğal (yabancı ot)	Yeni konukçu raporları
Cucurbitaceae	*Cucumis sativus*	Hıyar	Deneysel	Sınırlı doğal enfeksiyon
Fabaceae	*Phaseolus vulgaris*	Fasulye	Deneysel	Mekanistik çalışmalar
Chenopodiaceae	*Chenopodium amaranticolor*	—	İndikatör bitki	Lokal lezyon testi

**TMV'nin konukçu aralığı literatüre bağlı olarak değişmekte olup, yeni konukçu kayıtları ile sürekli genişlemektedir.*

Türkiye'deki yayılımına baktığımızda ise, TMV özellikle tütün ve sebze üretiminin yoğun olarak yapıldığı bölgelerde yaygın olarak bulunan ve farklı konukçu bitkilerde değişen oranlarda saptanan önemli bir virüstür. Virüsün ülke genelindeki dağılımı, üretim sistemleri, konukçu bitki çeşitliliği ve uygulanan kültürel işlemler ile yakından ilişkilidir. Özellikle mekanik bulaşmanın yaygın olduğu örtü altı ve açık alan üretim sistemlerinde TMV'nin hızlı yayılım gösterebildiği; buna karşın bazı bölgelerde diğer tobamovirus türleri ile rekabet halinde daha düşük prevalans sergileyebildiği bildirilmektedir (Tablo 2).

Tablo 2. Türkiye'de farklı konukçularda Tobacco mosaic virus (TMV) varlığına ilişkin çalışmalar *

Konukçu Bitki	**Bilimsel Ad**	**Bölge / İl**	**Enfeksiyon Tipi**	**Not / Bulgular**	**Kaynak**
Biber	*Capsicum annuum*	Samsun	Tekli + karışık	TMV+PVY yaygın	Arlı-Sökmen vd., 2005
Biber	*Capsicum annuum*	Erzincan, Artvin	Tekli + karışık	TMV varlığı doğrulandı	Bostan & Dursun, 2011
Biber	*Capsicum annuum*	Doğu Akdeniz (Adana, Mersin vb.)	Düşük, karışık	%1,08 TMV	Öztürk & Baloğlu, 2019
Domates	*Solanum lycopersicum*	Kırşehir	Karışık enfeksiyon	ToMV baskın, TMV düşük	Çandar vd., 2026
Tütün	*Nicotiana tabacum*	Samsun	Yüksek yaygınlık	%40,3 TMV	Erdem, 2010
Tütün	*Nicotiana tabacum*	Adıyaman	Düşük + karışık	%5,5 TMV, CMV ile	Günay & Usta, 2020
Tütün	*Nicotiana tabacum*	Batı Anadolu	Düşük	%3,33–10,7 TMV	Karanfil vd., 2023; Zelyüt vd., 2025
Yabancı ot rezervuar	*Amaranthus retroflexus*	Samsun	Doğal	Çoklu virüs taşıyıcı	Arlı-Sökmen vd., 2005
Yabancı ot rezervuar	*Hibiscus trionum*	Samsun	Doğal	Yeni konukçu	Arlı-Sökmen vd., 2005

Türkiye'de TMV'nin konukçu aralığı ve yaygınlığı, bölge, üretim sistemi ve diğer virüslerle etkileşimlere bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. TMV çoğu durumda tekli enfeksiyonlardan ziyade karışık enfeksiyonlar içinde yer almaktadır.

Son yıllarda yapılan çalışmalar, TMV'nin çoğunlukla tek başına enfeksiyonlardan ziyade diğer virüslerle birlikte karışık enfeksiyonlar içinde yer aldığını ve bu durumun hastalığın epidemiyolojisini daha karmaşık hale getirdiğini ortaya koymaktadır.

Taşınma yolları

TMV, bitki virüsleri arasında en etkin mekanik bulaşma kapasitesine sahip etmenlerden biri olup, başlıca enfekteli bitki dokuları ile doğrudan temas sonucu yayılmaktadır. Virüs, kontamine tohum ve fide materyali, bitki artıkları, tarımsal ekipmanlar, işçi teması ve kültürel işlemler sırasında kolaylıkla taşınabilmektedir. TMV partiküllerinin yüksek çevresel stabilitesi, kurumuş bitki dokularında ve yüzeylerde uzun süre enfektivitesini koruyabilmesine olanak tanımakta ve bu durum, üretim sezonları arasında inokulum kaynağının devamlılığını sağlamaktadır (Agrios, 2005; Hull, 2014).

TMV başlıca mekanik bulaşma yoluyla taşınmakta olup, bilinen gerçek bir vektörü bulunmamaktadır. Virüs, enfekteli bitki dokuları ile doğrudan temas, tarımsal ekipmanlar, işçi faaliyetleri ve kontamine yüzeyler aracılığıyla kolaylıkla yayılabilmektedir. Ayrıca, toprakta bulunan virüs partikülleri ve enfekteli bitki kalıntıları kökler aracılığıyla enfeksiyon kaynağı oluşturabilmektedir.

TMV'nin tohum ve polen yoluyla taşınmadığı genel olarak kabul edilmekle birlikte, virüsün tohum kabuğunda bulunabildiği ve özellikle çimlenme sırasında oluşan yaralanmalar yoluyla nadiren enfeksiyon oluşturabildiği bildirilmektedir. Bunun yanı sıra, bazı çiğneyici böceklerin virüsü mekanik olarak taşıyabildiği, ancak bu

durumun epidemiyolojik açıdan sınırlı öneme sahip olduğu belirtilmektedir. Ayrıca TMV'nin *Cuscuta* türleri aracılığıyla taşınabildiği, ancak bu konukçuda çoğalmadığı ifade edilmektedir (Broadbent & Fletcher, 1963; Broadbent, 1965; Lojek & Orlob, 1969; Hosford, 1967; Harris & Bradley, 1973).

TMV'nin vektörle taşınmadığı bilinmekle birlikte, insan faaliyetleri virüsün yayılımında en önemli faktörlerden biri olarak kabul edilmektedir. Ayrıca yabancı otlar ve enfekteli bitki kalıntıları, virüsün tarla ve sera koşullarında kalıcılığını artırarak epidemiyolojik açıdan kritik rol oynamaktadır (Tablo 3).

Tablo 3. Tobacco mosaic virus (TMV)'nin başlıca taşınma yolları ve özellikleri (Scholthof, 2004; Hull, 2014; EPPO, 2023; CABI, 2024).

Taşınma Yolu	**Açıklama**	**Epidemiyolojik Önemi**
Mekanik bulaşma	Bitki teması, budama, hasat, elle temas	En önemli yayılım yolu
Tohum ile taşınma	Tohum yüzeyinde virüs bulunabilir	Uzun mesafeli yayılım
Fide / bitki materyali	Enfekteli fide kullanımı	Primer inokulum kaynağı
Tarım aletleri	Bıçak, makas, ekipmanlar	Hızlı yayılım
Bitki artıkları	Kurumuş dokularda uzun süre canlılık	Sekonder inokulum
Yabancı otlar	Doğal rezervuar konukçular	Epidemiyolojik süreklilik
İnsan faaliyetleri	İş gücü, taşıma, temas	Yayılımı hızlandırır
Vektörler	Yok (bilinmiyor)	TMV için geçerli değil

Simptomatoloji

TMV enfeksiyonları, konukçu bitki türüne, çeşide, virüs izolatına ve çevresel koşullara bağlı olarak değişkenlik göstermekle birlikte, genellikle yapraklarda mozaik, kloroz ve deformasyon en karakteristik belirtiler arasında yer almaktadır (Şekil 3). En tipik belirti, açık ve koyu yeşil alanların düzensiz dağılımı ile oluşan "mozaik" görünümüdür. Bunun yanı sıra beneklenme (mottling), yapraklarda daralma, kıvrılma, kabarcıklı yapı (blistering) ve bazı durumlarda nekrotik lekeler de gözlenebilmektedir (Scholthof, 2004; Agrios, 2005; Hull, 2014).

Simptomların şiddeti ve tipi; bitkinin enfeksiyon yaşı, çevresel koşullar, virüsün ırkı ve konukçunun genetik yapısına bağlı olarak önemli ölçüde değişmektedir (Tablo 4). İleri enfeksiyon durumlarında bitkilerde bodurluk, internod kısalması ve genel gelişme geriliği ortaya çıkarken, özellikle domates ve biber gibi ekonomik öneme sahip konukçularda verim kaybı, meyve deformasyonları, gecikmiş olgunlaşma ve düzensiz renk oluşumu gibi kalite problemleri meydana gelebilmektedir (Scholthof, 2004; Agrios, 2005).

TMV enfeksiyonunun fizyolojik etkileri arasında fotosentetik pigmentlerde azalma, su dengesinde bozulma ve metabolik değişiklikler yer almakta; bu durum bitkinin genel performansını olumsuz yönde etkilemektedir. Ayrıca enfeksiyonun bitki büyüme parametrelerini azalttığı ve stres göstergesi olarak prolin içeriğini artırdığı bildirilmektedir (Zaitlin & Palukaitis, 2000; Pazarlar vd., 2013).

Bununla birlikte bazı konukçu bitkilerde veya belirli çevresel koşullar altında enfeksiyon latent seyredebilmekte ve belirgin simptomlar ortaya çıkmayabilmektedir; bu durum, hastalığın fark edilmeden yayılmasına katkı sağlayan önemli bir epidemiyolojik faktör olarak değerlendirilmektedir (Scholthof, 2004; Hull, 2014).

Tablo 4. TMV enfeksiyonlarında gözlenen simptomların sınıflandırılması

Simptom Grubu	**Belirtiler**	**Açıklama / Etki**	**Kaynak**
Yaprak belirtileri	Mozaik, beneklenme (mottling), kloroz, yaprak kıvrılması, blistering	En tipik belirtiler; açık–koyu yeşil alanlar ve deformasyonlar	Scholthof, 2004 Scholthof, 2005; Agrios, 2005; Hull, 2014;
Nekrotik belirtiler	Lokal veya sistemik nekrozlar	Bazı suşlarda ve hassas konukçularda görülür	Scholthof, 2005
Bitki gelişimi	Bodurluk, internod kısalması	Bitki gelişiminde genel gerileme	Agrios, 2005
Meyve belirtileri	Şekil bozukluğu, renk düzensizliği, gecikmiş olgunlaşma	Özellikle domateste kalite ve verim kaybı	Scholthof, 2004; Scholthof, 2005
Fizyolojik etkiler	Klorofil azalması, RWC düşüşü, prolin artışı	Fotosentez ve stres metabolizması etkilenir	Zaitlin & Palukaitis, 2000 Pazarlar vd., 2013
Latent enfeksiyon	Belirti yok	Gizli enfeksiyon; epidemiyolojik risk oluşturur	Hull, 2014

Şekil 3. Tobacco mosaic virus (TMV) enfeksiyonu sonucu oluşan karakteristik simptomlar. Enfekteli bitkilerde mozaik desen, beneklenme (mottling), kloroz, yaprak kıvrılması ve kabarcıklaşma (blistering) gözlenmektedir. Görsel, Dr. Mustafa USTA'nın izni ile kullanılmıştır.



Teşhis

TMV'nin teşhisi, hastalığın doğru yönetimi ve yayılımının önlenmesi açısından kritik öneme sahiptir. TMV enfeksiyonlarının belirlenmesinde klasik biyolojik yöntemlerden ileri moleküler tekniklere kadar çeşitli yaklaşımlar kullanılmaktadır (Scholthof, 2004; Hull, 2014).

Görsel ve Biyolojik Teşhis

TMV enfeksiyonu, bitkilerde karakteristik simptomlar oluşturur. Ancak bu simptomlar çevresel koşullara, konukçu bitkiye ve virüs izolatına bağlı olarak değişkenlik gösterebilir (Scholthof, 2004). Görsel ve biyolojik teşhiste kullanılan yöntemler arasında **s**imptom gözlemi ve indikatör bitkilerle biyolojik testler yer almaktadır.

TMV'nin biyolojik teşhisinde kullanılan konukçu bitkiler, virüsün oluşturduğu lokal ve sistemik simptomlara göre değerlendirilmektedir. TMV'nin konukçu aralığı ve oluşturduğu

karakteristik simptomlar detaylı olarak tanımlanmıştır (Zaitlin, 2000).

Başlıca diagnostik bitkiler arasında *Nicotiana tabacum*'un Turkish, Turkish Samsun, Samsun (Samsoun), White Burley, Burley ve Xanthi çeşitleri yer almaktadır. Bu bitkilerde inokulasyondan yaklaşık 3–4 gün sonra genç sistemik yapraklarda damar açılması (vein clearing) gözlenmekte, bunu açık yeşil–koyu yeşil mozaik simptomları, yaprak deformasyonları ve kabarcıklaşma (blistering) izlemektedir (Zaitlin, 2000; Hull, 2014).

Azot düzeyinin düşük olduğu koşullarda inokule edilen yapraklarda yalnızca zayıf klorotik lekeler oluşabilmektedir. Bitkilerin genç dönemde enfekte olması durumunda ise gelişme geriliği (bodurluk) ortaya çıkabilmektedir (Zaitlin, 2000).

Nicotiana glutinosa, *Nicotiana tabacum* cvs. Samsun NN, Xanthi NN ve Xanthi-nc gibi N genotipine sahip bitkiler ile *Chenopodium amaranticolor*, *Chenopodium quinoa* ve *Phaseolus vulgaris* cv. Pinto türlerinde, enfeksiyon bölgelerinde lokal nekrotik lezyonlar oluşmaktadır. Bu reaksiyonlar genellikle hipersensitif yanıt (HR) ile ilişkilidir (Hull, 2014).

Bu bitkilerde enfeksiyon çoğunlukla 28 °C'nin altındaki sıcaklıklarda lokal kalmakta, ancak sıcaklığın yükselmesi ve ardından düşmesi durumunda sistemik nekrotik hastalık gelişebilmektedir (Zaitlin, 2000).

Nicotiana clevelandii ve *Nicotiana benthamiana* türlerinde lokal nekrozu takiben sistemik nekroz ve bitki ölümü gözlenebilmektedir (Hull, 2014).

Görsel teşhis hızlı ve düşük maliyetli olmakla birlikte spesifik değildir ve farklı virüslerle karışabilmektedir (Hull, 2014).

TMV'nin çoğaltılması amacıyla genellikle *Nicotiana tabacum*'un Turkish, Turkish Samsun, Samsun veya Xanthi (nn genotipi) çeşitleri kullanılmaktadır (Zaitlin, 2000).

Lokal lezyon testlerinde en yaygın olarak kullanılan bitkiler arasında ise *Nicotiana glutinosa Nicotiana tabacum* cvs. Xanthi nc, Xanthi NN, Samsun NN *Phaseolus vulgaris* cv. Pinto *Chenopodium amaranticolor Chenopodium quinoa* yer almaktadır. Bu bitkiler, TMV'nin varlığının hızlı ve güvenilir şekilde belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Zaitlin, 2000; Hull, 2014).

Serolojik Yöntemler

TMV'nin teşhisinde yaygın olarak kullanılan serolojik yöntemlerin başında ELISA gelmektedir. Bu yöntem, virüs partiküllerinin antijenik özelliklerine dayanarak spesifik antikorlar aracılığıyla tespit edilmesini sağlar (Hull, 2014; CABI, 2024). Özellikle DAS-ELISA ve TAS-ELISA gibi varyantlar, çok sayıda örneğin kısa sürede analizine olanak tanıması nedeniyle rutin tanı çalışmalarında yaygın olarak tercih edilmektedir. Bununla birlikte, serolojik yöntemler pratik ve ekonomik olmalarına rağmen, düşük virüs yoğunluklarında duyarlılıklarının sınırlı olabileceği bildirilmektedir (CABI, 2024).

TMV, güçlü bir immünojen olması nedeniyle, saflaştırılmış virüs partiküllerinin deney hayvanlarına (genellikle tavşanlara) enjekte edilmesiyle yüksek titreli antiserumların kolaylıkla elde edilebildiği bir virüstür (van Regenmortel, 1982). Bu özellik, TMV'nin serolojik yöntemlerle teşhisinde model virüslerden biri olarak yaygın biçimde kullanılmasını sağlamıştır.

Klasik serolojik yöntemler arasında çift jel difüzyon (double diffusion), presipitin ve mikro-presipitin testleri yer almakta olup, bu teknikler virüs–antikor etkileşimine dayanmaktadır (van Regenmortel, 1982). Ancak bu yöntemler zamanla daha yüksek

duyarlılık ve hız sağlayan tekniklerle büyük ölçüde yer değiştirmiştir.

Günümüzde enzimle etiketli immünosorbent analiz (ELISA), bitki virüslerinin teşhisinde en yaygın kullanılan serolojik yöntemlerden biri olup, düşük konsantrasyonlardaki virüslerin tespitine olanak sağlamaktadır (Clark & Adams, 1977). Buna ek olarak, immünosorbent elektron mikroskobu (ISEM) ve immünodot blot gibi teknikler de tanı amaçlı kullanılan diğer önemli immünolojik yöntemler arasında yer almaktadır (CABI, 2024).

Moleküler Yöntemler

TMV, pozitif polariteli tek iplikli RNA genomuna sahip olduğundan, teşhisinde ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PCR) yaygın olarak kullanılmaktadır (Jacobi vd., 1998; Letschert vd., 2002; Hull, 2014). Bu yöntemde viral RNA önce komplementer DNA'ya (cDNA) dönüştürülmekte, ardından spesifik primerler kullanılarak hedef bölge amplifiye edilmektedir.

TMV'nin moleküler teşhisinde en yaygın kullanılan yaklaşımların başında, virüs genomunun belirli bölgelerini hedefleyen ters transkripsiyon-polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PCR) analizleri gelmektedir. Bu kapsamda özellikle kapsid protein (CP) gen bölgesi, hem genom içerisinde yüksek derecede korunmuş sekanslar içermesi hem de tür ve izolat düzeyinde ayırt edici nükleotid varyasyonları barındırması nedeniyle tanısal çalışmalarda sıklıkla tercih edilmektedir. Tobamoviruslarda CP genine yönelik tasarlanan primerler ile gerçekleştirilen RT-PCR uygulamaları, virüsün hassas ve özgül şekilde tespitine olanak sağlamakta, ayrıca gerektiğinde restriksiyon analizi veya dizi analizi ile türler arası ayrım da yapılabilmektedir. Bu yönüyle CP geni, hem rutin tanı hem de moleküler karakterizasyon çalışmalarında güvenilir bir hedef bölge olarak kabul edilmektedir (Letschert vd., 2002; Hull, 2014). RT-PCR yöntemi, yüksek duyarlılık ve özgüllüğe sahip olup düşük

virüs yoğunluklarında dahi güvenilir sonuçlar vermektedir (EPPO, 2023). Bu özellik, özellikle latent enfeksiyonların belirlenmesinde yöntemi vazgeçilmez kılmaktadır (EPPO, 2023).

Gerçek zamanlı PCR (qPCR) teknikleri ise amplifikasyon sürecini eş zamanlı olarak izlemeye olanak tanıyarak virüs miktarının kantitatif olarak belirlenmesini sağlar ve erken teşhis çalışmalarında önemli avantajlar sunar (EPPO, 2023).

Elektron Mikroskobu (EM)

Elektron mikroskobu, TMV partiküllerinin karakteristik çubuk şeklindeki morfolojisinin doğrudan gözlenmesine olanak sağlamaktadır. Negatif boyama teknikleri kullanılarak virüs partikülleri belirgin şekilde görüntülenebilmektedir (Hull, 2014). Ancak bu yöntem, nispeten düşük duyarlılığı ve yüksek maliyeti nedeniyle rutin teşhislerde sınırlı kullanım alanına sahiptir.

Yeni Nesil ve İleri Teknikler

Son yıllarda TMV teşhisinde daha hızlı, hassas ve kapsamlı sonuçlar sağlayan ileri teknikler geliştirilmiştir. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP), yeni nesil dizileme (NGS) ve CRISPR tabanlı tanı sistemleri bu yöntemler arasında yer almakta olup, özellikle yüksek duyarlılık ve geniş kapsamlı analiz imkânı sunmaları nedeniyle dikkat çekmektedir (CABI, 2024).

TMV teşhisinde kullanılan yöntemler, duyarlılık, özgüllük, maliyet ve uygulama kolaylığı açısından önemli farklılıklar göstermektedir. Bu yöntemlerin hassasiyet, spesifiklik ve uygulama özellikleri, literatürde bildirilen verilere dayanarak karşılaştırmalı olarak özetlenmiştir (Tablo 5) (Hull, 2014; EPPO, 2023; CABI, 2024).

Tablo 5. TMV teşhis yöntemlerinin karşılaştırılması

Yöntem	Hassasiyet	Spesifiklik	Avantaj	Dezavantaj
Görsel teşhis	Düşük	Çok düşük	Hızlı	Yanıltıcı olabilir
ELISA	Orta	Orta–yüksek	Ekonomik ve çoklu örnek analizine uygun	Düşük virüs yoğunluğunda duyarlılık azalır
RT-PCR	Yüksek	Çok yüksek	Yüksek duyarlılık ve özgüllük	Cihaz ve uzmanlık gerektirir
qPCR	Çok yüksek	Çok yüksek	Kantitatif (virüs miktarını belirler)	Yüksek maliyetli cihaz ve sarf gerektirir
EM	Düşük–orta	Yüksek	Direkt gözlem	Pahalı ve uzmanlık gerektirir
NGS	Çok yüksek	Çok yüksek	Geniş spektrumlu (bilinen ve bilinmeyen etmenleri kapsar)	Yüksek maliyet ve biyoinformatik analiz gerektirir

Geleneksel yöntemler (görsel teşhis ve biyolojik indeksleme), hızlı ve düşük maliyetli olmalarına rağmen düşük özgüllükleri nedeniyle tek başlarına güvenilir sonuçlar sunmamaktadır. Buna karşılık serolojik yöntemler, özellikle ELISA, çok sayıda örneğin taranmasında pratik ve ekonomik bir yaklaşım sağlamaktadır; ancak düşük virüs titrelerinde yalancı negatif sonuç verme olasılığı bulunmaktadır (Hull, 2014; CABI, 2024).

Moleküler yöntemler, özellikle RT-PCR ve gerçek zamanlı PCR (qPCR) teknikleri, yüksek duyarlılık ve özgüllükleri ile TMV teşhisinde öne çıkmaktadır. Bu yöntemler, latent enfeksiyonların ve düşük yoğunluklu virüs varlığının tespitinde kritik öneme sahiptir

(EPPO, 2023). Bununla birlikte, bu tekniklerin uygulanabilmesi ileri düzey laboratuvar altyapısı ve teknik uzmanlık gerektirmektedir.

Elektron mikroskobu, virüs partiküllerinin morfolojisinin doğrudan gözlenmesine imkân tanımasına rağmen, düşük duyarlılığı ve yüksek maliyeti nedeniyle rutin teşhis açısından sınırlı kullanım alanına sahiptir.

Son yıllarda geliştirilen izotermal amplifikasyon yöntemleri (LAMP) ve yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileri, hızlı ve yüksek hassasiyetli teşhis imkânı sunmaktadır. Özellikle çoklu patojenlerin eş zamanlı tespiti ve epidemiyolojik analizler açısından bu yöntemler önemli avantajlar sağlamaktadır (CABI, 2024).

Sonuç olarak, TMV teşhisinde en güvenilir yaklaşım, farklı yöntemlerin entegre şekilde kullanılmasıdır. Tarama aşamasında ELISA'nın, doğrulama aşamasında ise RT-PCR veya qPCR tekniklerinin kullanılması hem ekonomik hem de bilimsel açıdan en uygun strateji olarak değerlendirilmektedir.

Epidemiyoloji

TMV, geniş konukçu aralığı ve yüksek çevresel stabilitesi nedeniyle dünya genelinde yaygın olarak bulunan ve ekonomik öneme sahip bir bitki virüsüdür (Hull, 2014; CABI, 2024). Virüsün epidemiyolojisi büyük ölçüde bulaşma yolları, konukçu çeşitliliği ve çevresel faktörlerin etkileşimi ile şekillenmektedir.

TMV'nin başlıca bulaşma yolu mekanik olup, enfekteli bitki dokularından sağlıklı bitkilere temas yoluyla kolaylıkla aktarılabilmektedir. Tarımsal uygulamalar sırasında kullanılan aletler, işçi teması, fide şaşırtma ve hasat işlemleri bulaşmada önemli rol oynamaktadır. Virüsün yüksek dayanıklılığı, bitki artıkları ve kontamine yüzeylerde uzun süre enfektif kalabilmesine olanak tanımakta ve epidemilerin sürekliliğini artırmaktadır (Scholthof, 2004; Hull, 2014). Ayrıca TMV'nin tohumla taşınabildiği ve bu yolla

uzun mesafeli yayılımda rol oynayabildiği bildirilmektedir (CABI, 2024).

TMV'nin konukçu aralığı oldukça geniş olup başta Solanaceae familyası üyeleri olmak üzere birçok kültür ve yabancı ot türünü enfekte edebilmektedir. Yabancı otlar ve alternatif konukçular virüs için rezervuar görevi görmekte ve üretim alanlarında sürekli bir inokulum kaynağı oluşturmaktadır (Agrios, 2005; Hull, 2014). Bu durum, özellikle üretim sezonları arasında virüsün varlığını sürdürebilmesine katkı sağlamaktadır.

Çevresel faktörler, TMV enfeksiyonlarının gelişiminde önemli rol oynamaktadır. Sıcaklık, ışık şiddeti ve bitkinin fizyolojik durumu hem virüs çoğalmasını hem de simptom gelişimini etkilemektedir. Yüksek sıcaklıkların bazı durumlarda simptomları baskılayabildiği, ancak virüs replikasyonunu tamamen engellemediği bildirilmektedir (Hull, 2014). Bu durum, latent enfeksiyonların gözden kaçmasına ve epidemiyolojik açıdan risk oluşturmasına neden olabilmektedir.

TMV epidemileri, özellikle yoğun üretim sistemlerinde hızlı yayılım gösterebilmekte ve kısa sürede yüksek enfeksiyon oranlarına ulaşabilmektedir. Enfeksiyonun erken dönemde başlaması durumunda verim ve kalite kayıpları daha belirgin hale gelmektedir (Scholthof, 2004). Bu bağlamda, farklı gelişme dönemlerinde TMV ile enfekte edilen domates bitkilerinde enfeksiyon zamanının hastalığın şiddeti ve ekonomik etkisi üzerinde belirleyici olduğu gösterilmiştir. Enfeksiyonun erken dönemlerde gerçekleşmesi durumunda meyve tutumunun azaldığı, geç dönem enfeksiyonlarında ise meyve kalitesinin ciddi şekilde bozulduğu; ayrıca enfeksiyon zamanına bağlı olarak %10–23 arasında değişen verim kayıplarının oluştuğu bildirilmiştir. Geç enfeksiyonlarda nekrotik lekelenme ve bronzlaşma gibi kalite kusurlarının daha yaygın olduğu da ortaya konmuştur (Broadbent, 1965). Bu bulgular, epidemiyolojik süreçte enfeksiyon zamanının kritik bir faktör

olduğunu göstermektedir. Bu nedenle epidemiyolojik yönetimde erken teşhis, hijyen önlemleri ve enfekte bitki materyalinin uzaklaştırılması temel stratejiler arasında yer almaktadır (EPPO, 2023).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

TMV, yüksek stabilitesi, geniş konukçu aralığı ve özellikle mekanik yolla kolaylıkla taşınabilmesi nedeniyle mücadele edilmesi zor bitki virüslerinden biridir. Virüsün enfekte bitkilerden tamamen elimine edilmesine yönelik etkili ve pratik bir kimyasal tedavi yönteminin bulunmaması, mücadele stratejilerinin büyük ölçüde önleyici ve entegre yaklaşımlar üzerine kurulmasını zorunlu kılmaktadır (Luvisi vd., 2017).

TMV enfeksiyonunun bitkiler üzerinde önemli fizyolojik ve morfolojik değişimlere yol açtığı bilinmektedir. Enfekteli bitkilerde büyüme geriliği, biyokütle ve klorofil içeriğinde azalma, relatif su içeriğinde düşüş ve prolin düzeyinde artış gözlenmekte; ayrıca mozaik, nekroz, bodurlaşma ve meyve küçülmesi gibi tipik simptomlar ortaya çıkmaktadır. Bitki çeşitleri arasında enfeksiyona verilen yanıtın değişkenlik göstermesi, mücadelede dayanıklı veya toleranslı çeşit kullanımının temel stratejilerden biri olduğunu ortaya koymaktadır (Pazarlar vd., 2013).

TMV'nin yayılmasında en kritik faktör mekanik bulaşmadır. Virüs, enfekteli bitkilerden sağlıklı bitkilere özellikle işçi hareketleri, alet-ekipman ve bitkiler arası temas yoluyla hızla taşınabilmektedir. Bu nedenle üretim alanlarında hijyen ve sanitasyon uygulamaları büyük önem taşımaktadır. Enfekte bitkilerle temas eden ellerin ve aletlerin %3 trisodyum fosfat gibi dezenfektanlarla temizlenmesi virüs partiküllerinin inaktivasyonunda etkili bulunmuştur. Bununla birlikte, virüsün özellikle tırnak altı gibi alanlardan tamamen uzaklaştırılmasının zor olduğu ve bu nedenle hijyen uygulamalarının süreklilik gerektirdiği

bildirilmektedir (Broadbent, 1963). Ayrıca, üretim alanlarında çalışan personelin virüsü enfekteli seralardan sağlıklı alanlara taşıyabildiği ve virüsün giriş yaptıktan sonra hızla yayıldığı da ortaya konmuştur (Broadbent & Fletcher, 1966).

TMV'nin epidemiyolojisinde tohumlar ve bitki artıkları önemli inokulum kaynaklarıdır. Virüsün tohum kabuğu ve endospermde bulunabildiği, bazı durumlarda uzun yıllar canlılığını koruyabildiği belirlenmiştir. Bu nedenle tohum sağlığı ve tohum dezenfeksiyonu mücadelede kritik bir basamaktır. Konsantre hidroklorik asit uygulamaları, trisodyum fosfat ve deterjan çözeltileri ile yapılan işlemler tohum yüzeyindeki virüsün inaktivasyonunda etkili bulunmuştur. Ayrıca kuru ısı uygulamalarının (yaklaşık 70 °C'de birkaç gün) bazı durumlarda iç enfeksiyonu da azaltabildiği bildirilmektedir (Broadbent, 1965).

Kültürel önlemler TMV ile mücadelede en etkili yöntemler arasında yer almaktadır. Enfekteli bitkilerin erken dönemde ortamdan uzaklaştırılması, bitki artıklarının imha edilmesi ve üretim alanlarında hijyenin sağlanması virüsün yayılımını önemli ölçüde sınırlandırmaktadır. Bununla birlikte, toprak sterilizasyonu ve besin uygulamalarının verim ve kalite üzerine sınırlı etkiler gösterdiği, ancak bazı durumlarda meyve sayısı ve kalitesinde iyileşmeler sağlayabildiği bildirilmiştir (Broadbent & Winsor, 1964).

Son yıllarda TMV ile mücadelede kimyasal ve biyolojik ajanlara yönelik çalışmalar artış göstermiştir. Bitkisel ekstraktlar, doğal bileşikler ve sentetik antiviral maddeler üzerinde yapılan araştırmalar umut verici sonuçlar ortaya koymakla birlikte, bu bileşiklerin etki mekanizmalarının tam olarak aydınlatılamamış olması ve tarla koşullarındaki etkinliklerinin sınırlı olması nedeniyle henüz pratik uygulamada yaygın olarak kullanılmamaktadır (Luvisi vd., 2017).

Sonuç olarak, TMV ile mücadelede başarı, tek bir yönteme değil; sağlıklı tohum kullanımı, hijyen ve sanitasyon önlemleri, kültürel uygulamalar ve dayanıklı çeşitlerin birlikte uygulanmasına dayanan entegre bir stratejiye bağlıdır. Bu bütüncül yaklaşım, virüsün yayılmasını sınırlandırmakta ve ekonomik kayıpların azaltılmasında en etkili yöntem olarak öne çıkmaktadır.

Kaynaklar

Abo-Zaid, G., Matar, S., & Abdelkhalek, A. (2020). Induction of Plant Resistance against Tobacco Mosaic Virus Using the Biocontrol Agent Streptomyces cellulosae Isolate Actino 48. *Agronomy*. https://doi.org/10.3390/agronomy10111620.

Agrios, G. N. (2005). Plant pathology (5th ed.). Elsevier Academic Press.

Alishiri, A., Rakhshandehroo, F., Zamanizadeh, H., & Palukaitis, P. (2013). Prevalence of Tobacco mosaic virus in Iran and Evolutionary Analyses of the Coat Protein Gene. *The Plant Pathology Journal*, 29, 260 – 273. https://doi.org/10.5423/ppj.oa.09.2012.0145.

Arlı-Sökmen, M., Mennan, H., Şevik, M. A., & Ecevit, O. (2005). Occurrence of viruses in field-grown pepper crops and some of their reservoir weed hosts in Samsun, Turkey. *Phytoparasitica,* 33(4), 347–358. https://doi.org/10.1007/BF02981301

Basit, A., Farhan, M., Mo, W., Ding, H., Ikram, M., Farooq, T., Ahmed, S., Yang, Z., Wang, Y., Hashem, M., Alamri, S., Bashir, M., & El-Zohri, M. (2021). Enhancement of resistance by poultry manure and plant hormones (salicylic acid & citric acid) against tobacco mosaic virus. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28, 3526 - 3533. https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.03.025.

Beijerinck, M.W. (1898). Über ein Contagium vivum fluidum als Ursache der Fleckenkrankheit der Tabaksblätter.

Verhandlungen der Koninklijke Akademie van Wetenschappen te Amsterdam 65:1–21.

Bostan, H., & Dursun, A. (2011). Kemaliye ve Yusufeli ilçelerindeki biber (Capsicum annuum L.) üretim alanlarındaki bazı virüs hastalıklarının belirlenmesi [Identification of some virus diseases in pepper production areas in Kemaliye and Yusufeli districts]. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 33(4). https://izlik.org/JA67RJ98NU

Broadbent L., 1965. The epidemiology of tomato mosaic: XI. seed-transmission of TMV. *Annals of Applied Biology*, 56 (2), 177-205.

Broadbent, L., & Fletcher, J.T. (1963). The epidemiology of tomato mosaic.: IV. Persistence of virus on clothing and glasshouse structures. *Annals of Applied Biology*, 52, 233-241.

Broadbent, L., & Fletcher, J. T. (1966). The epidemiology of tomato mosaic. XII. Sources of TMV in commercial tomato crops under glass. *Annals of Applied Biology*, 57(1), 113–120. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1966.tb06871.x.

Broadbent, L., & Winsor, G. W. (1964). The epidemiology of tomato mosaic. V. The effect on TMV-infected plants of nutrient foliar sprays and of steaming the soil. *Annals of Applied Biology*, 54: 23-30. https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1964.tb01167.x.

CABI (2024). Tobacco mosaic virus datasheet. CAB International. https://www.cabi.org.

Charudattan, R., Hiebert, E., Pettersen, M., Horrell, J., Elliott, M., DeValerio, J., Maia, G., & De Oliveira, T. (2024). Host-virus interaction between tobacco mild green mosaic virus strain U2 and tropical soda apple resulting in systemic hypersensitive necrosis and the host range, survival, spread, and molecular characterization

of the virus. *Pest Management Science*. 80:176-191. https://doi.org/10.1002/ps.7802.

Clark, M. F., & Adams, A. N. (1977). Characteristics of the microplate method of enzyme-linked immunosorbent assay for the detection of plant viruses. *Journal of General Virology*, 34(3), 475–483. doi: 10.1099/0022-1317-34-3-475. PMID: 323416.

Culver, J. N. (2002). Tobacco mosaic virus assembly and disassembly: Determinants in pathogenicity and resistance. *Annual Review of Phytopathology*, 40, 287–308. doi: 10.1146/annurev.phyto.40.120301.102400. PMID: 12147762.

Çandar, A., Aydın, A., Şavkan, A. N., Güngör, R., & Başak, H. (2026). Determination of Viral Diseases in Tomato and Pepper Production Areas of Kırşehir Province, Türkiye. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23(2), 554-567. https://doi.org/10.33462/jotaf.1655541.

Erdem, N. (2010). Samsun ilinde tütün (Nicotiana tabacum L.) yetiştirilen alanlarda enfeksiyon oluşturan virüslerin belirlenmesi [Yüksek lisans tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi]. https://tez.yok.gov.tr/

Eriksson-Quensel, I.-B., & Svedberg, T. (1936). Sedimentation and electrophoresis of the tobacco mosaic virus protein. *Journal of the American Chemical Society*, 58(10), 1863–1867. https://doi.org/10.1021/ja01301a010.

European and Mediterranean Plant Protection Organization (EPPO). (2023). Tobacco mosaic virus. EPPO Global Database. https://gd.eppo.int

Fraenkel-Conrat, H., Singer, B., & Williams, R. C. (1957). Infectivity of viral nucleic acid. *Biochimica et Biophysica Acta*, 25(1), 87–96. https://doi.org/10.1016/0006-3002(57)90422-5.

García-Arenal, F., Fraile, A., & Malpica, J. M. (2001). Variability and genetic structure of plant virus populations. *Annual Review of Phytopathology*, 39, 157–186. 10.1146/annurev.phyto.39.1.157

García-Estrada, R., Diaz-Lara, A., Aguilar-Molina, V., & Tovar-Pedraza, J. (2022). Viruses of Economic Impact on Tomato Crops in Mexico: From Diagnosis to Management—A Review. *Viruses*, 14(6), 1251. https://doi.org/10.3390/v14061251.

Gibbs A. (1999). Evolution and origins of tobamoviruses. Philosophical Transactions of the Royal Society Bioogical Science. 354(1383):593-602. doi: 10.1098/rstb.1999.0411. PMID: 10212939.

Gierer, A., & Schramm, G. (1956). Infectivity of ribonucleic acid from tobacco mosaic virus. *Nature,* 177, 702–703. https://doi.org/10.1038/177702a0

Goelet, P., Lomonossoff, G. P., Butler, P. J. G., Akam, M. E., Gait, M. J., & Karn, J. (1982). Nucleotide sequence of tobacco mosaic virus RNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 79 (19), 5818–5822. doi: 10.1073/pnas.79.19.5818. PMID: 6964389.

Günay, A., & Usta, M. (2020). First investigation of five tobacco viruses using PCR-based methods in tobacco plants grown in Adiyaman, Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*, 29(12), 11624–11632.

Harris, K.F., Bradley, R.H. (1973). Importance of leaf hairs in the transmission of tobacco mosaic virus by aphids. *Virology,* 52(1):295-300. doi: 10.1016/0042-6822(73)90420-0.

Hosford, R. M. (1967). Transmission of plant viruses by dodder. *Botanical Review*, 33, 387–406. https://doi.org/10.1007/BF02858742.

Hull, R. (2014). Plant virology (5th ed.). Academic Press, London.

Ishikawa, M., Meshi, T., Motoyoshi, F., Takamatsu, N., & Okada, Y. (1986). In vitro mutagenesis of the putative replicase genes of tobacco mosaic virus. *Nucleic Acids Research*, 14, 8291–8305. doi: 10.1093/nar/14.21.8291.

Islam, W., Qasim, M., Noman, A., Tayyab, M., Chen, S., & Wang, L. (2018). Management of Tobacco Mosaic Virus through Natural Metabolites. *Records of Natural Products*, 12, 403-415. https://doi.org/10.25135/rnp.49.17.10.178.

Jacobi, V., Bachand, G. D., Hamelin, R. C., & Castello, J. D. (1998). Development of a multiplex immunocapture RT-PCR assay for detection and differentiation of tomato and tobacco mosaic tobamoviruses. *Journal of Virological Methods*, 74(2), 167–178. https://doi.org/10.1016/S0166-0934(98)00086-X.

Ji, Y., Guo, Y., Deng, H., Zhang, J., Wang, Y., Dai, E., Fan, Z., Tang, G., Jia, M., & Ding, B. (2023). Rapid diagnosis of Tobacco mosaic virus in tobacco using time-resolved fluorescence immunoassay. *Food and Agricultural Immunology*, 34, 10-20. https://doi.org/10.1080/09540105.2023.2185568.

Johnson, C. S., Main, C. E., & Gooding, G. V., Jr. (1983). Crop loss assessment for flue-cured tobacco cultivars infected with tobacco mosaic virus. *Plant Disease*, 67(8), 881–885. https://doi.org/10.1094/PD-67-881

Karanfil, A., Randa-Zelyüt, F., & Korkmaz, S. (2023). Population structure and genetic diversity of tobacco mild green mosaic virus variants in Western Anatolia of Turkey. Physiological and *Molecular Plant Pathology*. https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2023.102008.

Kausche, G. A., Pfankuch, E., & Ruska, H. (1939). Die Sichtbarmachung von pflanzlichem Virus im Übermikroskop. *Naturwissenschaften*, 27, 292–299. https://doi.org/10.1007/BF01493353

Khoshkhatti, N., Eini, O., Koolivand, D., Pogiatzis, A., Klironomos, J., & Pakpour, S. (2020). Differential response of mycorrhizal plants to Tomato bushy stunt virus and Tomato mosaic virus infection. *Microorganisms*, 8, 2038. https://doi.org/10.3390/microorganisms8122038.

Letschert, Bettina & Adam, Günter & Lesemann, Dietrich-Eckhardt & Willingmann, Peter & Heinze, Cornelia. (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. https://doi.org/10.1016/S0166-0934(02)00135-0.

Listihani, L., Hidayat, S. H., Wiyono, S., & Damayanti, T. A. (2019). Characteristic of Tobacco mosaic irus isolated from cucumber and tobacco collected from East Java, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 20 (10), 2937-2942. https://doi.org/10.13057/biodiv/d201023.

Liu, S., Xiao, Z., Xiao, Y., Liu, T., Wu, S., Ren, Z., Zhao, Y., Tang, Q., & Xiao, Y. (2024). Impact of soil sterilization on antagonistic efficiency against Tobacco mosaic virus and the rhizosphere bacterial community in Nicotiana benthamiana. *Rhizosphere*, 31, 100941. https://doi.org/10.1016/j.rhisph.2024.100941

Lojek, A., & Orlob, G. B. (1969). Aphid transmission of tobacco mosaic virus. *Science,* 20;164(3886):1407-8. doi: 10.1126/science.164.3886.1407.

Luvisi, A., Panattoni, A., Materazzi, A., & De Bellis, L. (2017). Chemical outbreak for tobacco mosaic virus control. *International Journal of Agriculture and Biology*, 19(4), 792–800. https://doi.org/10.17957/IJAB/15.0365.

Matzrafi, M., Abu-Nassar, J., Klap, C., Shtarkman, M., Smith, E., & Dombrovsky, A. (2023). Solanum elaeagnifolium and S. rostratum as potential hosts of the tomato brown rugose fruit virus. *PLOS ONE*, 18. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0282441.

Mayer, A. (1886) Über die Mosaikkrankheit des Tabaks. *Landwirtschaftliche Versuchs-Stationen* 32:451–467.

Meshi, T., Watanabe, Y., Saito, T., Sugimoto, A., Maeda, T., & Okada, Y. (1987). Function of the 30 kDa protein of tobacco mosaic virus: Involvement in cell-to-cell movement. *The EMBO Journal,* 6(9), 2557–2563. doi: 10.1002/j.1460-2075.1987.tb02544.x.

Namba, K., Pattanayek, R., & Stubbs, G. (1989). Visualization of protein–nucleic acid interactions in a virus: Refined structure of intact tobacco mosaic virus at 2.9 Å resolution. *Journal of Molecular Biology,* 208(2), 307–325. https://doi.org/10.1016/0022-2836(89)90162-5.

Öztürk, P. K., & Baloğlu, S. (2019). Serological and molecular detection of some viruses in open-field peppers in the eastern Mediterranean region. *Alatarım*, 18(1), 1–11.

Pazarlar, S., Gümüş, M., & Öztekin, G. B. (2013). The effects of Tobacco mosaic virus infection on growth and physiological parameters in some pepper varieties (Capsicum annuum L.). *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca,* 41(2), 427–433. https://doi.org/10.15835/nbha4129008.

Scholthof, K.-B. G. (2004). Tobacco mosaic virus: A model system for plant biology. *Annual Review of Phytopathology*, 42, 13–34. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.42.040803.140322.

Scholthof, K.-B. G. (2000, updated 2005). Tobacco mosaic virus. *The Plant Health Instructor*. https://doi.org/10.1094/PHI-I-2000-1010-01

Scholthof, K.-B. G., Adkins, S., Czosnek, H., Palukaitis, P., Jacquot, E., Hohn, T., Hohn, B., Saunders, K., Candresse, T., Ahlquist, P., Hemenway, C., & Foster, G. D. (2011). Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*, 12(9), 938–954. https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2011.00752.x.

Stanley, W. M. (1935) Isolation of a crystalline protein possessing the properties of tobacco mosaic virus. *Science*, 81(2113), 644–645. DOI: 10.1126/science.81.2113.644.

Trojak-Goluch, A. (2024). The Use of Bacteria, Actinomycetes and Fungi in the Bioprotection of Solanaceous Crops against Tobacco Mosaic Virus (TMV). *Agriculture*. 14(8), 1220. https://doi.org/10.3390/agriculture14081220.

Van Regenmortel, M. H. V. (1982). Serology and immunochemistry of plant viruses. *Immunological Communications*, 11(6), 509–525. https://doi.org/10.3109/08820138209050747.

ViralZone (2024). Tobacco mosaic virus (TMV). https://viralzone.expasy.org (Erişim: 11 Nisan 2026).

Zaitlin, M., & Palukaitis, P. (1983). The Tobacco Mosaic Virus Genome: Organization and Gene Functio. In: Becker, Y., Hadar, J. (eds) Replication of Viral and Cellular Genomes. *Developments in Molecular Virology*, vol 2. Springer, Boston, MA. https://doi.org/10.1007/978-1-4613-3888-8_15329-343.

Zaitlin, M. (1998). The discovery of the causal agent of the tobacco mosaic disease. In S. D. Kung & S. F. Yang (Eds.), Discoveries in plant biology (pp. 105–110). World Publishing.

Zaitlin, M. (1999). Elucidation of the genome organization of tobacco mosaic virus. Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, *Biological sciences*, 354 1383, 587-591. https://doi.org/10.1098/rstb.1999.0410.

Zaitlin, M. (2000). Tobacco mosaic virus. Descriptions of Plant Viruses (DPV No. 370). *Association of Applied Biologists*. https://www.dpvweb.net/dpv/showdpv/?dpvno=370 (Erişim: 11 Nisan 2026).

Zaitlin, M., & Palukaitis, P. (2000). Advances in understanding plant viruses and virus diseases. *Annual Review of Phytopathology*, 38, 117–143. doi: 10.1146/annurev.phyto.38.1.117.

Zamfir, A., Babalola, B., Fraile, A., McLeish, M., & García-Arenal, F. (2023). Tobamoviruses show broad host ranges and little genetic diversity among four habitat types of a heterogeneous ecosystem. *Phytopathology*. 113:9, 1697-707. https://doi.org/10.1094/phyto-11-22-0439-v.

Zelyüt, F., Karanfil, A., & Korkmaz, S. (2025). Genetic diversity of Tobacco mosaic virus (TMV) isolates from tobacco growing fields of Western Anatolia, Türkiye. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22(1), 98–107. https://doi.org/10.33462/jotaf.1413398

Zhao, Y., Liu, T., Wu, S., Zhang, D., Xiao, Z., Ren, Z., Li, L., Liu, S., Xiao, Y., & Tang, Q. (2024). Insight into the soil bacterial community succession of Nicotiana benthamiana in response to Tobacco mosaic virus. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1341296. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1341296.

BÖLÜM 13

Caulimovirus tessellobrassicae (Cauliflower mosaic virus; CaMV)

ALİ KARANFİL[1]

Giriş

Bitki virüsleri, dünya genelinde tarımsal üretimi sınırlandıran en önemli biyotik etmenler arasında yer almakta ve her yıl önemli ekonomik kayıplara neden olmaktadır. Özellikle sebze üretim sistemlerinde viral hastalıklar, yalnızca verim kaybına değil aynı zamanda ürün kalitesinin düşmesine ve pazarlanabilir ürün miktarının azalmasına yol açmaktadır (Randa-Zelyüt vd., 2023, Randa-Zelyut & Karanfil, 2025). Brassicaceae familyasında görülen viral hastalıklar arasında *Caulimovirus tessellobrassicae* (Cauliflower mosaic virus; CaMV), yaygın dağılımı, geniş konukçu spektrumu ve oluşturduğu ekonomik zarar nedeniyle en önemli etmenlerden biri olarak kabul edilmektedir (Yasaka vd., 2014; Bak & Emerson, 2020).

CaMV ilk kez Tompkins (1937) tarafından *Brassica campestris* ve *Brassica oleracea* bitkilerinde tanımlanmıştır. Takip eden yıllarda yapılan çalışmalar virüsün yalnızca Kuzey Amerika ile

[1] Doç. Dr., Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-4503-6344

sınırlı olmadığını, Avrupa, Asya, Afrika ve Okyanusya'da da yaygın olarak bulunduğunu göstermiştir (Yasaka vd., 2014). Günümüzde virüs Brassicaceae familyasının yetiştirildiği hemen her bölgede rapor edilmektedir.

CaMV, bitki virolojisi tarihinde özel bir yere sahiptir. Virüs, genetik materyalinin çift iplikçikli DNA olduğu belirlenen ilk bitki virüslerinden biri olmuş, aynı zamanda genomu tamamen dizilenen ilk bitki virüsleri arasında yer almıştır (Franck vd., 1980). Virüsün enfeksiyöz klonlarının elde edilmesi ve moleküler biyolojisinin ayrıntılı olarak ortaya konulması, bitki virüslerinde gen ekspresyonu, hücreler arası hareket ve virüs-konukçu etkileşimlerinin anlaşılmasına önemli katkılar sağlamıştır (Haas vd., 2002).

CaMV, yaklaşık 8 kb büyüklüğünde dairesel çift iplikçikli DNA genomuna sahip olmasına rağmen çoğalması sırasında RNA ara ürünleri üzerinden ters transkripsiyon mekanizmasını kullanmaktadır (Hull vd., 2000). Bu özellik nedeniyle retrovirüslerle bazı ortak özellikler taşımasına karşın gerçek retrovirüslerden farklı olarak "pararetrovirüs" olarak sınıflandırılmaktadır (Haas vd., 2002; Yasaka vd., 2014; Pouresmaeil vd., 2023). Replikasyon stratejisinin karmaşıklığı ve genom organizasyonunun iyi karakterize edilmiş olması, virüsü bitki moleküler virolojisinin model organizmalarından biri haline getirmiştir.

Virüsün doğal konukçu spektrumu ağırlıklı olarak Brassicaceae familyası üyelerinden oluşmaktadır. Karnabahar (*Brassica oleracea* var. *botrytis*), lahana (*B. oleracea* var. *capitata*), brokoli (*B. oleracea* var. *italica*), turp (*Raphanus sativus*), şalgam (*Brassica rapa*) ve kolza (*Brassica napus*) en önemli ekonomik konukçular arasında yer almaktadır. Bununla birlikte bazı izolatların Solanaceae familyasına ait türlerde de enfeksiyon oluşturabildiği bildirilmiştir (Daubert vd., 1984; Anderson vd., 1991). Ayrıca CaMV'nin TuMV (Turnip mosaic virus) ve CMV (Cucumber

mosaic virus) ile de karışık enfeksiyonlar halinde bulunabildiği bildirilmiştir (Korkmaz vd., 2020).

CaMV enfeksiyonları bitkilerde mozaik, kloroz, damar açılması, yaprak deformasyonları ve bodurlaşma gibi belirtilere neden olmaktadır. Hastalık şiddeti virüs izolatına, konukçu genotipine ve çevresel koşullara bağlı olarak değişebilmektedir. Bazı bölgelerde enfeksiyon oranlarının %70'in üzerine çıkabildiği ve verim kayıplarının %20–50 düzeylerine ulaşabildiği bildirilmektedir (Shephard, 1981; Sutic vd., 1999; Bak & Emerson, 2020).

Virüsün yayılmasında yaprak bitleri temel rol oynamaktadır. Günümüze kadar 27'den fazla afit türünün CaMV'nin doğal vektörü olduğu belirlenmiştir. Özellikle *Myzus persicae* ve *Brevicoryne brassicae* virüsün epidemiyolojisinde önemli rol oynamaktadır (Kennedy vd., 1962; Haas vd., 2002). Virüs mekanik yollarla da taşınabilmekte, bu durum tarla koşullarında yayılımı kolaylaştırmaktadır.

CaMV'nin önemi yalnızca bitki patolojisi ile sınırlı değildir. Virüse ait 35S promotörü, yüksek düzeyde ve konstitutif gen ekspresyonu sağlayabilmesi nedeniyle bitki biyoteknolojisinde en yaygın kullanılan promotörlerden biri haline gelmiştir. Günümüzde geliştirilen çok sayıda transgenik bitkide CaMV 35S promotörü kullanılmaktadır. Ayrıca son yıllarda virüs partiküllerinin nanobiyoteknoloji, biyomalzeme geliştirme ve tıbbi uygulamalardaki potansiyelleri üzerine araştırmalar da hız kazanmıştır (Scholthof vd., 1996).

Taksonomi ve Genomik Özellikler

CaMV, çift iplikçikli DNA genomuna sahip bitki virüslerini içeren Caulimoviridae familyasında yer almaktadır. Bu familya içerisinde bulunan Caulimovirus cinsinin tip türüdür ve familyanın en ayrıntılı çalışılmış üyelerinden biridir (Haas vd., 2002). Caulimoviridae üyeleri DNA genomuna sahip olmalarına rağmen

replikasyon sırasında RNA ara ürünleri kullanmaları nedeniyle pararetrovirüsler olarak tanımlanmaktadır. Bu özellik, onları klasik DNA virüslerinden ayırmaktadır (Haas vd., 2002).

CaMV virionları zarfsız, ikozahedral simetrili ve yaklaşık 50–53 nm çapındadır. Virion yapısı T=7 ikosahedral simetri gösteren yaklaşık 420 kapsid protein alt biriminden oluşmaktadır (Haas vd., 2002). Virüs partiküllerinin yaklaşık: %83–84'ü protein, %16–17'si nükleik asit içeriğinden oluşmaktadır (Cheng vd., 1992).

CaMV genomu yaklaşık 8 kb uzunluğunda dairesel çift iplikçikli DNA molekülünden oluşmaktadır. Genom üzerinde yedi açık okuma çerçevesi (ORF I–VII) bulunmaktadır. Bunların altısı fonksiyonel proteinleri kodlamaktadır (Haas vd., 2002).

Tablo 1. CaMV genomu üzerinde bulunan açık okuma çerçeveleri (ORF) ve genler

ORF	Protein	Temel Fonksiyon
I	P1	Hücreden hücreye hareket
II	P2	Afit aracılı taşınma
III	P3	Virion ilişkili yardımcı protein
IV	P4	Kapsid proteini
V	P5	Proteinaz, ters transkriptaz ve RNase H
VI	P6	Translasyonel transaktivasyon, viroplazma oluşumu
VII	P7	Fonksiyonu tam açıklanamamıştır

Replikasyon Döngüsü

CaMV replikasyonu bitki virüsleri arasında benzersiz kabul edilmektedir. Virüs hücreye girdikten sonra genom çekirdeğe taşınmakta ve burada minikromozom yapısı oluşturmaktadır. Daha sonra konukçu RNA polimeraz II tarafından iki temel RNA molekülü sentezlenmektedir: 35S RNA ve 19S RNA.

35S RNA hem viral proteinlerin sentezinde hem de yeni viral DNA'nın oluşumu için kalıp görevi görmektedir. Viral ters transkriptaz enzimi kullanılarak bu RNA üzerinden yeni DNA molekülleri sentezlenmektedir (Haas vd., 2002).

Bu süreç retrovirüslere benzemekle birlikte viral DNA'nın yaşam döngüsünün zorunlu bir parçası olarak konukçu genomuna entegrasyon göstermemesi nedeniyle farklılık göstermektedir.

Virüs–Konukçu Etkileşimleri

Son yıllarda yapılan çalışmalar özellikle P6 proteininin virüs enfeksiyonunda merkezi rol oynadığını ortaya koymuştur. P6 proteini: Semptom gelişimini düzenlemekte, RNA susturma mekanizmalarını baskılayabilmekte, Virüs replikasyonunu desteklemekte, Viroplazma oluşumunda görev almaktadır.

Bu nedenle P6, CaMV patogenezinin en önemli belirleyicilerinden biri olarak kabul edilmektedir (Pouresmaeil vd., 2023).

Ayrıca virüs enfeksiyonu sırasında konukçu hücre metabolizmasında önemli değişiklikler meydana gelmekte, fotosentetik aktivite azalmakta ve savunma mekanizmaları baskılanabilmektedir (Pouresmaeil vd., 2023).

Ekonomik Önemi

Cauliflower mosaic virus (CaMV), özellikle Brassicaceae familyasına ait kültür bitkilerinde oluşturduğu verim ve kalite

kayıpları nedeniyle ekonomik açıdan önemli bir bitki patojenidir. Virüsün neden olduğu zararlar; enfeksiyonun zamanı, konukçu türü, virüs izolatı, çevresel koşullar ve eş zamanlı enfeksiyonların varlığına bağlı olarak değişiklik göstermektedir (Bak & Emerson, 2020).

CaMV'nin ekonomik açıdan en önemli konukçuları arasında karnabahar (*Brassica oleracea* var. *botrytis*), lahana (*B. oleracea* var. *capitata*), brokoli (*B. oleracea* var. *italica*), şalgam (*Brassica rapa*), kolza (*Brassica napus*) ve turp (*Raphanus sativus*) bulunmaktadır. Bu türlerde meydana gelen enfeksiyonlar yaprak alanının azalmasına, fotosentezin baskılanmasına, gelişme geriliğine ve ürün kalitesinde düşüşe neden olmaktadır (Haas vd., 2002).

Erken dönemde enfekte olan bitkilerde zararın daha şiddetli olduğu bilinmektedir. Özellikle fide döneminde meydana gelen enfeksiyonlar sonucunda bitki gelişimi ciddi şekilde baskılanmakta ve pazar değeri taşıyan ürün miktarı önemli ölçüde azalmaktadır. Bazı üretim alanlarında enfeksiyon oranlarının %70'in üzerine çıkabildiği, verim kayıplarının ise %20–50 arasında değişebildiği bildirilmiştir (Sutic vd., 1999).

CaMV'nin ekonomik etkisi yalnızca tek başına oluşturduğu enfeksiyonlardan kaynaklanmamaktadır. Virüs sıklıkla Turnip mosaic virus (TuMV) gibi diğer Brassica virüsleriyle karışık enfeksiyonlar oluşturmakta ve bu durum hastalık şiddetini artırmaktadır. Karışık enfeksiyonlarda bitki gelişimi daha fazla baskılanmakta ve verim kayıpları daha yüksek düzeylere ulaşabilmektedir (Tuzlalı, 2012).

Kolza ve kanola üretim alanlarında virüs enfeksiyonlarının tohum verimi ve yağ kalitesi üzerinde olumsuz etkiler oluşturduğu bildirilmektedir. Ayrıca tohumluk üretim sistemlerinde enfeksiyonun yayılması ekonomik kayıpların daha da artmasına neden olabilmektedir (Bak & Emerson, 2020).

CaMV'nin ekonomik önemini artıran diğer bir faktör ise afitlerle etkin şekilde taşınabilmesidir. Vektör popülasyonlarının yoğun olduğu bölgelerde kısa sürede geniş alanlara yayılabilmesi, mücadele maliyetlerini artırmakta ve üreticiler açısından ilave ekonomik yük oluşturmaktadır (Haas vd., 2002).

Türkiye'deki Durumu

Türkiye'de CaMV ile ilgili ilk çalışmalar 1990'lı yıllarda gerçekleştirilmiştir. Brassicaceae familyasına ait bitkilerde görülen mozaik ve kloroz belirtilerinin nedenlerini araştıran çalışmalar sonucunda virüsün varlığı serolojik ve elektron mikroskobik yöntemlerle doğrulanmıştır (Erkan vd., 1990; Tuzlalı, 2012).

Takip eden yıllarda gerçekleştirilen sürvey çalışmaları virüsün özellikle Marmara, Karadeniz, Ege ve Akdeniz bölgelerinde yaygın olarak bulunduğunu ortaya koymuştur. Brassica üretiminin yoğun olduğu alanlarda yapılan örneklemelerde CaMV enfeksiyonlarına sıklıkla rastlanmıştır (Tuzlalı, 2012).

Güney Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilen araştırmalarda özellikle Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illerinde virüsün yaygın olduğu bildirilmiştir. Bu durum bölgedeki yoğun Brassica üretimi ve uygun vektör popülasyonları ile ilişkilendirilmektedir (Korkmaz vd., 2011; Tuzlalı, 2012).

Tuzlalı & Korkmaz (2014) tarafından Çanakkale ilinde gerçekleştirilen sürvey çalışmalarında, CaMV benzeri belirtiler gösteren Brassica örneklerinin %75'inde CaMV enfeksiyonu tespit edilmiştir. Kapsid protein genine dayalı moleküler analizlerde, Çanakkale izolatlarının kendi aralarında %93–100, dünya izolatlarıyla ise %92–97 oranında benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Filogenetik analizler, Türkiye'deki CaMV popülasyonlarının küresel popülasyonlarla yakın genetik ilişki içerisinde olduğunu ortaya koymuştur.

Yasaka vd. (2014) Yunanistan, İran, Türkiye ve Japonya başta olmak üzere farklı ülkelerden elde edilen 76 CaMV genom dizisini analiz ederek virüsün evrimsel ve filocoğrafik yapısını incelemiştir. Araştırma sonucunda rekombinasyonun CaMV evriminde yaygın olduğu ve virüsün yaklaşık 400–500 yıl önce tek bir ata popülasyondan dünya geneline yayıldığı belirlenmiştir. Çalışmanın Türkiye açısından en önemli bulgusu, Türkiye popülasyonları ile komşu ülkelerdeki popülasyonlar arasında yoğun gen akışının bulunmasıdır. Bu sonuç, Türkiye'nin CaMV'nin Avrasya'daki yayılımında önemli bir merkez veya geçiş bölgesi olabileceğini göstermektedir. Ayrıca Türkiye izolatlarının bölgesel popülasyonlarla yüksek genetik benzerlik göstermesi, virüsün uluslararası bitki materyali hareketleri ve vektörler aracılığıyla yayılımına işaret ettiği bildirilmiştir.

Ayyaz vd. (2016) Niğde ilinde 2014–2015 yıllarında *Brassica oleracea* üretim alanlarında gerçekleştirilen sürvey çalışmalarında, incelenen örneklerin %8,80'inde CaMV enfeksiyonu tespit etmişlerdir. Ayrıca örneklerin %1,03'ünde CaMV ve TuMV'nin karışık enfeksiyon oluşturduğu belirlenmiştir. Çalışma sonuçları, Niğde ilinde *B. oleracea* yetiştiriciliğinde CaMV'nın en yaygın viral etmenlerden bir tanesi olduğunu ortaya koymuştur.

Şevik (2016) Samsun ilinde 2012–2014 yılları arasında lahana üretim alanlarında gerçekleştirilen sürvey çalışmalarında, incelenen örneklerin %6,9'unda CaMV enfeksiyonu belirlenmiştir. Bulgular, CaMV'nin Türkiye'nin önemli lahana üretim merkezlerinden biri olan Karadeniz Bölgesi'nde yaygın olarak bulunan başlıca viral etmenlerden biri olduğunu göstermiştir

Şevik (2020) tarafından yapılan bir çalışmada CaMV enfeksiyonunun turp bitkilerinde büyüme ve verim parametrelerini önemli ölçüde olumsuz etkilediğini göstermiştir. Kontrollü koşullarda gerçekleştirilen denemelerde enfekte bitkilerde bitki ve kök uzunluğu, yaprak boyutları, sap uzunluğu ile yaş ve kuru

biyokütlede anlamlı azalmalar ile enfeksiyon sonucunda özellikle kök gelişiminin baskılandığı ve verim kayıplarının ortaya çıktığı bildirilmiştir. Bu bulgular, CaMV'nin Brassicaceae türlerinde ekonomik açıdan önemli kayıplara neden olabileceğini göstermiştir.

Türkiye'de CaMV'nin ekonomik etkilerine ilişkin ayrıntılı veriler sınırlı olmakla birlikte özellikle karnabahar ve lahana üretim alanlarında önemli kayıplara neden olduğu kabul edilmektedir. Buna karşın virüsün ulusal düzeyde yayılışı, genetik çeşitliliği ve epidemiyolojisi hakkında halen kapsamlı çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır.

Yayılımı

CaMV dünya genelinde Brassicaceae üretiminin yapıldığı hemen hemen tüm bölgelerde bulunmaktadır. Virüs Avrupa, Asya, Afrika, Kuzey Amerika, Güney Amerika ve Okyanusya'dan bildirilmiştir (Haas vd., 2002). Filogenetik çalışmalar, CaMV popülasyonlarının farklı coğrafi bölgeler arasında önemli düzeyde genetik ilişki gösterdiğini ortaya koymuştur. Yasaka vd. (2014), dünya genelinden elde edilen CaMV izolatlarını inceleyerek virüsün son birkaç yüzyıl içerisinde uluslararası bitki materyali hareketleriyle geniş alanlara yayıldığını ileri sürmüştür.

Virüsün tarla içindeki yayılımı büyük ölçüde afit hareketlerine bağlıdır. Enfekteli yabancı otlar ve kültür bitkileri virüs için sürekli inokulum kaynağı oluşturmaktadır. İlkbahar ve sonbahar dönemlerinde artan afit popülasyonları yeni enfeksiyonların oluşumunu kolaylaştırmaktadır (Bak & Emerson, 2020). Özellikle Brassicaceae yabancı otlarının bulunduğu alanlarda virüsün yıl boyunca canlılığını koruyabildiği ve kültür bitkilerine yeniden bulaşabildiği bildirilmektedir.

Konukçular

CaMV'nin doğal konukçu spektrumu ağırlıklı olarak Brassicaceae familyasına ait türlerden oluşmaktadır (Tablo 1). Bununla birlikte deneysel koşullarda farklı familyalara ait bazı türlerin de enfekte edilebildiği bildirilmiştir (Tablo 2). Konukçu spektrumunun genişliği ve yabancı ot rezervuarlarının varlığı virüsün epidemiyolojik başarısında önemli rol oynamaktadır (Haas vd., 2002).

Tablo 2. Cauliflower mosaic virus'ün başlıca doğal konukçuları

Familya	Tür
Brassicaceae	*Brassica oleracea* var. *botrytis*
Brassicaceae	*B. oleracea* var. *capitata*
Brassicaceae	*B. oleracea* var. *italica*
Brassicaceae	*B. napus*
Brassicaceae	*B. rapa*
Brassicaceae	*Raphanus sativus*
Brassicaceae	*B. juncea*
Brassicaceae	*Arabidopsis thaliana*
Brassicaceae	*Sinapis arvensis*

Tablo 3. Deneysel konukçular

Familya	Tür
Solanaceae	*Nicotiana benthamiana*
Solanaceae	*N. clevelandii*
Solanaceae	*N. tabacum*
Solanaceae	*Datura stramonium*

Taşınma Yolları

CaMV'nin doğal koşullardaki en önemli taşınma yolu yaprak bitleridir (afitler). Günümüze kadar en az 27 afit türünün virüsü taşıyabildiği bildirilmiştir (Kennedy vd., 1962). Başlıca vektör türleri: *Myzus persicae, Brevicoryne brassicae* ve *Lipaphis erysimi*'dir.

Virüs afitler tarafından yarı kalıcı (semi-persistent) şekilde taşınmaktadır. Afit virüsü kısa sürede kazanabilmekte ve birkaç saat ile birkaç gün boyunca bulaştırabilmektedir. Taşınma mekanizmasında ORF II tarafından kodlanan P2 proteini ile ORF III tarafından kodlanan P3 proteini önemli rol oynamaktadır. Bu proteinler virion ile afit stiletleri arasında moleküler köprü oluşturmaktadır (Leh vd., 1999; Haas vd., 2002).

Virüs mekanik yollarla da taşınabilmektedir. Tarımsal işlemler sırasında oluşan yaralanmalar enfeksiyonun yayılmasına katkıda bulunabilmektedir. Buna karşılık CaMV'nin tohum ve polenle taşınması konusunda güçlü kanıtlar bulunmamaktadır ve bu yollar epidemiyolojik açıdan önemli kabul edilmemektedir (Bak & Emerson, 2020).

Simptomatoloji

CaMV enfeksiyonlarında ortaya çıkan belirtiler; virüs suşuna, konukçu türüne, bitkinin gelişme dönemine, çevresel koşullara ve eş zamanlı enfeksiyonların varlığına bağlı olarak değişiklik göstermektedir (Haas vd., 2002; Bak & Emerson, 2020). Simptomların şiddeti özellikle sıcaklık, ışık yoğunluğu ve bitkinin fizyolojik durumu ile yakından ilişkilidir. CaMV enfeksiyonlarının en karakteristik belirtisi yapraklarda görülen mozaik desenidir (Şekil 1).

Şekil 1. Cauliflower mosaic virus'ın karnabahar bitkilerinin yapraklarında neden olduğu mozaik belirtiler



Kaynak: Prof. Dr. Savaş Korkmaz'dan alınmış ve kendisi tarafından çekilen orijinal fotoğraflardır.

Bu mozaik görünümü açık ve koyu yeşil alanların düzensiz dağılımı şeklinde ortaya çıkmaktadır. Enfeksiyonun erken dönemlerinde genç yapraklarda damar açılması (vein clearing) ve damar bantlaşması (vein banding) sıklıkla gözlenmektedir. Hastalık ilerledikçe klorotik alanlar genişlemekte ve yaprak yüzeyinde belirgin renk düzensizlikleri oluşmaktadır (Tuzlalı, 2012). Brassica türlerinde yaygın olarak görülen diğer belirtiler şunlardır: Yaprak kıvrılması ve deformasyonu, yapraklarda küçülme, Rozetleşme, boğum aralarının kısalması, genel bodurlaşma, çiçek oluşumunda azalma ve tohum veriminde düşüştür. Karnabaharda enfeksiyon şiddetli olduğunda baş oluşumu olumsuz etkilenebilmekte ve pazarlanabilir ürün miktarı önemli ölçüde azalabilmektedir. Lahana bitkilerinde ise baş gelişimi zayıflamakta ve ticari kalite düşmektedir (Bak & Emerson, 2020). Bazı durumlarda CaMV enfeksiyonları latent seyredebilmekte veya yalnızca hafif klorotik belirtiler oluşturabilmektedir. Buna karşılık TuMV gibi diğer virüslerle meydana gelen karışık enfeksiyonlarda semptom şiddeti önemli ölçüde artmaktadır. Karışık enfeksiyonlarda yaprak deformasyonları, sistemik nekroz ve ciddi gelişme geriliği görülebilmektedir (Spence vd., 2007).

Pouresmaeil vd. (2023), simptom gelişiminde özellikle ORF VI tarafından kodlanan P6 proteininin önemli rol oynadığını belirtmiştir. P6 proteininin konukçu savunma mekanizmaları ve hormonal düzenleme süreçleri üzerinde etkili olduğu düşünülmektedir.

Teşhis

CaMV enfeksiyonlarının doğru şekilde belirlenebilmesi için simptom gözlemleri ile laboratuvar analizlerinin birlikte değerlendirilmesi gerekmektedir. Sahada gözlenen belirtiler çoğu zaman diğer Brassica virüsleriyle benzerlik gösterdiğinden yalnızca simptomlara dayalı teşhis yeterli değildir (Bak & Emerson, 2020).

Biyolojik İndeksleme

Geçmişte CaMV teşhisinde yaygın olarak kullanılan yöntemlerden biri biyolojik indekslemedir. Bu yöntemde enfekteli bitkilerden elde edilen özsu duyarlı indikatör bitkilere mekanik olarak inokule edilmekte ve oluşan belirtiler değerlendirilmektedir. Sık kullanılan indikatör bitkiler ise *Brassica rapa, Brassica campestris, Nicotiana clevelandii, Nicotiana benthamiana, Datura stramonium*'dır (Tuzlalı, 2012). Biyolojik indeksleme günümüzde daha çok araştırma amaçlı kullanılmaktadır.

Elektron Mikroskobu

Elektron mikroskobu kullanılarak yaklaşık 50 nm çapındaki izometrik virionlar doğrudan gözlemlenebilmektedir. Ancak bu yöntem yüksek maliyet ve uzmanlık gerektirdiğinden rutin teşhislerde sınırlı kullanılmaktadır (Haas vd., 2002).

Serolojik Yöntemler

CaMV teşhisinde en yaygın kullanılan yöntemlerden biri DAS-ELISA'dır (Double Antibody Sandwich-Enzyme Linked Immunosorbent Assay). Çok sayıda örneğin aynı anda analiz edilebilmesi, düşük maliyet, güvenilir sonuçlar ve arazi sürveyleri

için uygun olması DAS-ELISA'nın temel avantajlarını oluşturmaktadır. Türkiye'de gerçekleştirilen sürvey çalışmalarında CaMV'nin belirlenmesinde DAS-ELISA yaygın olarak kullanılmıştır (Tuzlalı, 2012).

Moleküler Yöntemler

Moleküler yöntemler günümüzde CaMV teşhisinde temel standart olarak kabul edilmektedir. Başlıca kullanılan yöntemlerin başında PCR gelmektedir. Virüs genomundaki ORF bölgelerine özgü primerler kullanılarak viral DNA'nın çoğaltılması esasına dayanır. Yüksek duyarlılık, yüksek özgüllük ve düşük virüs konsantrasyonlarında tespit imkânı avantajlarından bazılarıdır. Diğer bir yöntem ise Gerçek Zamanlı PCR (qPCR)'dır. Virüs miktarının belirlenmesine olanak sağlamaktadır. Ayrıca günümüzde gelişen Dizileme Teknolojileri sayesinde elde edilen PCR ürünleri sekanslanarak filogenetik analizler, izolatların karşılaştırılması ve rekombinasyon çalışmalarına olanak sağlamaktadır (Tuzlalı, 2012).

Epidemiyoloji

CaMV epidemiyolojisi büyük ölçüde vektör popülasyonları, konukçu bitki yoğunluğu ve çevresel koşullar tarafından şekillendirilmektedir. Virüsün doğadaki temel inokulum kaynakları genellikle enfekteli kültür bitkileri, Brassicaceae yabancı otları, hasat sonrası tarlada kalan bitki artıkları olarak kabul edilmektedir (Bak & Emerson, 2020).

CaMV'nin epidemiyolojik başarısında afitlerle yarı kalıcı taşınma mekanizması önemli rol oynamaktadır. Virüsün kazanılması ve bulaştırılması kısa sürede gerçekleşebildiğinden kimyasal mücadele uygulamaları çoğu zaman enfeksiyonu tamamen engelleyememektedir (Haas ve ark., 2002).

Yasaka vd. (2014) tarafından gerçekleştirilen moleküler epidemiyoloji çalışmaları, CaMV popülasyonlarında yüksek

düzeyde rekombinasyon bulunduğunu ortaya koymuştur. Çalışmada farklı kıtalardan elde edilen izolatların ortak evrimsel kökenlere sahip olduğu ve virüsün tarihsel süreçte bitki materyali hareketleriyle geniş alanlara yayıldığı belirtilmiştir.

Türkiye'de epidemiyolojik veriler sınırlı olmakla birlikte Marmara Bölgesi'nde gerçekleştirilen sürveyler, Brassica üretim alanlarında virüsün yaygın olarak bulunduğunu göstermektedir (Tuzlalı, 2012).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

CaMV'ye karşı doğrudan uygulanabilen etkili bir antiviral tedavi bulunmamaktadır. Bu nedenle mücadele stratejileri virüsün yayılımını azaltmaya ve inokulum kaynaklarını ortadan kaldırmaya yöneliktir.

Kültürel Önlemler

Kültürel mücadele, CaMV yönetiminin temelini oluşturmaktadır. Özellikle önerilen uygulamalar; sertifikalı ve sağlıklı fide kullanımı, enfekteli bitkilerin uzaklaştırılması, hasat sonrası bitki artıklarının imhası, yabancı ot kontrolü ve ekim nöbeti uygulamalarıdır (Bak & Emerson, 2020).

Vektör Mücadelesi

Virüsün başlıca yayılma yolu afitler olduğundan vektör yönetimi önemlidir. Ancak CaMV'nin yarı kalıcı taşınma özelliği nedeniyle yalnızca insektisit uygulamaları yeterli olmamaktadır. Afitler virüsü çok kısa sürede bulaştırabildiklerinden kimyasal mücadele çoğu zaman enfeksiyonu tamamen önleyememektedir (Haas vd., 2002; Spence vd., 2007). Bu nedenle; reflektif malç kullanımı, fiziksel bariyerler, vektör izleme programları ve entegre zararlı yönetimi (IPM) yaklaşımları önerilmektedir.

Dayanıklı Çeşit Kullanımı

CaMV yönetiminde en etkili yöntemlerden biri dayanıklı veya tolerant çeşitlerin geliştirilmesidir. Özellikle; *Arabidopsis thaliana*, *Brassica rapa* ve *B. napus* üzerinde yürütülen çalışmalar çeşitli dayanıklılık genlerinin varlığını ortaya koymuştur (Haas vd., 2002). Ancak ticari çeşitlerde tam dayanıklılık oldukça sınırlıdır.

Moleküler ve Biyoteknolojik Yaklaşımlar

Son yıllarda yeni mücadele stratejileri geliştirilmektedir. Bunlar arasında: RNA susturma (RNA silencing) temelli yaklaşımlar, RNA girişimi (RNAi), gen düzenleme teknolojileri (CRISPR/Cas) ve dayanıklılık genlerinin aktarılması yer almaktadır (Wang vd., 2012; Pouresmaeil vd., 2023). Bu yöntemler henüz geniş ölçekte uygulanmasa da gelecekte CaMV yönetiminde önemli rol oynayabilir.

Kaynaklar

Anderson, E. J., Qiu, S. G., & Schoelz, J. E. (1991). Genetic analysis of determinants of disease severity and virus concentration in cauliflower mosaic virus. Virology, 181(2), 647–655.

Ayyaz, M., Bolat, V., & Serçe, Ç. U. (2018). Determination of cabbage (Brassica oleracea) virus infection in Niğde region of Turkey. Journal of Entomology and Zoology Studies, 6(2), 1118–1122.

Bak, A., & Emerson, J. B. (2020). Cauliflower mosaic virus (CaMV) biology, management, and relevance to GM plant detection for sustainable organic agriculture. Frontiers in Sustainable Food Systems, 4, 21. https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.00021

Cheng, R. H., Olson, N. H., & Baker, T. S. (1992). Cauliflower mosaic virus: A 420-subunit (T = 7), multilayer structure. Virology, 186(2), 655–668. https://doi.org/10.1016/0042-6822(92)90032-K

Daubert, S. D., Schoelz, J., Debao, L., & Shepherd, R. J. (1984). Expression of disease symptoms in cauliflower mosaic virus genomic hybrids. Journal of Molecular and Applied Genetics, 2(6), 537–547.

Erkan, S., Gümüş, M., Paylan, İ. C., Duman, İ., & Ergün, M. (2013). İzmir ili ve çevresindeki bazı kışlık sebzelerde görülen viral etmenlerin saptanması. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 50(3), 311–322.

Franck, A., Guilley, H., Jonard, G., Richards, K., & Hirth, L. (1980). Nucleotide sequence of cauliflower mosaic virus DNA. Cell, 21(2), 285–294.

Haas, M., Bureau, M., Geldreich, A., Yot, P., & Keller, M. (2002). Cauliflower mosaic virus: Still in the news. Molecular Plant

Pathology, 3(6), 419–429. https://doi.org/10.1046/j.1364-3703.2002.00136.x

Huang, Z., Han, Y., & Howell, S. H. (2001). Effects of movement protein mutations on the formation of tubules in plant protoplasts expressing a fusion between the green fluorescent protein and cauliflower mosaic virus movement protein. Molecular Plant–Microbe Interactions, 14(8), 1026–1031.

Kennedy, J. S., Day, M. F., & Eastop, V. F. (1962). A conspectus of aphids as vectors of plant viruses. Commonwealth Institute of Entomology.

Korkmaz S., Çevik B., Kurtulus E., Tuzlalı H.T. 2011. Güneybatı Marmara Bölgesi'nde Brassicaceae ve Alliceae Familyasına Bağlı Bitkilerde Virüs Hastalıklarının Teshisi. Çanakkale Tarım Sempozyumu, Dünü Bugünü Geleceği. 460-467.

Korkmaz, S., Cevik, B., Karanfil, A., et al. (2020). Phylogenetic relationships and genetic structure of populations of turnip mosaic virus in Turkey. European Journal of Plant Pathology, 156(2), 559–569. https://doi.org/10.1007/s10658-019-01905-w

Leh, V., Jacquot, E., Geldreich, A., Hermann, T., Leclerc, D., Cerutti, M., Blanc, S., & Yot, P. (1999). Aphid transmission of cauliflower mosaic virus requires the viral PIII protein. The EMBO Journal, 18(24), 7077–7085. https://doi.org/10.1093/emboj/18.24.7077

Pouresmaeil, M., Dall'Ara, M., Salvato, M., Turri, V., & Ratti, C. (2023). Cauliflower mosaic virus: Virus–host interactions and its uses in biotechnology and medicine. Virology, 580, 112–119. https://doi.org/10.1016/j.virol.2023.02.008

Randa-Zelyüt, F., & Karanfil, A. (2025). Multilocus sequence typing of "Candidatus Phytoplasma solani" and detection of RNA viruses infecting cucurbits in the Marmara Region, Türkiye.

Plant Pathology, 74(6), 1905–1914. https://doi.org/10.1111/ppa.14138

Randa-Zelyüt, F., Fox, A., & Karanfil, A. (2023). Population genetic dynamics of southern tomato virus from Turkey. Journal of Plant Pathology, 105(1), 211–224. https://doi.org/10.1007/s42161-022-01263-3

Scholthof, H. B., Scholthof, K. B. G., & Jackson, A. O. (1996). Plant virus gene vectors for transient expression of foreign proteins in plants. Annual Review of Phytopathology, 34, 299–323.

Sevik, M. A. (2016). Viruses infecting Brassica crops in the Black Sea region of Turkey. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B—Soil & Plant Science, 66(7), 553–557.

Shepherd, R. J. (1981). Cauliflower mosaic virus (Descriptions of Plant Viruses No. 243). Association of Applied Biologists.

Spence, N., et al. (2007). Economic impact of turnip mosaic virus, cauliflower mosaic virus and beet mosaic virus in three Kenyan vegetables. Plant Pathology, 56(2), 317–323. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2006.01498.x

Sutic, D. D., Ford, R. E., & Tošić, M. T. (1999). Handbook of plant virus diseases. CRC Press.

Şevik, M. A. (2020). Impact of cauliflower mosaic virus infection on morphological parameters of radish plants. Alinteri J. of Agr. Sci., 35(2), 27–29.

Tompkins, C. M. (1937). A transmissible mosaic disease of cauliflower. Journal of Agricultural Research, 55, 33–46.

Tuzlalı, H. T. (2012). Çanakkale ilinde karnabahar mozaik virüsü (Cauliflower mosaic virus; CaMV) izolatlarının tanılanması

ve karakterizasyonu (Yüksek lisans tezi). Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi.

Tuzlalı, H. T., & Korkmaz, S. (2014). Çanakkale ilinde karnabahar mozaik virüsü (Cauliflower mosaic virus; CaMV) izolatlarının tanılanması ve karakterizasyonu. Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 27(1), 1–7.

Wang, M.B., Masuta, C., Smith, N. A., & Shimura, H. (2012). RNA silencing and plant viral diseases. Molecular Plant–Microbe Interactions, 25(10), 1275–1285. https://doi.org/10.1094/MPMI-04-12-0093-CR

Yasaka, R., Nguyen, H. D., Ho, S. Y. W., Duchêne, S., Korkmaz, S., Katis, N., Gibbs, A. J., & Ohshima, K. (2014). The temporal evolution and global spread of cauliflower mosaic virus, a plant pararetrovirus. PLOS ONE, 9(1), e85641. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085641

BÖLÜM 14

MARUL İRİ DAMAR HASTALIĞI

NEVİN AKDURA[1]
MELİSA SEHER SÜNGÜLÜ[2]
HANDAN ÇULAL KILIÇ[3]

Giriş

Tarımsal üretimin önemli bir geçim kaynağı olarak yer tuttuğu ülkemizde tarımsal ürünlerden sebzeler çokça yetiştirilmekte olup ülke ekonomisini önemli ölçüde desteklemektedir. Bununla birlikte hem ithalat hem de ihracat yönünden ülkeye büyük katkı sağlamaktadır. Katkı sağlayan sebzeler arasında da marul bitkisi büyük yer tutmaktadır. Dünya marul üretiminde sekizinci sırada yer alan Türkiye, özellikle İç Anadolu gibi bölgelerdeki yoğun üretimi ile, marulun bitkisel üretim değerine ve tarımsal ekonomiye olan katkısını sürekli olarak güçlendirmektedir (Akbaş vd., 2021).

[1]Dr. Öğr. Üyesi, Hakkari Üniversitesi, Eğitim Fakültesi, Matematik ve Fen Bilimleri Eğitimi, Orcid: 0000-0001-6162-0500

[2]Ziraat Mühendisi, Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Bitki Koruma, Orcid: 0009-0009-4985-3729

[3]Prof. Dr., Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma, Orcid: 0000-0003-4020-9442

Özellikle yaşadığımız çağda artan nüfusa bağlı olarak gıda talebi de artmaktadır. Bu nedenle artan gıda talebine yönelik hızlı ve kolay üretilip ayrıca besin değeri yüksek ürünler daha çok rağbet görmektedir.

Bu ürünler arasında da marul bitkisi ön sırada yer almaktadır. Yılda birden çok hasatı yapılabilen bu yapraklı bitki Papatyagiller (*Asteraceae*) familyasının Astarales takımına mensuptur.

Yabani atasının *Lactuca serriola* olduğuna inanılan marul M.Ö. 2500 civarında Mısırda kaydedilmiş ve kültüre alınmış marulun yaklaşık 4500 yıldır tarımı yapılmaktadır. Tek yıllık bir bitki olan marulun anavatanı; Anadolu, Kafkasya, İran ve Türkistan olarak kabul görmektedir. Ayrıca Antik Mısırda bereket ve üremenin bir sembolü olarak bilinmektedir. Tarihi bu derece eskiye dayanan marulun Çin kültüründe de 'iyi şans' getirdiğine inanılır ve Çin yeni yılı gibi özel günlerde de servis edilmektedir. Bu bilgiler ışığında marul bitkisinin tarihi en eski tanımlanan bitkilere kadar dayandığı anlaşılmaktadır (Kandemir vd., 2021; Zhang vd., 2017).

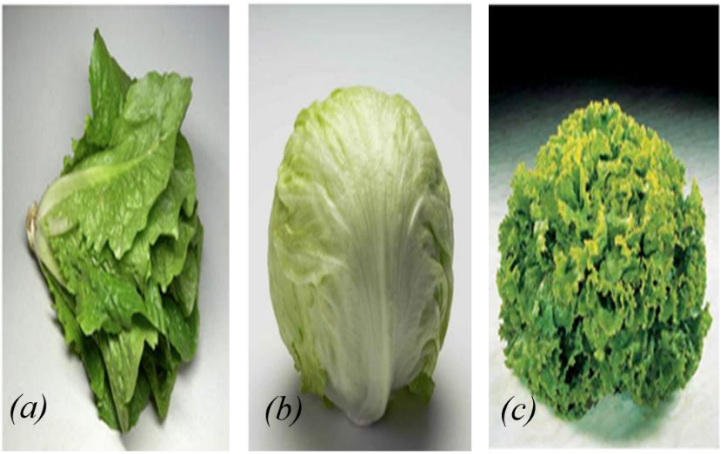
Kullanım alanı olarak çok geniş bir yelpazeye sahip olan marul (*Lactuca sativa* L.), salatalarda, dürümlerde ya da garnitür olarak da kullanılabilen bir sebzedir. Bu sebze gerek çiğ gerek suyu çıkartılarak ya da pişirilerek de tüketilebilir. Bununla beraber içerdiği polifenoller, karotenoidler ve klorofil gibi vücut sağlığına faydalı olan bileşiklere de ev sahipliği yapmaktadır. Sağlığa faydaları saymakla bitmeyen bu sebzenin sindirimi ve kan dolaşımını olumlu şekilde etkilediği bilinmektedir (Shi vd., 2022).

Kullanım alanı bu kadar geniş ve sağlık açısından çok faydalı olan bu bitkinin birçok çeşidi de mevcuttur. Bu çeşitler yaprak özelliklerine göre sıralandığında (Şekil 1);

- Kıvırcık yapraklı (*L. sativa* var. *crispa*),
- Göbekli (baş) (*L. sativa* var. *capitata*)

- Cos marul (*L. sativa* var. *longifolia*) olarak gruplandırılır (Zelyüt, 2016).

Şekil 1. (a) Cos Marul (b) Göbek Marul (c) Kıvırcık Marul



Kaynak: Anonim, (2011)

Cos marul 'Yedikule marulu' ve 'Roman marulu' olarak da bilinmektedir (Kandemir vd., 2021).

Ülkemizde birçok çeşidi mevcut olan marulun bitkisinin büyüyüp gelişmesi için sıcaklık da önemli bir faktördür. Marul tohumları için optimum sıcaklık değeri 18-21°C derece arasındadır ve 26 °C'nin üzerindeki sıcaklık değerleri tohumların çimlenmesini olumsuz etkilemektedir (Anonim, 2011).

Bunun yanında sıcaklık konusunda bu kadar seçici olan marulun toprak isteği bakımından o kadarda seçici olmadığı bilinmektedir. Organik maddece zengin kumlu-tınlı topraklarda daha iyi gelişebilen marullar tuzlu topraklara karşı hassastır. Marullar için toprakta en önemli şey toprağın nemli tutulmasıdır. Ancak toprak neminin fazla olması da anormal gelişmelere sebep olabilir. Bu yüzden aşırı yağış almamasına dikkat edilmelidir (Kandemir & Balkaya, 2022).

Genellikle ılıman iklimin görüldüğü yerlerde yetiştirilen bir sebze olan marulun ticari yönden üretimi genel olarak Ege, Akdeniz ve Marmara bölgelerinde yapılmaktadır. Yılın neredeyse her ayında üretimi yapılabilmektedir. Ancak Haziran ve Ağustos aylarında yapılamamaktadır. Kışlık sebzeler grubunda yer alan marulun seralarda, tarlalarda ve hidroponik sistem gibi yerlerde üretimi yapılabilmektedir. Bu sistemlerin kurulumundaki amaç üretimde devamlılığı arttırmaktadır (Küçük vd., 2024).

Bu derece önemli bir sebzenin Dünya genelinde belirli yerlerde yoğunlaştığı görülmektedir. Bu ülkeler arasında Çin en başta yer alırken ikinci sırada ABD ve bu ülkeleri Hindistan, İspanya ve İtalya gibi üretimin fazla olduğu ülkeler takip etmektedir. Türkiye ise marul üretiminin fazla olduğu ülkeler sıralamasında ilk 10 içerisinde yer almaktadır. Türkiye'de ise en çok marul üretilen yerler arasında Adana, Antalya, Mersin, Sakarya, Tokat ve Ankara yer almaktadır. Üretimin önemli bir kısmını ise örtü altı yetiştiricilik oluşturmaktadır (Balkaya vd., 2018).

Dünyada ve Türkiye de yaygın olarak üretilen ve önemli bir gelir kaynağı olan marul bitkisinin tarımı ekonomik açıdan stratejik öneme sahiptir. Sofraların vazgeçilmezi olan bu ürünün üretiminde ürünü verim kaybına uğratacak çeşitli hastalıklar mevcuttur. Bu hastalıkların başında ise bitki patojeni olan virüslerin neden olduğu viral hastalıklar gelmektedir. Bitki patojeni virüsler çeşitli yollarla bitkileri enfekte edebilmektedir. Bulaşma yolları arasında mekanik yolla, toprak aracılığıyla ya da vektörle taşınma gibi yollar bulunmaktadır. Bulaşma yollarından olan vektörler ile taşınma diğerleri gibi bitkinin pazar değerini düşürüp besin değerini azaltmaktadır. Bu derece önemli kayıplara yol açan vektörlerden biri de funguslar ile taşınmadır.

Fungus kaynaklı virüs hastalıklarından olan ve marul bitkisinde yaygın olarak görülen hastalıkların başında ise marul iri damar hastalığı gelmektedir. Marul iri damar hastalığına sebep olan

iki viral etmen bulunmaktadır. Bunlar Lettuce big vein associated virus (LBVaV) ve Mirafiori lettuce big vein virus (MiLBVV)'tür. Bu iki virüsün taksonomik ve genomik özellikleri şu şekildedir:

Lettuce Big Vein Associated Virus'ün Taksonomik ve Genomik Özellikleri

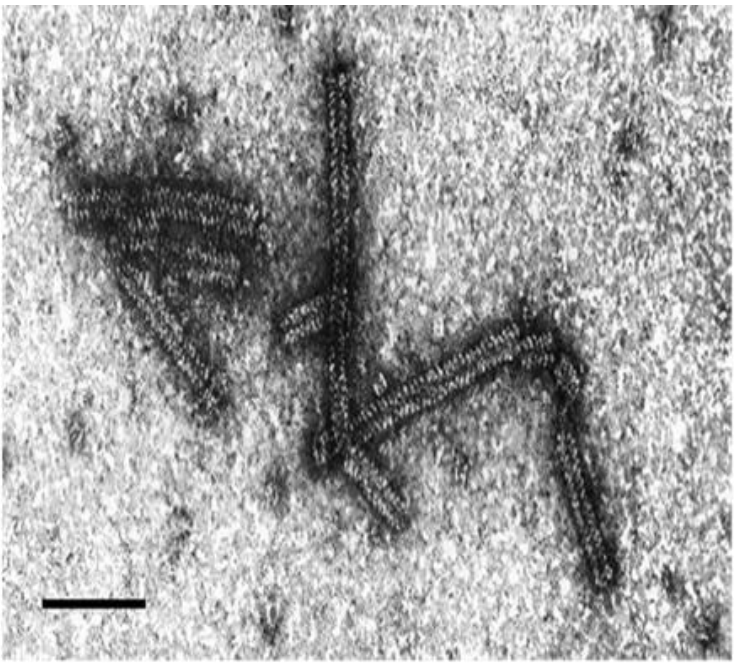
Dünya üzerinde bitkilerde önemli verim kayıplarına ve ekonomik kayıplara yol açan ve genellikle ılıman ikliminin hakim olduğu bölgelerde görülen Marul iri damar hastalığının etmenlerinden biri olan lettuce big vein associated virus (LBVaV) olarak adlandırılan marul iri damar virüsü ile de yayılmaktadır. Lettuce big vein associated virusu'nun enfekte etmesi ile meydana gelen bu hastalık toprak kökenli bir fungus olan *Olpidium brassicae* aracılığı ile taşınmaktadır. Bu virüs Rhabdoviridae familyasında yer alır ve Varicosavirus cinsine ait bir virüs olarak da bilinir. (Lot vd., 2002). 2024 yılında alınan kararla yeni ismi*; Varicosavirus lactucae* olmuştur. Ayrıca diğer virüslere nazaran fungus üzerinden taşınan bu virüsün diğer virüslerden ayrılan bir yönü de enfekte ettiği *Olpidium* fungusunun toprakta 20 yıl boyunca canlılığını yitirmeden sporlar üretebilmesidir. Bu yönünden de anlaşıldığı üzere bu hastalık etmeni ile doğru mücadele edilmez ise tarım alanlarında büyük kayıplara yol açabilmektedir (Campbell, 1985).

Ayrıca *Olpidium brassicae* olarak adlandırılan fungusun *Olpidium*'un çeşitli türlerinde yapılan son biyolojik ve moleküler analizlerden sonra *Olpidium brassicae* dışında *O. bornovanus* ve *O. virulentus*'unda marulda iri damar hastalığının vektörü olduğu bildirilmiştir. *Olpidium*'un varlığı korteks kök hücrelerini dolduran zoosporangiumların ve yıldız şeklinde dinlenme sporlarının varlığıyla da anlaşılmaktadır (Herrera-Vasquez vd., 2009).

Önemli kayıplara yol açan bu hastalık etmeni ilk defa 1934 yılında Amerika'nın California eyaletinde rastlanılmış ve marulda kahverengi yanıklık semptomlarına benzetilmiştir. Daha sonradan

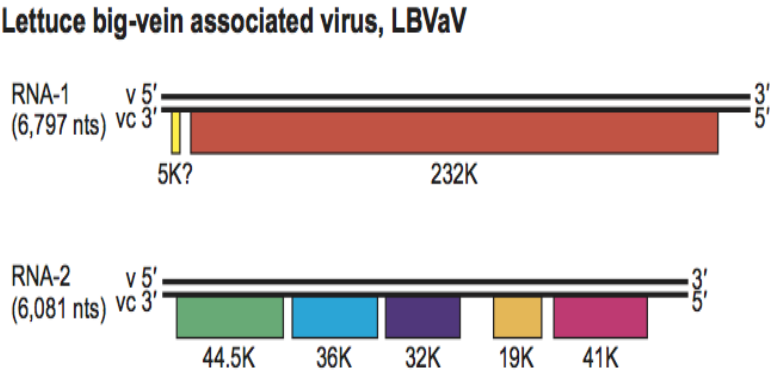
bu enfeksiyonun sebebinin Lettuce big vein associated virus (LBVaV) olduğu belirlenmiştir. (Jagger & Chandler,1934) Yapı olarak tek sarmallı RNA içeren ve çubuk şeklinde olan bu virüsün 2000'li yıllara gelindiğinde ise Mirafiori lettuce big vein virus olarak adlandırılan bir virüs cinsi ile birlikte enfeksiyona sebep olduğu öne sürülmüştür (Roggero vd., 2000) (Şekil 2, Şekil 3).

Şekil 2 Lettuce big vein associated virus'ün elektron mikroskop görüntüsü



Kaynak: ICTV, (2026)

Şekil 3 Lettuce big-vein associated virus genom organizasyonu

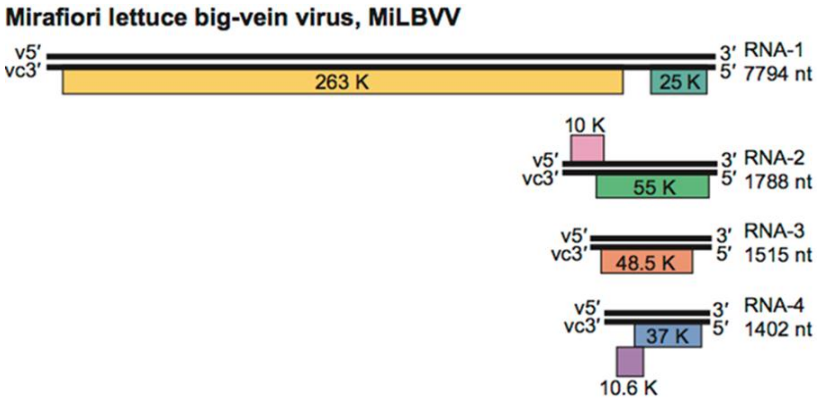


Kaynak: ICTV, (2026)

Mirafiori Lettuce Big Vein Virus (MiLBVV)'ün Taksonomik ve Genomik Özellikleri

Marul iri damar hastalığına neden olan diğer bir viral etmen ise Mirafiori lettuce big vein virus (MiLBVV)'tür. Bu iki virüs her ne kadar aynı hastalığına sebep olsa da iki virüsün de birbirinden ayrılan belirgin özellikleri bulunmaktadır. Bu özellikler şu şekilde bildirilmiştir: Mirafiori lettuce big vein virus ipliksi formdadır ve tek 5) iplikçikli RNA (-ssRNA)'ya sahiptir (Alan, 2012) (Şekil 4, Şekil 5). MiLBVV Ophiovirus cinsine aittir ve yeni ismi; *Ophiovirus mirafioriense* olmuştur.

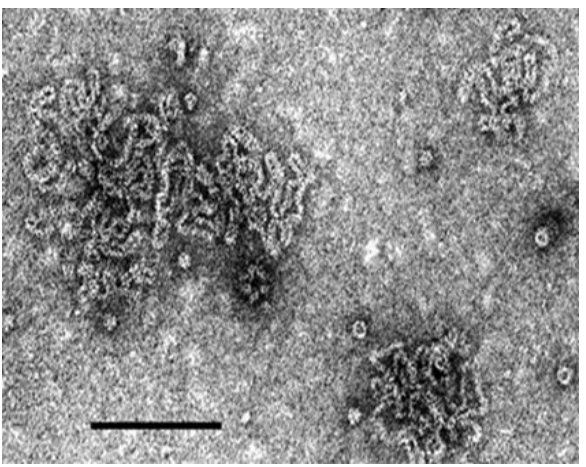
Şekil 4 Mirafiori Lettuce big-vein virus genom organizasyonu



Kaynak: Van der Wilk vd., 2002; uyarlanmış, ICTV üzerinden

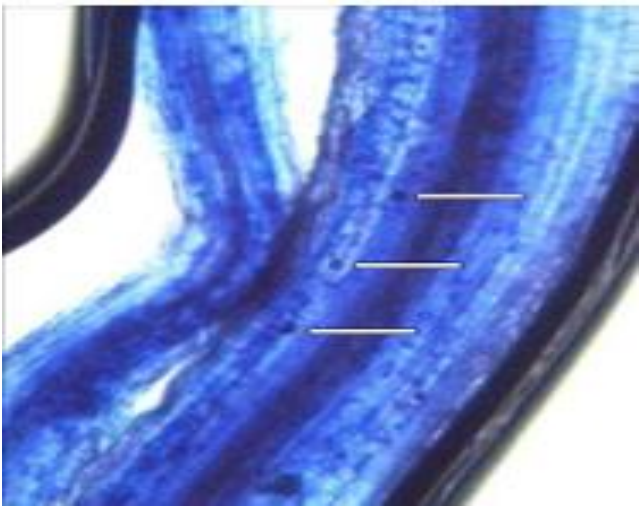
Bu iki virüs arasındaki ayrımı görmek amacı ile Sasaya vd., (2008) yaptığı çalışmada Western blotlama yöntemi kullanılmış ve hıyar ve marul gibi iki farklı bitki üzerinde yapılan çalışma sonucunda iki virüsün birlikte enfeksiyona sebep olduğu anlaşılmıştır.

Şekil 5 Mirafiori lettuce big vein virus'ünün elektron mikroskop görüntüsü



Kaynak: ICTV, (2026)

Şekil 6 Köklerinde Olpidium spp.'nin bulunduğu marul bitkisinin görüntüsü.



Kaynak: Erdaş & Çulal Kılıç, (2022)

Virüs, *Olpidium spp.* toprak fungusu ile taşınmaktadır. Obligat bir parazit olan bu fungus Chytridiomycetes sınıfı içinde yer almakta ve marul bitkisinin köklerinde bulunmaktadır (Zelyüt, 2016; Zelyüt & Ertunç, 2021) (Şekil 6).

Ekonomik Önemi

Marul iri damar hastalığına neden olan iki tane viral etmen bulunmaktadır. Dolayısıyla iki virüsün birlikte bitkiyi enfekte etmesi bitkiyi daha az dayanıklı yapmakta ve bitkiyi verim kayıplarına uğratmaktadır.

İki virüsün eş zamanlı enfeksiyonu, bölgesel faktörlere bağlı olarak %70 ile %100 arasında değişen önemli verim kayıplarına yol açabilmektedir (Herrera-Vásquez vd., 2009).

Şekil 7 Marul iri damar virüsünün enfekte ettiği bitkilerde görülen belirtiler



Kaynak: Sağlam & Kamberoğlu, (2021)

Ayrıca toprak kökenli bir hastalık olduğu için ve mücadelesi konusunda hala etkin bir çözüm bulunamadığı için kontrol altına alınması zordur.

Hastalık anormal damar büyümesine, yaprak deformasyonlarına ve yapraklarda çirkin bir görüntü oluşmasına neden olur. Bu durum da hasat edilen bitki sayısının azalmasına ve marulun piyasa değerinin düşmesine neden olmaktadır. Tüm bu nedenlerden dolayı bitki ekonomik olarak önemli oranda kayıplara neden olmaktadır (Zink & Grogan, 1954) (Şekil 7).

Türkiye'deki Durumu

Hatay ilinde 2011-2012 yılları arasında enfekteli olduğu şüphesiyle marul ve ıspanak bitkilerini baz alarak yapılan bir çalışmada elde edilen bulgular şu şekildedir:

Marul örneklerinde %67.9 ve ıspanak örneklerinde %38.8 virüs enfeksiyonu olduğu gözlenmiştir. Mekanik inokulasyon ve

DAS-ELISA ile test edilen 53 marul örneğinde LMV (%47.1), MiLBVV (%11.3), TSWV (%5.6) ve CMV (%3.7) ve 18 ıspanak örneğinde ise, CMV (%16.6), TSWV (%11.1), LMV (%11.1) belirlenmiştir. Bu çalışmadaki bu bulgular ışığında marul iri damar hastalığına sebep olan faktörlerden biri olan Mirafiori lettuce big vein virus'ün yaygınlığı Türkiye de saptanmıştır (Sertkaya, 2015).

2014 ve 2015 yılları arasında Ankara'da iki yıl süren saha çalışması ile 544 marul örneği toplanmıştır. Bu örnekler, MiLBVV, Marul mozaik virüsü (LMV), hıyar mozaik virüsü (CMV) ve Domates benekli solgunluk virüsü (Tomato spotted wilt virus: TSWV) ile enfekte olduğu şüphesi ile DAS-ELISA testine tabi tutulmuştur. Bu örneklerin içerisinde diğer enfeksiyonlar dışında 39 MiLBVV enfekteli izolata rastlanmıştır. RT-PCR testi yapılan 6 örnekten 5'inde Marul iri damar hastalığına sebep olan MiLBVV ve LBVaV'nin birlikte enfeksiyon yaptığı tespit edilmiştir. Ayrıca bu virüslerin taşıyıcısı olan *Olpidium* spp.'nin köklerdeki durumunu belirlemek amacı ile mikroskop altında gözlemler yapılmıştır. Yapılan gözlemler sonucunda 146 kökte dinlenme sporu gözlemlenerek rapor edilmiştir (Ertunç & Zelyüt, 2019; Zelyüt & Ertunç, 2021).

2015-2017 yılları arasında Mersin ve Adana illerinde MiLBVV ve LBVaV tanımlanması ve bu virüslerin sebep olduğu marul iri damar hastalığının belirlenmesi ile ilgili yapılan çalışmada; şüpheli 160 marul bitkisinden örnek alınmış ve DAS-ELISA testi sonucu 52 adet örneğin MiLBVV ile enfekte olduğu bildirilmiştir. MiLBVV ya da MiLBVV+LBVaV ikisinin birlikte sebep olduğu enfeksiyondan kaynaklandığı belirlenmiştir. Ancak LBVaV'nın tek başına sebep olduğu enfeksiyon gözlenmemiştir. Ayrıca MiLBVV izolatlarının filogenetik ağaçta ayrı gruplar oluşturduğunda gözlenmiştir (Sağlam & Kamberoğlu, 2019).

Antalya ili marul üretimi yönünden Türkiye'de önemli bir konuma sahiptir. 2019-2021 yılları arasında Antalya ilinde Mirafiori

lettuce big vein virus'ün belirlenmesine yönelik bir survey yapılmıştır. Bu araştırma Serik, Finike, Muratpaşa, Aksu ve Kaş ilçelerinde örtü altı marul üretim alanlarında sonbahar ve kış yetiştirme döneminde yürütülmüştür. Yürütülen bu çalışmada mozaik, kloroz, bodurluk gibi belirtiler gösteren 240 marul örneği toplanıp DAS-ELISA yöntemi ile test edilmiştir. Örneklerin 44 tanesi MiLBVV ile enfekteli bulunmuştur. Absorbans değeri yüksek olan 29 örnek ise total RNA izolasyonu ve RT-PCR testlerinde kullanılmıştır. Agaroz jel elektroforezinde ise beklenen seviyede bant gözlenmiştir. Daha sonra enfekteli köklerde *Olpidium* spp.'nin spor yapısı gözlenmiştir ve bu çalışma Antalya ili marul üretim alanlarında MiLBVV'nin varlığını serolojik ve moleküler olarak ilk defa ortaya koyan çalışma niteliğindedir (Erdaş & Çulal Kılıç, 2022).

İç Anadolu bölgesinde yapılan bir çalışmada marul bitkisini enfekte eden viral etmenleri incelemek amacı ilw 164 adet örnek toplanmıştır. Toplanan örnekler arasında MiLBVV ve LBVaV de bulunduğu 14 farklı virüs tespit edilmiştir. Ayrıca yapılan testler ve analizler sonucunda en yaygın viral etmenlerin LBVaV ve MiLBVV olduğu bildirilmiştir. (Akbaş vd., 2021)

Yeşil ve Ağca'nın Konya ilinde yaptıkları bir çalışmaya ise şu şekilde yön verilmiştir: Konya ilinin Meram, Karatay, Çumra, Kaşınhanı, Ilgın ve Çeltik ilçelerinde yürütülen survey de 2020 yılında marulda görülen virüs hastalıklarının tespiti için 6'sı yabancı ot olan 97 marul bitkisi örneğinde TSWV (%27,83), LMV (%12,37), CMV (%10,31) ve MiLBVV (%5,15) enfeksiyonları tespit edilmiştir. Yabancı ot örneklerinde ise; CMV (%83,33), LMV (%66,66) ve TSWV (%50) enfeksiyonları gözlenmiştir. Enfeksiyon gözlenen bu bitkiler Arazi çıkışlarında, rasgele seçilen her bir marul tarlasından alınmış ve bu tarlalardaki virüs ve virüs benzeri belirti gösteren marul bitkilerinden ve bu marulların çevresindeki yabancı otlardan elde edilmiştir. Daha sonra da bu örnekler çeşitli testlere

tabi tutularak enfeksiyona sebep olan faktörler anlaşılmıştır ve bu bilgilerin ışığında Konya ilinde marul bitkisindeki bu virüslerin enfeksiyonu ilk kez saptanmıştır (Yeşil & Ağca, 2021).

Konukçuları

Tablo 1 Marul iri damar virüsünün konukçularının tablosu

Bilimsel Adı	Yaygın Adı	Familya	MiL BVV	LBVaV	Konukçu Tipi	Kaynak
Lactuca sativa	Marul	*Asteraceae*	✓	✓	Doğal ana konukçu	van der Wilk vd., 2002
Lactuca serriola	Yabani marul	*Asteraceae*	✓	✓	Doğal/rezervuar	Roggero vd., 2000
Chenopodium quinoa	Kinoa	*Amaranthaceae*	✓	✓	Deneme bitkisi	Verbeek vd., 2010
Chenopodium amaranticolor	Chenopodium	*Amaranthaceae*	✓	✓	İndikatör bitki	Verbeek vd.., 2010
Nicotiana benthamiana	Tütün	*Solanaceae*	✓	✓	Deneme konukçusu	Lot vd., 2002
Nicotiana occidentalis	Yabani tütün	*Solanaceae*	✓	✓	Deneme konukçusu	Lot vd., 2002
Spinacia oleracea	Ispanak	*Amaranthaceae*	±	✓	Sınırlı konukçu	Roggero vd., 2000
Beta vulgaris	Pancar	*Amaranthaceae*	±	✓	Deneysel konukçu	Literatür

Taşınma Yolları

Marul iri damar hastalığının taşınma yolları açıklanacak olursa;

1. Vektörle taşınma

Doğal ve en önemli taşınma yollarından biridir. Marul iri damar virüsünün vektörü *Olpidium brassicae*'dır. Vektörle taşınma sırasında *O. brassicae*'nın zoosporları toprakta yaşamını devam ettirirken bitki köklerine bulaşma gerçekleşir. Canlılığını 20 yıl boyunca devam ettiren sporlar bu sayede neredeyse bitkilerin tümünü etkileyebilir (Lot vd., 2002). Son yıllarda yapılan çalışmalar ile *Olpidium brassicae* dışında *O. bornovanus* ve *O. virulentus*'unda marulda iri damar hastalığının vektörü olduğu bildirilmiştir (Herrera- Vasquez vd., 2009).

2. Mekanik Yolla Bulaşma

Hastalıklı bitki özsuyunun sağlıklı bitki özsuyu ile teması sonucunda bitkinin hastalandığı bildirilmiştir. Fakat bu taşınma şeklinin düzensiz olduğu ve her bitkide görülmediği rapor edilmiştir (Lot vd., 2002).

Simptomatoloji

MiLBVV ve LBVaV genellikle marul iri damar hastalığının ortaya çıkmasında beraber rol oynamaktadırlar. Hastalığın tipik belirtileri damarların belirginleşmesi hatta ağsı bir görünüm alması şeklinde olur ve bu belirginleşme ana damarların kalınlaşması, diğer damarların ise açık yeşil ve beyazımsı bir hale gelmesi olarak seyreder. Diğer yandan yapraklar buruşmuş, baş boyutu küçülerek uzamış ve yapraklar üzerinde açık ve koyu yeşil düzensiz lekeler ve kloroz belirtileri gözlenir (Shimaa vd., 2019; Zelyüt, 2016) (Şekil 8, Şekil 9, Şekil 10).

Şekil 8 Yapraklardaki damarların ağsı yapısı, bitkideki anormal renk değişimleri.



Kaynak: Erdaş & Çulal Kılıç, (2022)

Şekil 9 Marul iri damar hastalığının yaprakta oluşturduğu ağ görüntüsü



Kaynak: Erdaş & Çulal Kılıç, (2022)

Şekil 10 Marul bitkisinde baş büyüklüğünde azalma ve deformasyon



Kaynak: Erdaş & Çulal Kılıç, (2022)

Teşhis Yöntemleri

- Simptomların gözlenmesi,
- DAS-ELISA,
- RT-PCR / Multiplex RT-PCR,
- Dot blot hybridization,
- Elektron mikroskobu yöntemleri kullanılmaktadır.

Bu yöntemlerin kullanıldığı ve uygulamaların başarılı sonuçlandığını anlatan çalışmalar bildirilmiştir.

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Marul iri damar hastalığının vektörü olan *Olpidium* spp. fungusu, toprak kaynaklı ve ayrıca toprakta 20 yıl boyunca canlı kalabilme özelliğine sahip olduğundan dolayı kontrol altına alınması ve mücadele edilmesi zor bir hastalıktır. Bu nedenle marul iri damar hastalığını kontrol altına almak amacıyla dikkat edilmesi gereken noktalar şu şekilde sıralanabilir. Buna göre;

- Hastalıksız, temiz marul fideleri ve tohumları kullanılmalıdır.
- Ekim dikim hasat sırsında temiz alet, makine ve ekipman kullanılmalıdır.
- Kullanılan sulama suyu temiz olmalıdır.
- Dikim yapılan toprağın drenajı iyi olmalıdır.
- Dayanıklı çeşitler kullanılmalıdır.
- Bu stratejilere ek olarak konukçusu olan yabancı otlarla mücadele edilmelidir.

Kaynakça

Akbaş, B., Morca, A. F., & Coşkan, S. (2021). Ankara, Eskişehir ve Konya illeri marul üretim alanlarında görülen viral hastalık etmenlerinin tespiti. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 31*(2), 387–395. https://doi.org/10.29133/yyutbd.818644

Alan, B. (2012). *Doğu Akdeniz Bölgesi'nde yetiştirilen bazı kışlık sebzelerde hastalık yapan virüslerin tanılanması ve karakterizasyonu* (Doktora tezi, Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü).

Alemzadeh, E., & Izadpanah, K. (2012). Occurrence and partial characterization of Lettuce big vein associated virus and Mirafiori lettuce big vein virus in lettuce in Iran. *Indian Journal of Virology, 23*(3), 354–358.

Anonim, (2011). *Bileşik çiçekli sebzeler yetiştiriciliği*. MEGEP.

Araya, C., Peña, E., Salazar, E., Román, L., Medina, C., Mora, R., & Rosales, I. M. (2011). Symptom severity and viral protein or RNA accumulation in lettuce affected by big-vein disease. *Chilean Journal of Agricultural Research, 71*(1), 63–69.

Balkaya, A., Sarıbaş, Ş., & Özgen, T. (2018). Türkiye'de kışlık sebze türlerinin tarımsal üretimdeki yeri ve önemi. *Journal of TURKTOB, 5*(20), 8–12.

Campbell, R. N. (1985). Longevity of Olpidium brassicae in air-dry soil and the persistence of the lettuce big-vein agent. *Canadian Journal of Botany, 63*(12), 2288–2289.

Erdaş, E., & Çulal Kılıç, H. (2022). Antalya ili marul üretim alanlarında Mirafiori marul iri damar virüsü (MiLBVV)'nün belirlenmesi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*

Dergisi, 26(2), 245–251. https://doi.org/10.19113/sdufenbed.1050253

Ertunç, F., & Zelyüt, F. R. (2019). Ankara ilinde marulda görülen virüs hastalıkları. *Uluslararası Tarım, Ormancılık ve Yaşam Bilimleri Dergisi, 3*(2), 202–206.

Hartwright, L. M., Hunter, P. J., & Walsh, J. A. (2010). A comparison of Olpidium isolates from a range of host plants using internal transcribed spacer sequence analysis and host range studies. *Fungal Biology, 114*(1), 26–33.

Herrera-Vásquez, J. Á., del Carmen Cebrián, M., Alfaro-Fernández, A., del Carmen Córdoba-Sellés, M., & Jordá, C. (2009). Multiplex PCR assay for the simultaneous detection and differentiation of Olpidium bornovanus, O. brassicae, and O. virulentus. *Mycological Research, 113*(5), 602–610.

ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) (n.d.). 2026. *Ophioviridae*. https://ictv.global/report/chapter/ophio/ophiofamily/ophio

ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) (n.d.). 2026. *Varicosavirus*. https://ictv.global/report/chapter/rhabdoviridae/rhabdoviridae/varicosavirus

Jagger, I. C., & Chandler, N. (1934). Big vein, a disease of lettuce. *Phytopathology, 24*(11).

Kandemir, D., & Balkaya, A. (2022). Türkiye'de marul yetiştiriciliği, sorunları ve çözüm önerileri. *Tarım Gündem Dergisi*, 58.

Kandemir, D., Şahin, G. T., Balkaya, A., & Sarıbaş, Ş. (2021). Kıvırcık ve Yedikule tipi marul çeşitlerinin kök gelişimi ve kök sistemi mimarisi yönünden incelenmesi. *Manas Journal of*

Agriculture Veterinary and Life Sciences, 11(2), 120–130. https://doi.org/10.53518/mjavl.993251

Küçük, R., Ersoy, L., Altuntaş, Ö., & Durak, A. (2024). K-feldispat uygulamalarının iceberg marul yetiştiriciliğinde verim ve kalite özellikleri üzerine etkisi. *Ereğli Tarım Bilimleri Dergisi, 4*(1), 41–49.

Lot, H., Campbell, R. N., Souche, S., Milne, R. G., & Roggero, P. (2002). Transmission by Olpidium brassicae of Mirafiori lettuce virus and Lettuce big-vein virus, and their roles in lettuce big-vein etiology. *Phytopathology, 92*(3), 288–293.

Navarro, J. A., Botella, F., Maruhenda, A., Sastre, P., Sánchez-Pina, M. A., & Pallás, V. (2004). Comparative infection progress analysis of Lettuce big-vein virus and Mirafiori lettuce virus in lettuce crops by developed molecular diagnosis techniques. *Phytopathology, 94*(5), 470–477.

Roggero, P., Ciuffo, M., Vaira, A. M., Accotto, G. P., Masenga, V., & Milne, R. G. (2000). An ophiovirus isolated from lettuce with big-vein symptoms. *Archives of Virology, 145*(12), 2629–2642.

Sağlam, H. N., & Kamberoğlu, M. A. (2019). Türkiye'nin Adana ve Mersin illerindeki marul (Lactuca sativa L.) bitkilerinde marul büyük damar hastalığının (LBVD) tanımlanması ve karakterizasyonu. *Akdeniz Tarım Bilimleri Dergisi, 32*(3), 315–321. https://doi.org/10.29136/mediterranean.616046

Sağlam, H. N., & Kamberoğlu, M. A. (2021). Adana ve Mersin illerinde marul yetiştirilen alanlarda marul mozaik virüsü (Lettuce mosaic virus, LMV)'nün saptanması ve karakterizasyonu. *Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 26*(2), 257–265. https://doi.org/10.37908/mkutbd.82253

Sasaya, T., Fujii, H., Ishikawa, K., & Koganezawa, H. (2008). Further evidence of Mirafiori lettuce big-vein virus but not of Lettuce big-vein associated virus with big-vein disease in lettuce. *Phytopathology, 98*(4), 464–468.

Sertkaya, G. (2015). Hatay ili marul ve ıspanak alanlarında bazı virüslerin araştırılması. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 20*(1), 7–12.

Shi, M., Gu, J., Wu, H., Rauf, A., Emran, T. B., Khan, Z., et al. (2022). Phytochemicals, nutrition, metabolism, bioavailability, and health benefits in lettuce—A comprehensive review. *Antioxidants, 11*(6), 1158.

Shimaa, A. M., Wagih, E. E., & Mervat, M. M. (2019). Pathological and molecular characterisation of Lettuce big-vein virus and associated virus from Egypt. *Alexandria Journal of Agricultural Sciences, 64*(3), 193–202.

van der Wilk, F., Dullemans, A. M., Verbeek, M., & van den Heuvel, J. F. J. M. (2002). Nucleotide sequence and genomic organization of an ophiovirus associated with lettuce big-vein disease. *Journal of General Virology, 83*(11), 2869–2877. https://doi.org/10.1099/0022-1317-83-11-2869

Verbeek, M., Dullemans, A. M., van Bekkum, P. J., & van der Vlugt, R. A. A. (2010). Evidence for Lettuce big-vein associated virus as the causal agent of a syndrome of necrotic rings and spots in lettuce. *European Journal of Plant Pathology, 128*, 207–218.

Yeşil, S., & Ağca, H. İ. (2021). Determination of virus diseases on lettuce in Konya province. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology, 9*, 2532–2536.

Zelyüt, F. R. (2016). *Ankara ili marul ekim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi* (Yüksek lisans tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü).

Zelyüt, F. R., & Ertunc, F. (2021). Population genetic analysis of lettuce big-vein disease viruses and their vector fungi Olpidium virulentus in Ankara province, Turkey. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 113, 101593.

Zhang, L., Su, W., Tao, R., Zhang, W., Chen, J., Wu, P., et al. (2017). RNA sequencing provides insights into the evolution of lettuce and the regulation of flavonoid biosynthesis. *Nature Communications, 8*(1), 2264.

Zink, F. W., & Grogan, R. G. (1954). The interrelated effects of big vein and market price on the yield of head lettuce. *Plant Disease Reporter, 38*, 844–846.

BÖLÜM 15

Orthotospovirus tomatomaculae (Tomato spotted wilt virus, TSWV)

SEVDİYE YORGANCI[1]
YUNUS EMRE USLU[2]

Giriş

Dünyada ve ülkemizde domates üretimi yapılan alanlarda ciddi verim ve kalite kayıplarına neden olan TSWV, sebzeler içerisinde önemli bir bitki olan domateste hastalık yapan virüslerin içerisinde en tahripkâr ve en yaygın olanlarından birisidir. TSWV' nün *Solanaceae* familyası üyelerinden domates başta olmak üzere biber, marul, tütün, yerfıstığı, süs bitkileri ve yabancı otların da dahil olduğu 84 familyada 1000'e yakın bitki türünde hastalık yaptığı bildirilmiştir (Gordilla vd., 2008). *Bunyaviridae* familyası Orthotospovirus grubuna ait olan Domates lekeli solgunluk virüsü, izometrik yapıda zarflı partiküle sahip bir bitki virüsüdür. Tek iplikli

[1] Dr. Öğr. Üyesi, Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-5894-4819
[2] Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0001-5930-5085

yapıda olup 3 farklı RNA'dan meydana gelen (tripartite) genom yapısı ile 8.9 kb'lık L-RNA, 5.4 kb'lık M-RNA ve 2.9 kb'lik S-RNA'dan oluşmaktadır (Haan, 1990). TSWV'nün taşınması mekaniksel olarak, çok düşük oranda tohumla ve vektör tripsler ile olmaktadır (Uslu vd., 2025). Hastalığı *Thrips*, *Scirtothrips*, *Frankliniella* cinsine ait dokuz trips türü sirkülatif-propagatif olarak taşıyabilmektedir. Bu türler arasında *Frankliniella occidentalis* ve *Thrips tabaci* TSWV' nin taşınımında etkin türler olarak yer almaktadır (Coutts & Jones, 2005). Dünyada küresel ısınma nedeniyle sıcaklık artışı buna bağlı olarakta kuraklık gün geçtikçe artmaktadır (Partigöç & Soğancı., 2019). Sıcaklık artışı ile vektörlerin üreme sezonu da uzamaktadır. Bu durum, daha fazla üreme döngüsüne ve dolayısıyla daha fazla popülasyona yol açmakta bununla birlikte vektör popülasyonunun artması TSWV' nin bu yüksek popülasyonlar ile daha fazla yayılabilmesine neden olmaktadır. İklim değişikliği nedeniyle vektör popülasyonlarındaki bu artış birçok virüs hastalığının daha fazla yayılmasına da neden olmaktadır (Bergant vd., 2005; Akbaş vd., 2021). Hastalığın dünyadaki tarımsal ürünlerde her yıl 1 milyar dolardan fazla ekonomik kayba neden olduğu bildirilmiştir (Uhrig vd., 1999; Griep vd., 2000). Türkiye' de TSWV' nin domatesin fizyolojik yapısı ve enfeksiyon dönemine göre ortalama %45 ile %95 oranları arasında zarara yol açtığı belirtilmektedir. (Şevik, 2007).

Taksonomi ve Genel özellikler

Domates lekeli solgunluk virüsü (Tomato spotted wilt virus, TSWV), (Brittlebank, 1919) günümüzde sebzeler başta olmak üzere birçok kültür bitkisini etkileyen önemli virüslerden biri olarak kabul edilmekte olup bu hastalığa ilişkin ilk kayıt, 1915 yılında Avustralya'da domateslerde gözlemlenen "lekeli solgunluk" belirtilerine dayanmaktadır (Brittlebank, 1919). Söz konusu hastalığın bir virüs olduğu ise ilk kez Samuel vd., (1930) tarafından ortaya konmuş; aynı çalışmada virüsün Thrips (*Thysanoptera*)

türleri aracılığıyla bulaştığı da bildirilmiştir. TSWV' nin zarflı yapısı 1960'lı yılların ortasında elektron mikroskobu çalışmalarıyla aydınlatılmış, genomik organizasyon ve moleküler karakterizasyon ise ancak 1990'lı yılların başında gerçekleştirilebilmiştir. Bunun nedeni, virüsün obligat bir patojen olması ve keşfedildiği yıllara bağlı teknik eksikliklerden kaynaklanmasıdır (Black vd., 1963; Best vd., 1964).

TSWV, *Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi* (ICTV) tarafından yürütülen kapsamlı yeniden değerlendirmeler çerçevesinde günümüzde aşağıdaki taksonomik hiyerarşide yer almaktadır:

- **Alem:** *Riboviria*
- **Şube:** *Negarnaviricota*
- **Sınıf:** *Bunyaviricetes*
- **Takım:** *Elliovirales*
- **Familya:** *Tospoviridae*
- **Cins:** *Orthotospovirus*
- **Tür:** *Orthotospovirus tomatomaculae*

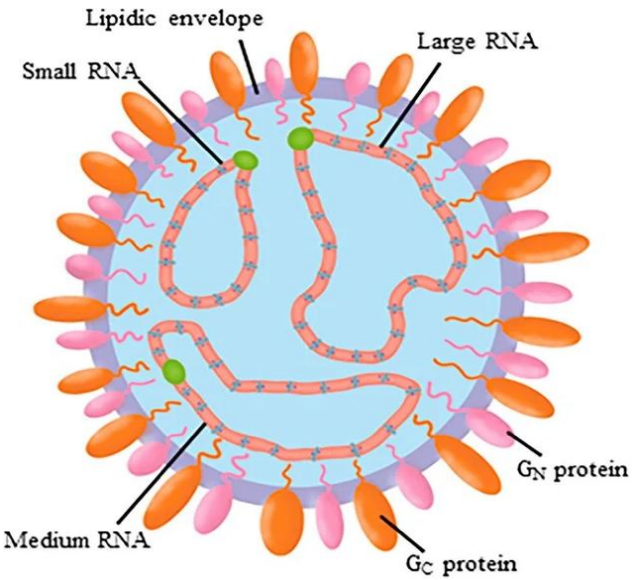
Virüs, 2019 yılına kadar *Bunyavirales* takımı bünyesinde *Tospovirus* cinsi adıyla sınıflandırılmaktaydı. Söz konusu yılda ICTV, *Bunyavirales* takımını iki yeni familya ve dört yeni altfamilyanın eklenmesiyle genişletmiş; *Tospovirus* cinsi *Orthotospovirus* olarak yeniden adlandırılmış ve *Tospoviridae* familyası yeniden düzenlenmiştir (Abudurexiti vd., 2019). Bu yeniden yapılanmada, 1990'ların ortasından itibaren hızlanan bitki-virüs interaksiyonu çalışmaları ile ortaya çıkan çok sayıda yeni tospovirus türünün dahil edilmesi belirleyici rol oynamıştır. Daha sonra, 2024 yılında gerçekleştirilen bir başka ICTV kararıyla *Ellioviricetes* sınıfı *Bunyaviricetes* olarak, *Bunyavirales* takımı ise

Elliovirales olarak yeniden isimlendirilmiş; büyüyen ve çeşitlenen bu viral grubu daha doğru biçimde yansıtmak amacıyla *Hareavirales* adında yeni bir takım kurulmuştur (Kuhn vd., 2024). Güncel sınıflandırmada TSWV, *Elliovirales* takımı içinde konumlanan *Tospoviridae* familyasının alt türü olma özelliğini korumaktadır.

Yapısı ve Morfolojisi

TSWV, zarflı bir virüs olup, virüs partikülü (virion), iç içe geçmiş iki temel bileşenden oluşmaktadır. Bunlardan ilki dışta koruyucu bir lipid zarf diğeri ise içte viral genetik materyali taşıyan nükleokapsid kompleksleridir (Şekil 1). Elektron mikroskobu çalışmalarıyla ortaya konulan bu yapı, virüs partikülünün küresel ya da hafif düzensiz-küresel bir görünüme sahip olduğunu ve çapının 80-120 nm arasında değiştiğini göstermektedir (Black vd., 1963; Kikkert vd., 1999).

Şekil 1. TSWV virüs partikülünün bileşenleri



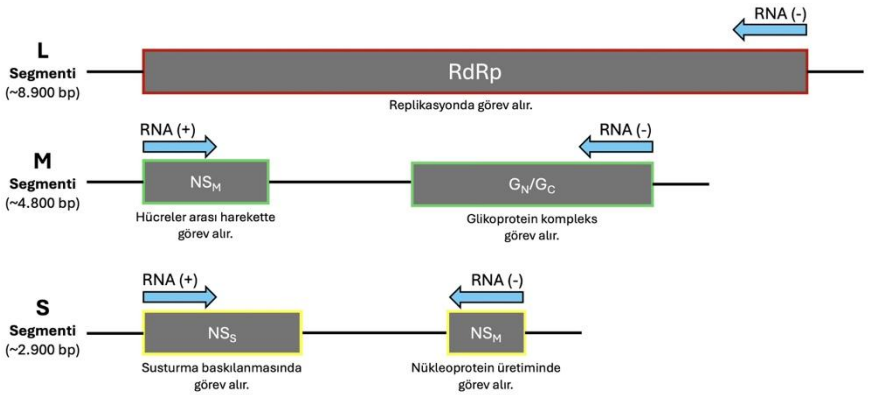
Kaynak: Tiberini vd., (2025)

Virüsün en dış katmanını oluşturan zarf, virüsün kendisi tarafından sentezlenmez. Virüs, konukçu hücrenin endoplazmik retikulum ve golgi aygıtı organellerini kullanarak bu sentez aşamasını gerçekleştirir. Virüsün yapısında bulunan viral Gn proteini golgi tutunma sinyali aracılığıyla golgi kompleksine yönelirken, Gc proteini de bu etkileşim sayesinde golgiye ulaşmaktadır. Nükleokapsid kompleksleri bu golgi membranlarına yaklaştığında, membran partikülün etrafını sararak olgun virüs partikülü oluşumu tamamlanır (Kikkert vd., 1999; Ribeiro vd., 2009; Ribeiro vd., 2013).

Lipid zarfın dış yüzeyinde Gn (~78 kDa) ve Gc (~58 kDa) adlı iki glikoprotein bulunmaktadır. "Glikoprotein" terimi, şeker molekülleriyle modifiye edilmiş protein anlamına gelmekte olup bu iki protein virionun yüzeyinde tokmak benzeri çıkıntı şeklinde bulunmaktadır. Gn proteini vektör thrips böceklerinin bağırsak epitel hücrelerine tutunmayı sağlarken, Gc proteini virüsün konukçu hücre zarıyla birleşmesinde (füzyon) aktif rol üstlenir (Liang vd., 2024).

Virüs partikülünün iç kısmında, S, M ve L olmak üzere her biri ayrı ayrı paketlenmiş üç RNA segmenti yer almaktadır (Şekil 2). Bu RNA segmentlerinin her biri, nükleokapsid proteini (N proteini, ~29 kDa) tarafından sarılarak ribonükleokapsid (RNP) adı verilen kompleksleri oluşturur. Böylece, N proteini, viral RNA'yı bir kılıf gibi çevreleyerek onu hem dış etkenlerden korur hem de replikasyon ve transkripsiyon süreçleri için gerekli RNA şablonunu hazır tutar (Guo vd., 2017).

Şekil 2. TSWV'nin genom organizasyonu ve viral proteinlerinin görevi



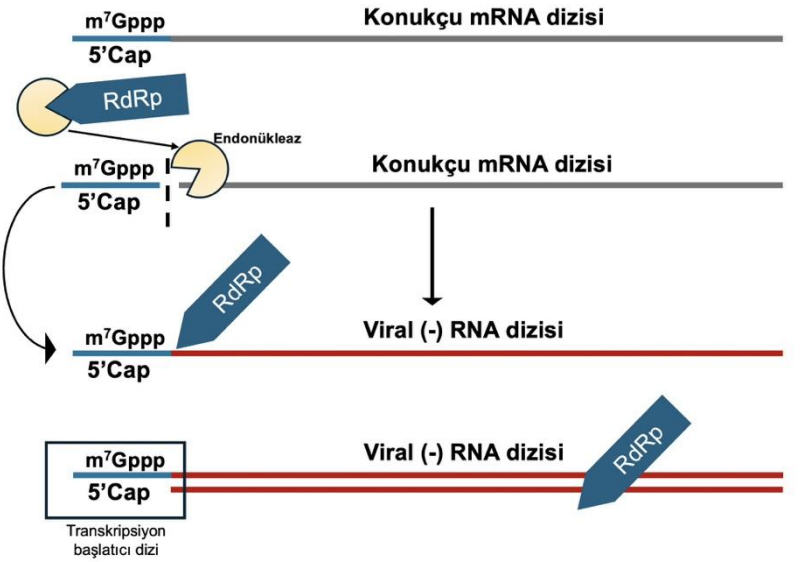
Kaynak: Çizim Yunus Emre Uslu[2]'ya aittir.

N proteininin komşu N proteini birimleriyle birleşerek asimetrik bir üçlü halka (trimer) meydana getirdiğini ortaya koyulmuştur; bu halkanın iç yüzeyindeki pozitif yüklü kısım, RNA için spesifik bağlanma bölgesini oluşturmaktadır (Komoda vd., 2017; Guo vd., 2017). Bu yapı, TSWV N proteinini diğer RNA virüslerinin nükleokapsid proteinlerinden belirgin biçimde ayırt etmektedir.

TSWV genomu toplamda 5 farklı viral proteini kodlamaktadır. Virüsün L segmenti, yaklaşık 8.897 nükleotit (bp) uzunluğunda olup, negatif duyarlı (-) genomik RNA zincirinden (viral sense RNA) tek bir açık okuma çerçevesi (ORF) kodlamakta ve bu çerçeve yaklaşık 331,5 kDa ağırlığında RNA-bağımlı RNA polimerazı (RdRp) üretmektedir (de Haan vd., 1991). L proteini olarak da bilinen bu enzim, hem viral RNA replikasyonundan hem de mRNA transkripsiyonundan sorumludur. TSWV, diğer negatif duyarlı RNA virüsleri gibi viral mRNA sentezi için *cap-snatching* (5' Cap) adı verilen bir mekanizmaya ihtiyaç duymaktadır. Virüs, kendi mRNA'larını sentezleyemediği için konukçu hücresine ait

mRNA'ların 5' ucundaki kap yapısını bir "başlangıç parçası" olarak kullanır. Bu mekanizmada RdRp'nin N-terminal kısmında yer alan bir endonükleaz alanı, konukçu hücresine ait mRNA'ların 5' kap yapılarını keserek yeni sentezlenecek viral mRNA'ların primer olarak kullanılmasını sağlamaktadır. Dolayısıyla TSWV, transkripsiyon için gereken diziyi doğrudan konukçudan temin edebilmektedir (Şekil 3), (Amroun vd., 2017).

Şekil 3. TSWV'nin *cap-snatching mekanizması ile transkripsiypnu başlatması*



Kaynak: Kaynak: Çizim Yunus Emre Uslu[2]'ya aittir.

Virüsün M segmenti, yaklaşık 4.821 nükleotit uzunluğunda olup ambisense (hem pozitif hem negatif yönde kodlama yapan) bir yapıya sahiptir. Viral genomik RNA (vRNA) zinciri, virüsün hücre içi hareketini yöneten yapısal olmayan NSm proteinini (~33 kDa) kodlamaktadır. NSm proteini, TSWV'nin bitki içinde hücreden hücreye yayılmasında görev alan temel hareket proteinidir. Bu protein, zarfsız ribonükleokapsid yapıların plazmodesmata aracılığıyla komşu hücrelere taşınmasını sağlar (Soellick vd., 2000).

Son yıllarda yapılan çalışmalar, NSm' nin yalnızca bir hareket proteini olmadığını, aynı zamanda konukçu savunma mekanizmalarını etkileyebilen çok yönlü bir protein olduğunu göstermiştir. NSm' nin *Nicotiana tabacum* bitkisinde NtPOX1 ve NtPR-4A gibi dayanıklılık/tolerans ilişkili proteinleri yönlendirerek virüsün çoğalması için uygun hücresel ortamları oluşturmaya teşvik ettiğini ortaya koymuştur (Zhao vd., 2026). Diğer yandan, TSWV genomunun M segmentine yönelik moleküler çalışmalar, özellikle dayanıklılık kıran türlerde (TSWV-RB) bu segmentte önemli düzeyde genetik farklılıklar bulunduğunu ortaya koymuştur. Türkiye'den elde edilen bazı türlerde (TSWVAnt-RB) yapılan analizlerde, M segmentindeki NSm proteinini kodlayan genin C118Y ve T120N bölgelerindeki mutasyonu sonucu Sw-5 dayanıklılık genini kırabildiğini ve hastalık oluşturma yeteneği kazandırdığı bildirilmiştir (Fidan & Sarı, 2019). M segmentinde yer alan viral tamamlayıcı RNA (vcRNA) zinciri ise translasyon sonrası işlenerek Gn ve Gc olmak üzere iki ayrı glikoproteini üreten bir öncü proteini kodlamaktadır (Kormelink vd., 1992; Kikkert vd., 1999). Gn ve Gc glikoproteinleri, virüsün zarf yüzeyinde çıkıntıları oluşturmakta ve hem vektör böceklerde bağırsak epitelyumuna tutunmayı hem de bitki hücrelerine girişi sağlamaktadır (Liang vd., 2024; Sin vd., 2005).

Virüsün S segmenti, yaklaşık 2.916 nükleotit uzunluğunda olup, ambisense (hem pozitif hem negatif yönde kodlama yapan) bir yapıya sahiptir. Viral tamamlayıcı RNA (vcRNA) zinciri, viral ribonükleoprotein (RNP) komplekslerinin oluşumunda, viral transkripsiyon ve replikasyonda, virion morfolojisinin kurulmasında ve hücre içi harekette görev alan nükleokapsid N proteinini (~29 kDa) kodlamaktadır. N proteinin her iki viral glikoprotein olan Gn ve Gc ile doğrudan etkileşime girdiği ve bu etkileşimin virüs partikülünün olgunlaşmasında işlevsel bir öneme sahip olduğu gösterilmiştir (Snippe vd., 2007). Viral genomik RNA (vRNA)

zincirinden kodlanan yapısal olmayan NSs proteini (~52 kDa) ise negatif-sense RNA (negatif-duyarlı RNA) virüsleri arasında ilk kez tanımlanan RNA susturma baskılayıcısıdır (Takeda vd., 2002). NSs, kısa ve uzun çift iplikli RNA moleküllerine bağlanma yeteneğiyle bitki hücresinin RNA interferans (RNAi) tabanlı yanıtını baskılamakta; sistemik enfeksiyonun oluşması ve sürdürülmesinde rol oynamaktadır. NSs aynı zamanda *Argonaute 1* (AGO1) proteiniyle etkileşime girerek gen susturma yollarını bloke etmekte, bu sayede virüs bitkide etkin biçimde çoğalabilmektedir (Takeda vd., 2002; Margaria vd., 2014).

Ekonomik Önemi

TSWV, geniş konukçu bitki yelpazesi ve ana vektörü olan *F. occidentalis*'in dünya çapındaki dağılımı nedeniyle dünyanın birçok bölgesinde görülmektedir. Virüs tropikal ve subtropikal iklim bölgelerinde yaygın olmakla birlikte, daha ılıman bölgelerdeki sera yetiştiriciliğinde sıklıkla daha yaygındır (Tiberini vd., 2024).

Akdeniz Havzası genelinde TSWV, domates ve biber üretimini tehdit eden en yıkıcı virüs olarak tanımlanmaktadır. Virüs, bölgede ilk kez İtalya, İspanya ve Fransa'da sorun oluşturmaya başlamış; akabinde Portekiz, Slovenya, Arnavutluk, Yunanistan, Türkiye, İsrail, Ürdün, Mısır ve Tunus'a yayılarak Akdeniz Havzası'nın neredeyse tamamında kendini göstermiştir (EFSA, 2012). Kuzey Yunanistan tütün üretim bölgelerinde TSWV'nin yol açtığı kayıplar özellikle dikkat çekici düzeylere ulaşmaktadır (EFSA, 2012).

Virüs, dünya genelinde en fazla ekonomik zarar yaratan bitki virüsleri arasında yer almaktadır (Scholthof vd., 2011). Virüs; domates, biber, yer fıstığı, tütün ve çok sayıda süs bitkisi de dahil olmak üzere pek çok ekonomik açıdan önemli kültür bitkisini enfekte etmekte, yıllık 1 milyar ABD dolarını aşan küresel kayıplara yol açmaktadır (Adkins, 2000; Pappu vd., 2009).

TSWV'nin bu denli büyük bir ekonomik tehdit oluşturmasının başlıca nedenlerinden biri, son derece geniş bir konukçu yelpazesine sahip olmasıdır. Goldbach & Peters (1994), yaklaşık 650 bitki türünün virüse duyarlı olduğunu saptamıştır. Sonraki yıllarda gerçekleştirilen araştırmalar, bu sayının 2003 yılında 1.100'e, günümüzde ise 1.500'ün üzerine çıktığını ortaya koymuştur (Pappu vd., 2009). Tospovirus cinsinin üyeleri olarak TSWV ve yakın türleri, geniş konukçu yelpazesi ve küresel yayılma potansiyeli nedeniyle gıda güvenliği açısından ciddi bir tehdit unsuru olarak değerlendirilmektedir (Oliver & Whitfield, 2016). Nitekim 1980'li yıllardan itibaren vektör thripslerin dünya çapında yayılmasıyla birlikte tospovirus kaynaklı enfeksiyonların sıklığı ve şiddeti belirgin biçimde artmıştır (Prins & Goldbach, 1998).

Domates, TSWV'nin en ağır ekonomik zararları oluşturduğu kültür bitkilerinden biridir. Sevik & Arli-Sokmen (2012) tarafından Türkiye koşullarında yürütülen çalışmada, TSWV enfeksiyonunun domates verimini %42,1 oranında düşürdüğü ve pazarlanabilir ürün değerini yaklaşık %95,5 oranında azalttığı bildirilmiştir. Aynı çalışmada, virüsün yalnızca Samsun iline yönelik domates üretiminde yaklaşık 900.000 ABD doları tutarında ekonomik kayba yol açtığı tahmin edilmiştir. Biber, tütün ve domates gibi farklı kültür bitkilerinin TSWV' ye karşı tepkileri incelendiğinde ise virüsün her kültür bitkisinde kendine özgü ve ekonomik açıdan önemli hasarlar sergilediği görülmektedir (Mandal vd., 2006).

Amerika Birleşik Devletleri'nde, başta güneydoğu eyaletleri olmak üzere, yer fıstığı tarımında TSWV' ye bağlı zararlar son derece büyük boyutlara ulaşmıştır. Virüs, ilk kez 1971 yılında Texas eyaletinde yer fıstığında saptanmış; 1980'lerin ortasından itibaren güneydoğuya yayılarak 1990'lı yıllarda ciddi salgınlara neden olmaya başlamıştır (Culbreath vd., 2003; Culbreath & Srinivasan, 2011). Bu dönemde Georgia eyaletinin bazı tarlalarında bitki kayıplarının %40 ile %100 arasında seyrettiği bildirilmiş; erken

dönem verim kayıplarının on milyonlarca dolara ulaştığı tahmin edilmiştir. Georgia'da 1997 yılında yalnızca yer fıstığı üretimindeki kaybın yaklaşık 40 milyon ABD dolarına ulaştığı rapor edilmiştir (Srinivasan vd., 2017).

1996–2006 dönemine ilişkin verilerin değerlendirildiği kapsamlı analizlerde, Georgia eyaletinde yıllık ortalama 12,3 milyon dolar yer fıstığı, 11,3 milyon dolar tütün ve 9 milyon dolar domates ile biber kaybı yaşandığı hesaplanmıştır. ABD genelindeki yer fıstığı ekim alanları ile diğer kültür bitkilerini kapsayan tahminlere göre bu dönemde toplam kaybın 1,4 milyar ABD dolarına ulaştığı öngörülmektedir (Srinivasan vd., 2017).

TSWV, yalnızca gıda ürünü olarak yetiştirilen kültür bitkilerini değil, ticari değer taşıyan süs bitkilerini de ciddi biçimde etkilemektedir. Virüs; begonya, impatiens ve diğer saksı çiçekleri başta olmak üzere geniş bir çiçek yetiştiriciliği sektörünü tehdit etmekte; bu alanda oluşan kayıplar tek bir serada bile yüz binlerce dolara ulaşabilmektedir (Adkins, 2000). Hawaii başta olmak üzere bazı bölgelerde, yüksek hastalık baskısı altındaki alanlarda hassas kültür bitkilerinin artık kârlı biçimde yetiştirilmesinin mümkün olmadığı bildirilmektedir (Pappu vd., 2009). Marul, soğan, ıspanak, patates ve çeşitli tıbbi bitkiler de ekonomik açıdan önem taşıyan ve virüsten etkilenen türler arasında yer almaktadır (Goldbach & Peters, 1994; Oliver & Whitfield, 2016).

TSWV' nin küresel ekonomik önemi, resmi bitki sağlığı kuruluşlarının gündemini de doğrudan etkilemiştir. Avrupa ve Akdeniz Bitki Koruma Örgütü (EPPO), virüsü A2 karantina listesine dahil etmiş; bu karar, biber, marul, domates, patlıcan ve tütün gibi bitki materyalleri için zorunlu sağlık sertifikasyonu uygulamasının önünü açmıştır. Avrupa Gıda Güvenliği Otoritesi (EFSA), 2012 yılında gerçekleştirdiği kapsamlı risk değerlendirmesinde, söz konusu bitki materyalleri için TSWV' nin karantina açısından tanımlanması gerektiğini hükme bağlamıştır (EFSA, 2012).

Türkiye’de TSWV Enfeksiyon Durumu

Domates lekeli solgunluk virüsü (TSWV), Türkiye'nin birçok bölgesinde domates, biber ve diğer kültür bitkilerinde önemli ekonomik kayıplara neden olan önemli bir bitki virüsüdür (Gordillo vd., 2008; Uslu & Yorgancı, 2024). Geniş konukçu aralığı, thrips vektörleri tarafından kolayca yayılabilmesi ve dayanıklılık kıran izolatların ortaya çıkması nedeniyle TSWV, Türkiye tarım arazilerinde ciddi bir tehdidi temsil etmektedir. Türkiye'nin coğrafik konumu, doğu-batı ticaret yolları üzerinde yer alması ve Ege, Akdeniz ve Marmara bölgelerinin yoğun tarım aktiviteleri, virüsün yayılması açısından uygun koşullar oluşturmaktadır. Son yıllarda yapılan araştırmalar, Türkiye'de TSWV genetik çeşitliliğinin karakterizasyonu, hastalığa karşı yeni dayanıklılık kaynaklarının belirlenmesi ve önemli mücadele stratejilerinin geliştirilmesini sağlamıştır.

Türkiye'de TSWV ve farklı türlerinin varlığı, ülkenin farklı coğrafik bölgelerinde belirlenmiştir. Ülkemizde domates lekeli solgunluk virüsü (TSWV), ilk kez Manisa, Uşak, Samsun, Çanakkale ve Balıkesir’de belirlenmiştir. Daha sonra ise İzmir ve Manisa’da tespit edilmiştir (Azeri, 1981; Azeri,1994; Değirmenci & Uzunoğullar, 2007). Mersin’de domates alanlarının %87 oranında ve Çanakkale’de toplanan 200 örnekten 9’unda TSWV ile bulaşık olduğu belirlenmiştir (Güldür vd., 1995; Korkmaz & Turhan., 2006). Diğer bir çalışmada, Bursa, Bilecik ve Sakarya bölgelerinden alınan bitki örneklerinin DAS-ELISA yöntemiyle %5 ile %78 aralığında TSWV ile bulaşık olduğu tespit edilmiştir (Değirmenci & Uzunoğulları, 2007). Ayrıca, Bilecik ili domates üretim alanlarında TSWV orta düzey yaygınlıkta belirlenmiş ve diğer virüs ve fitoplazmalarla birlikte karışık enfeksiyonlara neden olduğu bildirilmiştir (Randa-Zelyüt vd., 2024). Isparta ve Burdur illerinden toplanan biber, domates, marul, kabak, patates ve hıyar bitkilerinde 337 örneğin 157’sinde TSWV’ nin varlığı RT-PCR ve DAS-ELISA

analizleri ile saptanmıştır (Yardımcı & Kılıç., 2009). Ülkemizin en fazla domates üretimi gerçekleştirdiği Antalya'da ise testlenen domates örneklerinin %80'i, biber örneklerinin %91'i ve marul örneklerinin ise %93'ünde TSWV saptanmıştır (Bozdoğan, 2009).

TSWV'nin dayanıklık kıran farklı izolatlarının saptanmasına yönelik gerçekleştirilen çalışmalarında Sarı (2018), TSWVAntRB izolatının Sw-5 dayanıklılık genini kırdığını tespit etmiştir. Ayrıca Fidan & Sarı (2019), Sw-5 dayanıklık genini kıran TSWVAntRB izolatının sanger sekanslama ile S ve M segmentlerinin dizilimlerini belirlemişler ve TSWVAntRB izolatının dünya TSWV izolatları ile filogenetik analizleri yapıldığında İspanya'da dayanıklılığı kıran izolatlar (Debreczeni vd., 2015) ile %99 oranında benzerlik gösterdiğini tespit etmişlerdir. Fidan vd. (2024), Antalya'nın Serik ve Çakallık ilçelerinden topladığı 58 biber, 34 domates, 270 yabancı ot ve 20 diğer bitki olmak üzere toplam 382 örnekte TSWV' yi RT-PCR ile testlemesi sonucunda yabancı otlarda %98'e yakın TSWVAntRB izolatı tespit ederek domates yetiştiriciliğinde sorun olan yazlık ve kışlık yabancı otların TSWV' nin hayatta kalması ve yayılması üzerindeki etkilerinin önemli olduğunu ve thripsler vasıtasıyla virüs kaynağı olan bu yabancı otlardan çevreye yayılımın hızlı olabileceğini belirtmişlerdir. Hatay, Mersin, Niğde illerinden toplanan 150 domates ve biber örneğinde farklı TSWV-RB izolatları tespit edilmiştir (Sajid & Elçi, 2024). Ankara, Eskişehir, Bartın, Konya ve Zonguldak illerinden toplanan 227 örnekte ise TSWV'nin genetik çeşitliliğini ve yapısını inceleyerek TSWVAntRB izolatının İtalya, İspanya, Karadağ, Almanya, Fransa, Pakistan ve Güney Kore'deki izolatlarla bir alt küme oluşturduğunu ve bu izolatların Avrupa'dan çıkıp Asya'ya doğru yayıldığı saptanmıştır (Morca vd., 2022). Ayrıca, 325 izolatın NSs gen bilgileriyle yapılan bir evrimsel analiz çalışması, TSWV'nin farklı coğrafi bölgelerde bağımsız genetik hatlar boyunca yayıldığını ve yerel genotiplerin bölgesel

adaptasyon hızının yüksek olabileceğini göstermiştir (Randa-Zelyüt & Karanfil, 2024).

Demirel vd. (2025) yaptıkları çalışmada ise, TSWV'nin coat proteinini (CP) kodlayan viral geni analiz ederek TSWV-Muş 49 izolatını tespit etmişlerdir. Bu izolat, küresel TSWV izolatları ile %97 nükleotid benzerliği göstermiş, ayrıca Türkiye, Macaristan, Bulgaristan ve Sırbistan'dan elde edilen izolatlar ile yakın filogenetik ilişkiler sergilemiştir. Bu bulgular, TSWV'nin geniş bir coğrafik alanda benzer genetik yapılar taşıyabileceğini göstermektedir.

Türkiyede TSWV ve özellikle dayanıklılık kıran türlerinin yoğunlukla bulunmasından dolayı Tarım ve Orman Bakanlığının yayınladığı bildirgeye göre domates ihracatı yapılan ülkelerin SPS (Sanitary and phytosanitary agreement) bildirimi kapsamında domates ve biberin ihracatında “Domates lekeli solgunluk virüsü” (TSWV), “Domates kahverengi buruşukluk meyve virüsü” (ToBRFV), “Peppino mozaik virüsü” (PepMV) için moleküler tanılama ve dış karantina koşullarına tabii tutulma zorunluluğu getirilmiştir (Tarım ve Orman Bak. -Resmi Yazısı., 2020).

Yayılımı

TSWV’nin kökeni araştırmalara göre Avrupa’da ortaya çıkmıştır. 1992 yılından 2023 yılına kadar 31 yıllık bir zaman diliminde toplanan kapsamlı TSWV verilerine dayanarak yapılan araştırmalar ile virüsün ilk olarak Avrupa’da ortaya çıktığı tespit edilmiştir (Zhao vd., 2026). Burada ortaya çıkan TSWV, dünyaya iki farklı şekilde yayılmıştır. Bir taraftan Avrupa içindeki ülkeler arasında hızlı bir şekilde yayılırken, diğer taraftan Amerika, Asya ve diğer kıtalara daha yavaş ve nadir olarak geçmiştir (Zhao vd., 2026).

TSWV’nin bu yayılımı, tarım ürünlerinin ticareti, tohum ve fide taşımacılığı ve bölgesel hareketlilik ile ilgilidir. Komşu

ülkelerde benzer iklim koşulları ve tarım uygulamaları bulunduğundan, virüs bu alanlarda daha hızlı yerleşebilmektedir. Öte yandan, uzak kıtalara ulaşmak için virüsün şans eseri ya da belirli ticari yollar aracılığıyla taşınması gerekmektedir. Bununla birlikte, TSWV günümüzde Kuzey ve Güney Amerika, Asya, Afrika ve Avustralya dahil olmak üzere dünyanın pek çok yerinde bulunmaktadır (Tiberini vd., 2024).

Konukçuları

TSWV, 1300'den fazla bitki türünü enfekte edebildiği için (hem dikotiledon hem de monokotiledon) en geniş konukçu yelpazesine sahip virüs hastalıklardan biridir. Bu geniş konukçu aralığına kültür bitkileri, süs bitkileri ve yabancı otlar dahildir (Parrella vd., 2003). TSWV, Dikotiledon sınıfından 69 ailede, monokotiledon sınıfından 15 ailede hastalık oluşturabilmektedir. TSWV konukçusu olarak listelenen bitkilerin çoğu Asteraceae (247 tür), Solanaceae (172 tür) ve Fabaceae (60 tür) ailelerine aittir (Bertin vd., 2021).

Avrupa ve Akdeniz bölgesinde, TSWV'ye hassas başlıca sebze ve endüstriyel bitkiler arasında Solanaceae familyasından domates (*Solanum lycopersium*), biber (*Capsicum annum*), patlıcan (*Solanum melongena*), patates ve tütün; Cucurbitaceae familyasından kabak (*Cucurbita pepo*) ve salatalık (*Cucumis sativus*); Asteraceae familyasından marul, hindiba (*Cichorium* spp.) ve enginar (*Cynara scolymus*); Fabaceae familyasından bakla (*Vicia faba*) yer almaktadır (Tiberini vd., 2024).

Başlıca süs bitkisi konukçuları arasında *Alstroemeria* spp (*Alstroemeriaceae*), *Anemone* spp. (*Ranunculaceae*), *Aster* spp. (*Asteraceae*), *Begonia* spp. (*Begoniaceae*), *Calceolaria* spp. (*Scrophulariaceae*), *Callistephus* spp. (*Asteraceae*), *(Dendranthema Cyclamen* spp. (*Primulaceae*), *Dahlia* spp. (*Asteraceae*), *Gerbera* spp. (*Asteraceae*), *gloxinia (Sinningia* spp*., Gesneriaceae),*

Pelargonium spp. (*Geraniaceae*), *Tagetes* spp. (*Asteraceae*) *ve Zinnia* spp. (*Asteraceae*) TSWV'nin önemli konukçuları arasında yer almaktadır (Srinivasan vd., 2014).

Genel verimde azalmaya ek olarak, meyvelerde (domates ve biber), yumrularda (patates) ve yapraklarda (marul, süs bitkileri) belirgin simptomlar nedeniyle hasat edilen ürünün pazarlama kalitesi ciddi şekilde etkilenmektedir. Genel olarak, en çok etkilenen ürünler domates, biber, marul ve yer fıstığı olup, üretim kayıpları %50 ile %100 arasında değişmektedir. süs bitkilerinde üretimin %20'sine kadar bir etki rapor edilmiştir (Tiberini vd., 2024; Srinivasan vd., 2017).

Solanaceae familyasındaki *Datura stramonium* (Şeytan elması) ve *Solanum nigrum* (İt üzümü), *Arctium lappa* (Dulavrat otu), *Senecio vernalis* (Kanarya otu) ve *Sonchus* spp. gibi Asteraceae familyası yabancı ot türleri TSWV'nin önemli konukçularıdır. (Bautista vd., 1995; Parrella vd., 2003).

Taşınma Yolları

TSWV'nin taşınmasında, *Frankliniella occidentalis* başta olmak üzere 9 farklı thrips önemli rol almaktadır (Tablo 1), (Jangra vd., 2020; Wang vd., 2026). Thrips, beslenme sırasında virüsü bitkiye aktarması nedeniyle virüs yayılımı için ideal bir vektör konumundadır. Özellikle, TSWV epidemilerinin oluşumu ve şiddeti, *F. occidentalis*'in kısa yaşam döngüsü, yüksek üreme potansiyeli, birçok yabancı ot türünden beslenebilme yeteneği ve insektisitlere karşı artan dayanıklılığı gibi çoklu biyolojik özellikleriyle artmıştır (Gupta vd., 2018).

Tablo 1. Domates lekeli solgunluk virüsünün (TSWV) ana konukçu bitkileri ve TSWV'yi bulaştıran dokuz thrips türünün coğrafi dağılımı

Thrips türleri	Konukçu bitkiler	Yayılımı
Frankliniella occidentalis	Süs bitkileri ve sebzeler; örneğin salatalık, patlıcan, marul, domates.	Dünya çapında
Frankliniella fusca	Fıstık, tütün, pamuk ve soğan	Kuzey ve Orta Amerika
Frankliniella intonsa	Sebzeler, süs bitkileri ve yonca	Asya, Avrupa ve Kuzey Amerika
Frankliniella schultzei	Pamuk, fasülye, biber, domates fıstık, süs bitkileri	Afrika, Asya, Avustralya, Avrupa, Güney Amerika
Frankliniella bispinosa	Domates, biber, patlıcan, patates, salatalık ve fasulye	Güneydoğu Amerika ve Karayipleri
Frankliniella gemina	Domates, yonca ve marul	Güney Amerika
Frankliniella cephalica	Tatlı patates ve domates	Orta Amerika, Florida ve Japonya
Thrips tabaci	Sebzeler, süs bitkileri, soğan, lahana, tütün, pamuk	Dünya çapında
Thrips setosus	Domates, tütün ve süs bitkileri	Kore ve Japonya

Kaynak: EFSA Panel on Plant Health (PLH). (2012)

Örneğin, *Frankliniella fusca*, Amerika Birleşik Devletleri'nin güneyindeki yer fıstığı yetiştiriciliğinde baskın vektör türüdür. *F.*

fusca, bitkilerin henüz fide aşamasında olduğu ve TSWV enfeksiyonuna daha duyarlı olduğu büyüme mevsiminin başlarında yer fıstığında kolonize olur ve hastalığın epidemiyolojisine *F. occidentalis*'ten daha fazla katkıda bulunur (Culbreath vd., 2003; Srinivasan vd., 2017).

Bununla birlikte, TSWV sadece thripsler ile taşınmamaktadır. Bazı bitki türlerinde çok düşük oran olmasına rağmen TSWV tohumlar ile de taşınabilmektedir (Uslu & Yorgancı, 2024; Wang vd., 2022). Bu nedenle, tohum ticareti TSWV'nin coğrafi yayılımında bir diğer önemli etken olabilme potansiyeline sahiptir. Bu taşınma yollara dışında, virüs mekanik olarakta taşınabilmektedir (Ramkat vd., 2006; Uslu vd., 2025).

Vektör içindeki TSWV'nin hareketi ve çoğalması, virüs ve konukçu proteinleri arasındaki çoklu etkileşimlere dayanan karmaşık bir süreçtir. Bu etkileşimler öncelikle vektörün orta bağırsak (midgut) epitel hücrelerinde meydana gelir ve viral zarfın içinde bulunan GN ve GC glikoproteinlerinin orta bağırsak reseptörlerine bağlanmayı sağlayan viral ligandlar olduğu belirtilmiştir (Whitfield vd., 2008). Yapılan bir çalışmada GN proteinin kodlayan viral genlerin mutasyonlarının zarflı virüs oluşumunu engellemeksizin, *F. occidentalis* tarafından TSWV'nin bulaşabilirliğinin kaybına yol açtığını göstermiştir (Nagata vd., 2000; Sin vd., 2005). Diğer glikoprotein GC, TSWV'nin vektör içine alımında aracılık ettiği düşünülmektedir (Guardado-Calvo & Rey, 2017; Whitfield vd., 2005).

Orta bağırsağı geçtikten sonra, TSWV aynı glikoprotein temelli modeli izleyerek tükürük bezlerine girmektedir. Glikoproteinlere ek olarak, viral NSs proteini de thrips dokularında virüsün verimli bir şekilde birikmesini ve virüsün bulaşmasını sağlamada rol oynar (Margaria vd., 2014).

Tospovirüslerin glikoproteinleri iyi karakterize edilmiş olsa da, özellikle thripslerin küçük boyutu ve kolonizasyon sisteminin olmaması nedeniyle, böcek hücrelerindeki reseptörlerin tanımlanması ve karakterizasyonunda büyük zorluklarla karşılaşılmıştır. Thripslerde, TSWV'nin taşınmasında etkin olan proteinlerin saptanması çalışmalarında, yaklaşık 50 ve 94 kDa'lık iki thrips proteinini tanımlanmıştır (Bandla vd., 1998; Kikkert vd., 1998). Daha sonra, çeşitli transkriptom ve proteomik analizler, TSWV enfeksiyonuna yanıt olarak farklı şekilde ifade edilen genleri ve ayrıca sitoskeleton etkileşimi, hücresel taşıma ve savunma yanıtlarında potansiyel olarak rol oynayan proteinleri tanımlamaya olanak sağlamıştır. (Badillo-Vargas vd., 2012; Ogada vd., 2016; Schneweis vd., 2017) Bu çalışmalar, L1 ve P1 evrelerindeki thripslerin bağırsaklarının düşük TSWV baskısına bile çoğunlukla duyarlı olduğunu, yetişkinlerin ise virüs enfeksiyonundan daha az etkilendiğini göstermiştir (Shrestha vd., 2017; Zhang vd., 2013).

Virüs, thrips'in tükürük bezlerinde çoğaldıktan sonra, böcek beslenme sırasında tükürüğünü bitkilere aktararak virüsü taşımaktadır. TSWV ile enfekteli thripsler, enfekteli olmayan thripslerle karşılaştırıldığında çok daha sık beslenme davranışı gösterirler. Enfekte erkek thripsler üç kata kadar daha fazla beslenme girişiminde bulunurlar. Hatta daha ilginç olan, enfekte thripsler "probe" olarak bilinen, hücreleri hasar vermeden yalnızca tükürük salan emgiler yapmaktadırlar (Stafford vd., 2011).

TSWV aynı zamanda, thrips gelişim hızını da arttırmaktadır. Enfekte thripsler, normal thripslerden daha hızlı yetişkin olmaktadırlar Virüs, thrips vücudundaki belirli hormon seviyelerini değiştirerek bu hızlanmayı sağlamaktadır. Daha hızlı gelişen thripsler daha kısa zaman içerisinde reproduktif olgunluğa ulaşır ve virüs daha erken yayılmaya başlar. Tüm bu mekanizmalar, virüsün thrips popülasyonları aracılığıyla daha etkili bir şekilde yayılmasını sağlamaktadır (Zheng vd., 2026).

TSWV sadece thrips davranışını değiştirmez, aynı zamanda enfekte olan bitkinin kalitesini de değiştirerek virüsün yayılmasını kolaylaştırır. Enfekte bitkiler, enfekte olmayan bitkilerle karşılaştırıldığında, thripsler açısından daha cazip hale gelmektedir (Nachappa vd., 2020). Bu, virüsün enfekte bitkide kimyasal bileşimi değiştirmesiyle ilgilidir. Örneğin, bitkideki zehirli alkaloit adı verilen maddeler azalmakta, bu da thripsler için bitkileri daha çekici hale getirmektedir. Ayrıca, enfekte bitkilerde protein içeriği artar ve bu da thripsler açısından daha iyi beslenme koşulları oluşturur. (Zhang vd., 2023).

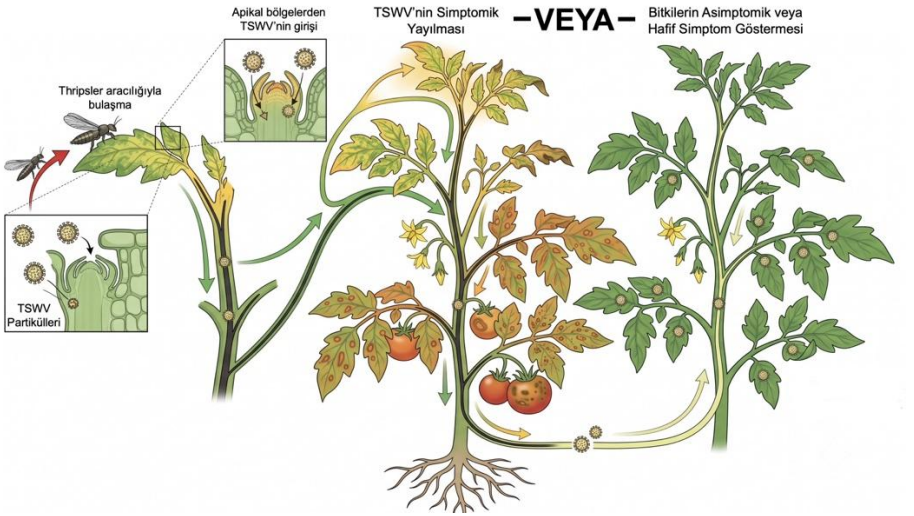
TSWV'nin ne kadar hızlı yayıldığını anlamak için araştırmacılar matematiksel modeller geliştirmiştir. Bu modellere göre, thrips davranışındaki değişiklikler virüsün aktarım oranını %33'e kadar artırabilmektedir (Ogada vd., 2016). Bu, TSWV'nin thrips davranışını kontrol ederek virüsün kendi yayılım başarısını nasıl arttırdığını göstermektedir. Davranış değişikliği olmasa bile, sadece thrips gelişim hızının artması da virüsün yayılım hızını önemli ölçüde hızlandırmaktadır.

Simptomatoloji

TSWV enfeksiyonu konukçusuna göre farklı simptom ile karakterize edilmektedir ve bu simptomlar virüsün türü, konukçusu, genotipi, enfeksiyon zamanı, yaş ve çevresel koşullar gibi birçok faktöre bağlı olarak değişkenlik göstermektedir (Mandal vd., 2006). TSWV, Tospovirus cinsinin en yaygın türlerinden biridir ve Impatiens necrotic spot virus (INSV) ile Tomato zonate spot virus (TZSV) gibi diğer tospovirüs türleri ile serolojik ve simptomatolojik olarak benzerlik gösterebilmekle birlikte, farklı konukçu özellikleri ve simptomlarının tespit edilmesi açısından ayrıştırılabilmektedir (Sui vd., 2018). Enfeksiyonun erken evrelerinde bitkilerin apikal bölgelerinde başlayan simptomlar zamanla sistemik olarak yayılabilmekte, bazı durumlarda ise enfekte

bitkiler asimptomatik kalabilmekte veya çok hafif simptomlar gösterebilmektedir (Şekil 4), (Mandal vd., 2002).

Şekil 4. TSWV'nin *bitkilerde simptom oluşturma durumları*



Kaynak: Kaynak: Çizim Yunus Emre Uslu[2]'ya aittir.

Domates (*Solanum lycopersicum*) bitkilerinde TSWV enfeksiyonunun en tipik simptomları yapraklar üzerinde klorotik ve nekrotik lezyonlar, bronzlaşma, yaprak kıvırılması ve yaprak saplarında koyu kahverengi çizgiler şeklinde görülmektedir (Mandal vd., 2006). Gövde ve sürgünlerde düz nekrotik çizgiler çıkabilmektedir. Meyvelerde oluşan simptomlar, sarı-turuncu benekler, düzensiz renk değişimleri ve konsantrik halkalar gösterebilmektedir. Olgun meyveler üzerinde soluk kırmızı veya sarı alanlar gözlenmekte ve bunlar çoğunlukla konsantrik halkalar ile çevrili olmaktadır. Meyve kalitesi önemli ölçüde düşmekte ve pazarlama değeri kaybolmaktadır. Enfeksiyonun zamanı hastalığın şiddeti ve verim kaybını önemli oranda etkilemektedir; çiçeklenmenin erken evrelerinde meydana gelen enfeksiyon meyveler gelişememesine ve ürün veriminde ciddi kayıplara yol açabilmektedir (Şekil 5), (Salamon vd., 2016; fidessy vd., 2021).

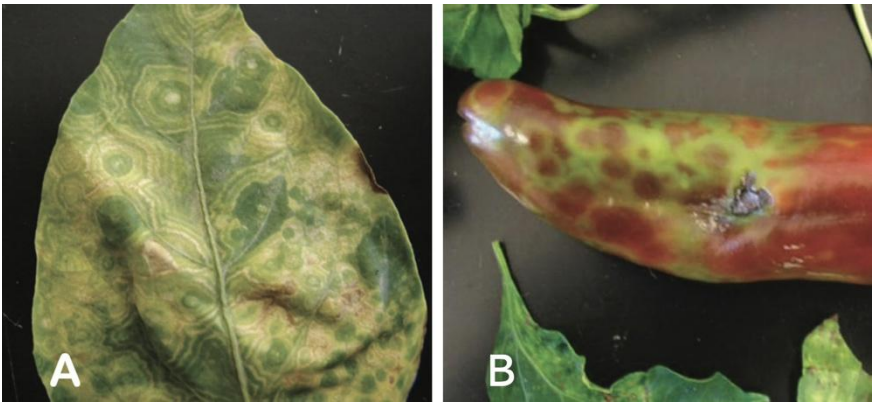
Şekil 5. TSWV'nin domates *bitkilerinde oluşturduğu simptomlar. Meyvede konsantrik lekeler (A), Yaprakta klorotik ve nekrotik lezyonlar (B)*



Kaynak: Tiberini vd., (2025)

Biber (*Capsicum annuum*) bitkilerinde TSWV enfeksiyonu bitki boyu kısalığı ile başlamaktadır (Crescenzi vd., 2013). Yapraklarda klorotik, mozaik veya ve nekrotik lekeler oluşabilmektedir. Nekrotik çizgiler gövdenin tamamına ve terminal sürgünlere kadar uzanmakta, gövde ve yaprak saplarında koyu kahverengi çizgiler görülmektedir. Olgun biber meyvelerinde sarı benekler, konsantrik halkalar veya nekrotik çizgiler gözlenmekte ve bu durum meyve pazarlanabilirliğini önemli ölçüde azaltmaktadır. TSWV enfeksiyonundan önce dayanıklı olarak kabul edilen bazı biber çeşitleri ve hibritleri, dayanıklılık kıran (resistance-breaking) TSWV türlerine karşı duyarlı hale gelmişlerdir ve bu türler tarafından enfekteli bitkilerde üst yapraklarda sarılık veya kızarma gözlenmekte, bu simptomlar zamanla nekrotik lekelere dönüşmektedir (Şekil 6), (Krishnareddy vd., 2008).

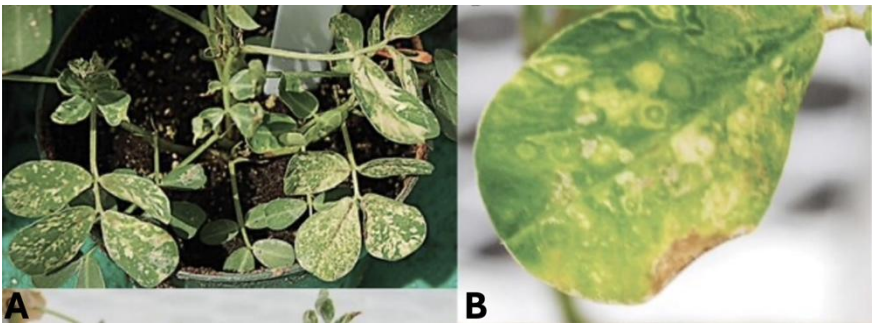
Şekil 6. TSWV'nin *biber bitkilerinde oluşturduğu simptomlar. Yaprakta konsantrik lekeler (A), Meyvede klorotik ve nekrotik lezyonlar (B)*



Kaynak: Goldberg & French, 2016

Yer fıstığı (*Arachis hypogaea*), TSWV'nin önemli bir ekonomik konukçusu olup, enfeksiyona karşı değişken duyarlılık gösteren çeşitler bulunmaktadır (Mandal vd., 2002). TSWV'ye duyarlı yer fıstığı çeşitlerinde simptom şiddeti, çevre koşullarına, enfeksiyonun zamanına ve virüs türüne bağlı olarak değişmekte olup bazı durumlarda TSWV, yer fıstığında asimptomatik kalabildiği veya çok hafif simptomlar gösterebildiği belirtilmiştir. Simptomlar görüldüğü takdirde yapraklarda beneklenme, konsantrik lekeler ve kloroz gözlenmektedir ve bu simptomlar yaprakların fotosentez kapasitesini, transpirasyon oranını ve su kullanım etkinliğini azaltmaktadır. Simptomlar ekim sonrasından itibaren 30 gün içinde ortaya çıkabilmekte ve vejetasyon dönemi boyunca ilerleyebilmektedir. TSWV'nin tohum aracılığıyla taşınmasına dair çalışmalar kısıtlı olmasına rağmen virüs enfeksiyonuna maruz kalan bitkilerden elde edilen tohumlar küçük, buruşuk, renksiz veya kırmızımsı olabilmekte ve canlılığı azalmış tohumlar elde edilebilmektedir (Şekil 7), (Mandal vd., 2002).

Şekil 7. TSWV'nin *yerfıstığında oluşturduğu simptomlar. Meyvede konsantrik lekeler (A), Yaprakta klorotik ve nekrotik lezyonlar (B)*



Kaynak: Fletcher vd., (2016)

Çiçek ve süs bitkileri, TSWV enfeksiyonunun önemli konukçuları olabilmektedir. Krizantem (*Chrysanthemum* spp.) enfeksiyonunda yapraklar üzerinde klorotik ve nekrotik lekeler ile halkalar gözlenmekte, gövde üzerinde düz nekrotik çizgiler meydana gelmektedir ve enfeksiyon sonrasında bitkilerin dekoratif değeri önemli ölçüde azalmakta ve pazarlanabilirlik düşmektedir. *Phalaenopsis* spp. gibi bazı egzotik bitkilerde simptomlar sadece birkaç yaprağa sınırlı kalabilmekte, buna karşın diğer konukçularda siyah gövde çizgileri ve solgunluk gözlenebilmektedir (Şekil 8) (Matsuura vd., 2007).

Şekil 8. TSWV'nin *krizantem bitkisinde oluşturduğu simptomlar. Yaprakta konsantrik lekeler (A), Yaprakta klorotik ve nekrotik lezyonlar (B)*



Kaynak: Senthilraja vd., (2021)

TSWV türleri arasında önemli biyolojik ve simptomatololojik farklar bulunmaktadır. Mandal vd. (2006)'nin yaptıkları çalışmada iki farklı TSWV türünün domates, biber ve yer fıstığında farklı simptom şiddetleri oluşturduğu gözlemlenmiştir Farklı konukçular ve çeşitleri TSWV enfeksiyonuna karşı değişken dayanıklılık/toleranslılık göstermektedir ve aynı çevre koşullarında bile, farklı çeşitler veya ıslah hatları enfeksiyona farklı şekilde cevap vermektedirler. TSWV ile bitki enfeksiyonları asimptomatik olabilmektedir; bazı bitki türleri enfeksiyondan sonra hiç simptom oluşturmamakta virüs gizli (latent) durumda bulunabilmekte, diğer durumlarda ise son derece yakın zamanda enfekte olmuş ancak simptom gösterme aşamasına henüz ulaşmamış bitkiler gözlenmektedir. Bu asimptomatik enfeksiyonlar, hastalığın epidemiyolojisinde önemli rol oynamaktadır çünkü virüsün belirtileri olmayan bitkiler aracılığıyla yayılması hastalık kontrolünü

önemli ölçüde güçleştirmektedir (Vinodhini vd., 2021; Werghi vd., 2021).

Teşhis

TSWV'nin erken ve doğru şekilde tanılanması, epidemilerin önlenmesi ve vektör mücadelesinin zamanında devreye sokulması açısından kritik bir öneme sahiptir. Bitkide TSWV enfeksiyonlarının diğer virüs enfeksiyonları ile karıştırılmaması ve doğru bir şekilde tanılanabilmesi için çıplak gözle bitki üzerinde yapılan simptom gözlemleri ile simptom gösteren bitki kısımlarından alınan bitki örneklerinin laboratuvar analizlerinin birlikte incelenmesi doğru teşhis için önem taşımaktadır. Bitkilerde gözlemlenen simptomlar diğer virüsler ile benzerlik gösterdiğinden yalnızca simptomlara dayalı teşhis hiçbir zaman tek başına yeterli olmamaktadır

Günümüzde TSWV saptama ve tanı çalışmaları serolojik, moleküler ve yeni nesil non-invaziv (görüntüleme tabanlı) yaklaşımlar kullanılmaktadır (Hoffmeisterová vd., 2025).

Serolojik Yöntemler

ELISA Yöntemi: Serolojik teşhis yöntemleri, virüsün kılıf proteinleri (coat protein) ile virüse özgü antikorlar arasındaki spesifik bağlanma mekanizmasına dayanmaktadır. Serolojik yöntemlerin içerisinden en çok tercih edilen ise ELISA testleridir. ELISA (Enzyme-Linked Immunosorbent Assay) bitki özsuyu kullanılarak virüs proteinlerinin varlığını tespit etmeye dayalı bir yöntemdir. TSWV enfekteli bitki örneklerinin özsuyunun çıkarılması ile antijen-antikor ilişkisinden yararlanılarak TSWV'nin tespiti yapılabilmektedir (Korkmaz & Turhan, 2006).

Lateral Akış Cihazları (ImmunoStrips / RIPA): Arazi koşullarında hızlı sonuç almak amacıyla geliştirilmiş kâğıt tabanlı testlerdir. Ezilen enfekte yaprak öz suyunun strip şerit üzerine

damlatılmasıyla, 15-30 dakika gibi kısa bir sürede TSWV'nin görsel olarak teşhis imkânı sağlar (Lee vd., 2021).

Blot İmmünolojik Testler (TBIA & DB): Bitki dokusunun veya öz suyunun doğrudan nitroselüloz membran üzerine bastırılması esasına dayanır; ELISA'ya alternatif pratik laboratuvar yöntemlerindendir ve TSWV'nin tanılanmasında kullanılabilecek alternatif bir serolojik yöntemdir (Whitefield vd., 2003).

TSWV'nin saptanması için kullanılan nükleik asit yöntemler, TSWV'nin RNA genomundaki korunmuş nükleokapsid (N) veya hareket (NSm) gen bölgelerini hedef alarak en küçük viral dizileri bile yüksek hassasiyetle tespit edebilmektedir;

Moleküler Yöntemler

RT-PCR ve RT-qPCR (Ters Transkripsiyon Polimeraz Zincir Reaksiyonu): Virüsün tek iplikçikli RNA'sının cDNA'ya dönüştürülüp çoğaltılması ilkesiyle çalışır. TSWV'nin farklı türlerine karşı spesifik primerler kullanılarak in-vitro bir replikasyon basamağı oluşturmasını temeline dayanmaktadır. Real-time (Eş zamanlı) RT-qPCR, latent (belirti göstermeyen) enfeksiyonlerin kantitatif (nicel) olarak belirlenmesinde ve vektör tripslerdeki virüs varlığının saptanmasında en hassas yöntemdir. TSWV'nin viral RNA dizisine spesifik primerler ile virüsün tespiti, farklı viral genlerin saptanması gibi avantajları ile günümüzde teşhis çalışmalarında kullanılan en önemli moleküler yöntemdir (Mumford vd., 1994).

CRISPR/Cas13a Tabanlı Teşhis Sistemleri: Rekombinaz Polimeraz Amplifikasyonu (RPA) ile Cas13a enziminin ikincil kesim (collateral cleavage) aktivitesini birleştiren yeni nesil bir teknolojidir. Geleneksel RT-PCR'a göre yaklaşık 10 kat daha hassas olup, cihaz bağımlılığı olmadan 20-30 dakika içinde floresan sinyal aracılığıyla kesin teşhis sunarak TSWV'nin tespit edilmesini sağlamaktadır (Zhao vd., 2021).

Yeni Nesil Non-İnvaziv (görüntüleme tabanlı) Yaklaşımlar

Bitki dokusuna zarar vermeden, enfeksiyonun erken evrelerinde yapraklarda meydana gelen fizyolojik ve spektral değişimleri saptayan modern yaklaşımlara Non-Invaziv ve İleri Görüntüleme teknikleri denilmektedir. Son yıllarda oldukça popüler olan bu yöntemler ile TSWV'nin teşhis edilmesi daha kolay hale gelmiştir;

Hiperspektral Görüntüleme ve Makine Öğrenmesi: Bitki yapraklarının görünür ve yakın kızılötesi (VNIR/SWIR) spektrumundaki yansıma değerlerini (örn. NDVI indeksleri) analiz ederek yapay zekâ algoritmalarıyla birleştirilen bu yöntem, TSWV enfeksiyonunu gözle görülür simptomlar ortaya çıkmadan önce yaprak ve insansız hava aracı (İHA/UAV) vasıtasıyla tarla ölçeğinde tespit edebilmektedir (Hu vd., 2023).

Taşınabilir Raman Spektroskopisi: TSWV enfeksiyonun ilk 3-7 gününde bitkinin hücresel metabolizmasındaki değişimleri (biyobelirteçleri) non-invaziv olarak tarayan ve %90'ın üzerinde doğrulukla erken teşhis sağlayan yeni nesil bir teknolojidir (Orecchio vd., 2025).

Dijital Görüntüleme Yöntemleri: Biber ve domates gibi farklı bitki gen kaynaklarında TSWV'nin gelişim seyrini ve fenotipik etkilerini optik kamera sistemleriyle sürekli izleyerek otomatik teşhis modelleri geliştirerek virüsün saptanmasını sağlayan ve gelecek vadeden bir yöntemdir (Mensah vd., 2024).

Biyolojik İndikatör Testleri (Bioassays): TSWV ile enfekteli olduğu düşünülen bitkiden çıkarılan öz suyunun *Chenopodium quinoa* veya *Petunia* gibi hassas indikatör bitkilere mekanik olarak inoküle edilmesiyle lokal lezyonların izlenmesi esasına dayanan geleneksel bir biyolojik doğrulama yöntemidir (Hoffmeisterová vd., 2025).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

TSWV ile mücadelede bir yöntem tek başına etkili olmamaktadır. Hastalık ile mücadelede birden fazla yöntemin birlikte kullanılması gerekmektedir (Şevik, 2015). Bu nedenle farklı mücadele yöntemleri tercih edilmektedir;

- Sağlıklı üretim materyali (yumru, soğan, rizom, stolon, çelik, göz vb.) ve virüssüz sertifikalı tohum ile yetiştiriciliğe başlanmalıdır.
- TSWV'nin konukçu çevresi çok geniş olduğundan çok dikkatli olunmalı ve TWSV konukçusu olan bitkiler vektör tripslerle taşınma ihtimaline karşın yan yana yetiştirilmemelidir.
- Sahada hasat sonu temizliğe özen gösterilmeli ve TSWV'nin konukçusu olmayan bitkiler ile münavebe yapılmalıdır.
- TSWV'nin fidelikte, serada veya arazide belirlenmesi halinde virüs ile enfekteli bitkilerin derhal sökülüp imha edilmesi gerekmektedir.
- TSWV'ye konukçuluk eden yabancı otların mücadele yöntemleri kullanılarak ortadan kaldırılması gerekmektedir.
- TSWV'nin doğada yayılmasında en önemli rolü tripsler taşımaktadır. Bu nedenle trips türlerinin mücadelesi yapılmalı ve virüsün yayılması engellenmelidir. Ayrıca tripslere karşı biyolojik mücadelede başarılı olduğu göz ardı edilmemelidir.
- TSWV'nin serada üretim yapılan alanlarda seraya girişi ve hareketi engellenmeli bunu için serada kapı, pencere gibi doğal açıklıklarının uygun tül ile kapatılması gerekmektedir.
- TSWV'ye karşı mücadelede en başarılı yöntemlerden birisi dayanıklı veya tolerant çeşitler kullanmaktır.

İnsan sağlığına zararlı olmayan, sürdürülebilir bir mücadele için hastalık etmenine karşı yeni nesil gen teknolojileri aracılığı ile dayanıklı/toleranslı çeşit geliştirmek en etkili ve en ekonomik yöntem olarak tavsiye edilmektedir (Boiteux, 1995; Arlı Sökmen vd., 2005). TSWV için kullanılan mücadele yöntemleri göz önüne alındığında kültürel önlemler, vektör tripsler için kimyasal mücadele ve dayanıklı bitkilerin kullanımındaki dezavantajlar bu mücadele yöntemlerinin bazen tam bir önlem sağlayamadığını göstermektedir. Bu sebeple TSWV'ye karşı mevcut mücadele yöntemlerinin yetersiz kalması sebebiyle yeni nesil gen düzenleme, CRISPR-Cas9 biyoteknolojisi, RNA susturma mekanizmalarının bitki doku kültürü ya da bitki ıslahı bitki ıslah çalışmaları ile kombine edilerek hastalık ile mücadelede kullanılması, TSWV'ye karşı dayanıklı/toleranslı domates çeşitini elde etmek için uygun yöntemler olarak kabul edilmektedir (Langner vd., 2018).

Kaynaklar

Abudurexiti, A., Adkins, S., Alioto, D., Alkhovsky, S. V., Avšič-Županc, T., Ballinger, M. J., ... & Kuhn, J. H. (2019). Taxonomy of the order Bunyavirales: update 2019. *Archives of virology*, 164(7), 1949-1965.

Adkins, S. (2000). Tomato spotted wilt virus—positive steps towards negative success. *Molecular Plant Pathology*, 1(3), 151–157.

Akbaş, B., Morca, A. F., & Coşkan, S. (2022). İklim Değişikliğinin Tahıl Virüs Hastalıkları Üzerine Etkisi. *Ziraat Mühendisliği*, (374), 4-14.

Arli-Sokmen, M., Mennan, H., Sevik, M. A., & Ecevit, O. (2005). Occurrence of viruses in field-grown pepper crops and some of their reservoir weed hosts in Samsun, Turkey. *Phytoparasitica*, 33, 347–358.

Arli-Sokmen, M., Mennan, H., Sevik, M.A., Ecevit, O. 2005. Occurrence of viruses in field-grown pepper crops and some of their reservoir weed hosts in Samsun, Turkey. *Phytoparasitica*, 33:347-358.

Azeri, T. (1994). Detection of tomato spotted wilt virus in tobacco and tomato cultivars by enzyme linked immunosorbent assay. *Journal of Turkish Phytopathology*, 23(1), 37-46.

Azeri, T., (1981). Preminary report of tomato spotted wilt virus and its epidemy on tobacco in the Çanakkale Region of Turkey. *Journal of Turkish Phytopathology*, 10, 79–87.

Badillo-Vargas, I. E., Rotenberg, D., Schneweis, D. J., Hiromasa, Y., Tomich, J. M., & Whitfield, A. E. (2012). Proteomic analysis of Frankliniella occidentalis and differentially expressed proteins in response to Tomato spotted wilt virus infection. *Journal of Virology*, 86, 8793–8809.

Bandla, M. D., Campbell, L. R., Ullman, D. E., & Sherwood, J. L. (1998). Interaction of tomato spotted wilt Tospovirus (TSWV) glycoproteins with a Thrips midgut protein, a potential cellular receptor for TSWV. *Phytopathology*, 88, 98–104.

Bautista, R. C., Mau, R. F., Cho, J. J., & Custer, D. M. (1995). Potential of tomato spotted wilt tospovirus plant hosts in Hawaii as virus reservoirs for transmission by Frankliniella occidentalis (Thysanoptera: Thripidae). *Phytopathology*, 85, 953–958.

Bergant, Klemen & Trdan, Stanislav & Znidarcic, Dragan & Črepinšek, Zalika & Kajfež-Bogataj, Lučka. (2005). Impact of climate change on developmental dynamics of Thrips tabaci (Thysanoptera: Thripidae): Can it be quantified?. *Environmental Entomology*. 34. 755-766.

Bertin, S., Faggioli, F., Gentili, A., Manglli, A., Taglienti, A., Tiberini, A., & Tomassoli, L. (2021). Emerging and re-emerging plant viruses. *Journal of Plant Pathology*, 103, 1–15.

Best, R. J., & Palk, B. A. (1964). Electron microscopy of strain E of tomato spotted wilt virus and comments on its probable biosynthesis. *Virology*, 23(4), 445-460.

Black, L. M., Brakke, M. K., & Vatter, A. E. (1963). Purification and electron microscopy of tomato spotted-wilt virus. *Virology*, 20(1), 120-130.

Boiteux, L.S. 1995. Allelic relationships between genes for resistance to tomato spotted wilt tospovirus in Capsicum chinese. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(1):146-149.

Bozdoğan, V. (2009). Antalya İlinde Domates, Biber ve Marul Yetiştirilen Alanlarda Domates Lekeli Solgunluk Virüsü (Tomato Spotted Wilt Virus, TSWV)' nün Saptanması. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Yüksek Lisans Tezi), 75s.

Brittlebank, C. C. (1919). Tomato diseases. *Journal of Agriculture, Victoria*, 17, 213–223.

Clohessy, J. W., Sanjel, S., O'Brien, G. K., Barocco, R., Kumar, S., Adkins, S., ... & Small, I. M. (2021). Development of a high-throughput plant disease symptom severity assessment tool using machine learning image analysis and integrated geolocation. *Computers and Electronics in Agriculture*, 184, 106089.

Coutts, B., Carroll, M., Jones, R. 2004. Patterns of spread of Tomato spotted wilt virus in field crops of lettuce and pepper: Spatial dynamics and validation of control measures. *Annals of Applied Biology*. 145. 231-245.

Crescenzi, A., Viggiano, A., & Fanigliulo, A. (2013). Resistance breaking Tomato spotted wilt virus isolates on resistant

pepper varieties in Italy. *Communications in Agricultural and Applied Biological Sciences*, 78(3), 609–612.

Culbreath, A. K., & Srinivasan, R. (2011). Epidemiology of spotted wilt disease of peanut caused by Tomato spotted wilt virus in the southeastern U.S. *Virus Research*, 159(2), 101–109.

Culbreath, A. K., Todd, J. W., & Brown, S. L. (2003). Epidemiology and management of tomato spotted wilt in peanut. *Annual Review of Phytopathology*, 41, 53–75.

de Haan, P., Kormelink, R., de Oliveira Resende, R., van Poelwijk, F., Peters, D., & Goldbach, R. (1991). Tomato spotted wilt virus L RNA encodes a putative RNA polymerase. *Journal of General Virology*, 72(9), 2207–2216.

Debreczeni, D. E., López, C., Aramburu, J., Darós, J. A., Soler, S., Galipienso, L., ... & Rubio, L. (2015). Complete sequence of three different biotypes of tomato spotted wilt virus (wild type, tomato Sw 5 resistance-breaking and pepper Tsw resistance-breaking) from Spain. *Archives of Virology*, 160, 2117-2123.

Değirmenci, K., & Uzunoğulları, N. (2007). Marmara Bölgesinde domates yetiştiricilik alanlarında sorun olan virüslerin belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, 47(1-4), 72–77.

Demirel, S., Usta, M., & Güller, A. (2025). Assesment of potential anti-TSWV stilbene compounds by molecular docking and cladistic analysis. *Functional Plant Biology*, 52(11), FP25105.

EFSA Panel on Plant Health. (2012). Scientific opinion on the risk to plant health posed by Tomato spotted wilt virus to the EU territory with identification and evaluation of risk reduction options. *EFSA Journal*, 10(12), 3029.

Fidan, H., & Sarı, N. (2019). Molecular characterization of resistance-breaking tomato spotted wilt virus (TSWV) isolate

medium segment in tomato in Turkey. *Applied Ecology and Environmental Research*, 17, 5321–5339.

Fidan, H., Gonbad, A., & Kitis, Y. (2024). Exploring the weed host range of resistance-breaking variants of tomato spotted wilt orthotospovirus (TSWV) across life cycles in Türkiye. *Plant Production Science*, 3(4), 185–194.

Fletcher, S. J., Shrestha, A., Peters, J. R., Carroll, B. J., Srinivasan, R., Pappu, H. R., & Mitter, N. (2016). The tomato spotted wilt virus genome is processed differentially in its plant host Arachis hypogaea and its thrips vector Frankliniella fusca. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1349.

Goldbach, R., & Peters, D. (1994). Possible causes of the emergence of tospovirus diseases. *Seminars in Virology*, 5, 113–120.

Goldberg, N. P., & French, J. M. (2016, Mayıs). Tomato spotted wilt virus (Guide H-242). New Mexico State University, Cooperative Extension Service. https://aces.nmsu.edu.

Gordillo, L. F., Stevens, M. R., Millard, M. A., & Geary, B. (2008). Screening Two Lycopersicon peruvianum Collections for Resistance to Tomato spotted wilt virus. *Plant Disease*, 92(5), 694-704

Griep, RA., Prins, M., van Twisk, C., Keller, HJHG., Kerschbaumer, RJ., Kormelink, R., Golbach, RW., Schots, A. 2000. Application of Phage display in selecting Tomato spotted wilt virus -Specific single -Chain antibodies (scFvs) for sensetive diagnosis in ELISA. *Phytopathology* 90: 183-190.

Guardado-Calvo, P., & Rey, F. A. (2017). Chapter Three - The Envelope Proteins of the Bunyavirales. In M. Kielian, T. C. Mettenleiter, & M. J. Roossinck (Eds.), *Advances in Virus Research* (Vol. 98, pp. 83–118). Academic Press.

Guo, J., Wang, G., Xie, L., Wang, X., Feng, L., Guo, W., Tao, X., Humbel, B. M., Zhang, Z., & Hong, J. (2023). Three-dimensional analysis of membrane structures associated with tomato spotted wilt virus infection. *Plant, Cell and Environment*, 46, 650–664.

Gupta, R., Kwon, S. Y., & Kim, S. T. (2018). An insight into the tomato spotted wilt virus (TSWV), tomato and thrips interaction. *Plant Biotechnology Reports*, 12, 157–163.

Güldür, M.E., Marchoux, G., Yurtmen, M., Yılmaz, M.A. (1995). Mersin ve çevresinde yetiştirilen domateslerde zararlı yeni bir virüs: Tomato spotted wilt virus. Türkiye *VII. Fitopatoloji Kongresi*, Eylül 26-29, 1995, Adana, Türkiye, Kongre Kitabı, 303-305s

Hoffmeisterová, H., Ibrahim, E., Liu, Q., Zhu, M., Menšík, L., Komárek, P., ... & Kumar Kundu, J. (2025). Efficient serological and molecular methods for the detection of tomato spotted wilt virus. *Biologia plantarum*, 69(1), 77-87.

Hu, X., Hurtado-Gonzales, O. P., Adhikari, B. N., French-Monar, R. D., Malapi, M., Foster, J. A.,& McFarland, C. D. (2023). PhytoPipe: a phytosanitary pipeline for plant pathogen detection and diagnosis using RNA-seq data. *BMC Bioinformatics*, 24(1), 470.

Jangra, S., Mittal, A., Dhall, H., Jain, R. K., & Ghosh, A. (2020). A multiplex PCR assay for rapid identification of major tospovirus vectors reported in India. *BMC Genomics*, 21(1), 170.

Kikkert, M., Meurs, C., van de Wetering, F., Dorfmüller, S., Peters, D., Kormelink, R., & Goldbach, R. (1998). Binding of tomato spotted wilt virus to a 94-kDa Thrips protein. *Phytopathology*, 88, 63–69.

Kikkert, M., Van Lent, J., Storms, M., Bodegom, P., Kormelink, R., & Goldbach, R. (1999). Tomato spotted wilt virus

particle morphogenesis in plant cells. Journal of Virology, 73(3), 2288–2297.

Komoda, K., Narita, M., Yamashita, K., Tanaka, I., & Yao, M. (2017). Asymmetric trimeric ring structure of the nucleocapsid protein of Tospovirus. *Journal of Virology*, 91(20), e01002-17.

Korkmaz, S., & Turhan, P. (2006). Çanakkale İlinde Domates Lekeli Solgunluk Virüsünün Serolojik ve Biyolojik Yöntemlerle Saptanması. *Journal of Agricultural Sciences*, 12(2), 130–136.

Kormelink, R., de Haan, P., Peters, D., & Goldbach, R. (1992). Viral RNA synthesis in tomato spotted wilt virus-infected Nicotiana rustica plants. *Journal of General Virology*, 73(3), 687-693.

Krishnareddy, M., Rani, R. U., Kumar, K. S. A., Reddy, K. M., & Pappu, H. R. (2008). Capsicum chlorosis virus (Genus Tospovirus) infecting chili pepper (Capsicum annuum) in India. *Plant Disease*, 92(10), 1469.

Kuhn, J. H., Brown, K., Adkins, S., de la Torre, J. C., Digiaro, M., Ergünay, K., ... & Turina, M. (2024). Promotion of order Elliovirales to class Ellioviricetes to accommodate a rapidly increasing number of related polyploviricotine viruses. *Journal of Virology*, 98(10), e01069-24.

Langner, T., Kamoun, S., & Belhaj, K. (2018). CRISPR crops: plant genome editing toward disease resistance. *Annual Review of Phytopathology*, *56*(1), 479-512.

Lee, H. J., Cho, I. S., Ju, H. J., & Jeong, R. D. (2021). Rapid and visual detection of tomato spotted wilt virus using recombinase polymerase amplification combined with lateral flow strips. *Molecular and Cellular Probes*, 57, 101727.

Liang, Y., Wang, J., Zhang, X., Li, K., Su, J., Gui, M., ... & Liu, Y. (2024). Comprehensive phytohormone metabolomic and

transcriptomic analysis of tobacco (Nicotiana tabacum) infected by tomato spotted wilt virus (TSWV). *Virus Research*, 342, 199334.

Mandal, B., Pappu, H. R., Csinos, A. S., & Culbreath, A. K. (2006). Response of peanut, pepper, tobacco, and tomato cultivars to two biologically distinct isolates of Tomato spotted wilt virus. *Plant Disease,* 90(9), 1150–1155.

Mandal, B., Pappu, H. R., Culbreath, A. K., Holbrook, C. C., Gorbet, D. W., & Todd, J. W. (2002). Differential response of selected peanut (Arachis hypogaea) genotypes to mechanical inoculation by Tomato spotted wilt virus. *Plant Disease*, 86(9), 939–944.

Margaria, P., Bosco, L., Vallino, M., Ciuffo, M., Mautino, G. C., Tavella, L., & Kormelink, R. (2014). The NSs protein of tomato spotted wilt virus is required for persistent infection and transmission by Frankliniella occidentalis. *Journal of Virology*, 88(10), 5788–5802.

Matsuura, S., Kubota, K., & Okuda, M. (2007). First report of Chrysanthemum stem necrosis virus on chrysanthemums in Japan. *Plant Disease*, 91(4), 468.

Mensah, E. O., Oh, H., Song, J., & Baek, J. (2024). Exploring imaging techniques for detecting tomato spotted wilt virus (TSWV) infection in pepper (Capsicum spp.) germplasms. *Plants*, *13*(23), 3447.

Morca, A. F., Çelik, A., Coşkan, S., Santosa, A. I., & Akbaş, B. (2022). Population analysis on tomato spotted wilt virus isolates inducing various symptoms on tomato, pepper, and Chenopodium album in Turkey. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 118, 101786.

Mumford, R. A., Barker, I., & Wood, K. R. (1994). The detection of tomato spotted wilt virus using the polymerase chain reaction. *Journal of Virological Methods*, 46(3), 303-311.

Nachappa, P., Challacombe, J., Margolies, D. C., Nechols, J. R., Whitfield, A. E., & Rotenberg, D. (2020). Tomato spotted wilt virus benefits its thrips vector by modulating metabolic and plant defense pathways in tomato. *Frontiers in Plant Science*, 11, 575564.

Nagata, T., Inoue-Nagata, A. K., Prins, M., Goldbach, R., & Peters, D. (2000). Impeded thrips transmission of defective tomato spotted wilt virus isolates. *Phytopathology*, 90, 454–459.

Ogada, P. A., Moualeu, D. P., & Poehling, H. M. (2016). Predictive models for tomato spotted wilt virus spread dynamics, considering Frankliniella occidentalis specific life processes as influenced by the virus. *PLoS One*, 11(5), e0154533.

Oliver, J. E., & Whitfield, A. E. (2016). The genus Tospovirus: Emerging Bunyaviruses that threaten food security. *Annual Review of Virology*, 3, 101–124.

Orecchio, C., Botto, C. S., Alladio, E., D'Errico, C., Vincenti, M., & Noris, E. (2025). Non-invasive and early detection of tomato spotted wilt virus infection in tomato plants using a hand-held Raman spectrometer and machine learning modelling. *Plant Stress*, *15*, 100732.

Pappu, H. R., Jones, R. A. C., & Jain, R. K. (2009). Global status of tospovirus epidemics in diverse cropping systems: Successes achieved and challenges ahead. *Virus Research*, 141(2), 219–236.

Parrella, G., Gognalons, P., Gebre-Selassiè, K., Vovlas, C., & Marchoux, G. (2003). An update of the host range of Tomato spotted wilt virus. *Journal of Plant Pathology*, 85(4), 227–264.

Partigöç, N. S., & Soğancı, S. (2019). Küresel İklim Değişikliğinin Kaçınılmaz Sonucu: Kuraklık. *Resilience*, 3(2), 287-299.

Prins, M., & Goldbach, R. (1998). The emerging problem of tospovirus infection and nonconventional methods of control. *Trends in Microbiology*, 6, 31–35.

Ramkat, R., Wangai, A. W., Ouma, J. P., Rapando, P. N., & Lelgut, D. K. (2006). Effect of mechanical inoculation of Tomato spotted wilt tospovirus disease on disease severity and yield of greenhouse raised tomatoes. *Asian Journal of Plant Science*, 5, 607–612.

Randa Zelyüt, F., Karanfil, A., & Santosa, A. I. (2024). Investigation of viruses and phytoplasma infections in tomato plantations in Bilecik province, Türkiye. *International Journal of Agriculture Environment and Food Sciences*, 8(4), 786-796. https://doi.org/10.31015/jaefs.2024.4.7

Randa Zelyüt, F., & Karanfil, A. (2024). Evaluation of genetic diversity of tomato spotted wilt virus (TSWV) NSs gene region isolates at geographical level. *Eurasian Journal of Biological and Chemical Sciences*, 7(2), 125-131. https://doi.org/10.46239/ejbcs.1557069

Ribeiro, D., Goldbach, R., & Kormelink, R. (2009). Requirements for ER-arrest and sequential exit to the Golgi of tomato spotted wilt virus glycoproteins. *Traffic*, 10, 664–672.

Ribeiro, D., Jung, M., Moling, S., Borst, J. W., Goldbach, R., & Kormelink, R. (2013). The cytosolic nucleoprotein of the plant-infecting Bunyavirus tomato spotted wilt recruits endoplasmic reticulum–resident proteins to endoplasmic reticulum export sites. *The Plant Cell*, 25, 3602–3614.

Sajid, Q. U. A., & Elci, E. (2024). A comprehensive study on the molecular characterization of tomato spotted wilt orthotospovirus isolates and resistance genes in pepper and tomato. Turkish Journal of Botany, 48(1), 14-27.

Salamon, P., Mitykó, J., Kalo, P., and Szabo, Z. (2016). Symptoms caused by Tomato spotted wilt virus (TSWV) in pepper (Capsicum spp.) and marker assisted selection of TSWV resistant pepper lines for hybrid constructions. In: Proceedings of the XVI Eucarpia Capsicum and Eggplant Meeting, 12–14 September 2016 , Kecskemét, Hungary, pp. 12–14.

Samuel, G., Bald, J. G., & Pittman, H. A. (1930). Investigations on 'spotted wilt' of Tomatoes. Council for Scientific and Industrial Research Bulletin, 44, 1–64.

Sarı, N. (2018). Domates Lekeli Solgunluk Virüs Hastalığına Karşı Dayanıklılığı Kıran TSWV (Tomato Spotted Wilt Virus) İzolatının Moleküler Karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Yüksek Lisans Tezi), 80s.

Schneweis, D. J., Whitfield, A. E., & Rotenberg, D. (2017). Thrips developmental stage-specific transcriptome response to tomato spotted wilt virus during the virus infection cycle in Frankliniella occidentalis, the primary vector. Virology, 500, 226–237

Scholthof, K.-B. G., Adkins, S., Czosnek, H., Palukaitis, P., Jacquot, E., Hohn, T., Hohn, B., Saunders, K., Candresse, T., Ahlquist, P., Hemenway, C., & Foster, G. D. (2011). Top 10 plant viruses in molecular plant pathology. Molecular Plant Pathology, 12, 938–954.

Senthilraja, C., Malathi, V. G., Nakkeeran, S., Suganthy, M., Sivakumar, U., & Renukadevi, P. (2021). Biological and molecular characterization of tomato spotted wilt virus (TSWV) infecting

Chrysanthemum in India. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 43(4), 641-650.

Sevik, M. A., & Arli-Sokmen, M. (2012). Estimation of the effect of Tomato spotted wilt virus (TSWV) infection on some yield components of tomato. *Phytoparasitica*, 40, 87–93.

Shrestha, A., Champagne, D. E., Culbreath, A. K., Rotenberg, D., Whitfield, A. E., & Srinivasan, R. (2017). Transcriptome changes associated with tomato spotted wilt virus infection in various life stages of its thrips vector, Frankliniella fusca (hinds). *Journal of General Virology*, 98, 2156–2170.

Sin, S., McNulty, B. C., Kennedy, G. G., & Moyer, J. W. (2005). Viral genetic determinants for thrips transmission of tomato spotted wilt virus. Proceedings of the National Academy of Sciences, 102(14), 5168–5173.

Snippe, M., Borst, J. W., Goldbach, R., & Kormelink, R. (2007). Tomato spotted wilt virus Gc and N proteins interact in vivo. Virology, 357,115–123.

Soellick, T.-R., Uhrig, J. F., Bucher, G. L., Kellmann, J.-W., & Schreier, P. H. (2000). The movement protein NSm of tomato spotted wilt tospovirus (TSWV): RNA binding, interaction with the TSWV N protein, and identification of interacting plant proteins. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 97, 2373–2378.

Srinivasan, R., Abney, M. R., Culbreath, A. K., Kemerait, R. C., Tubbs, R. S., Monfort, W. S., & Pappu, H. R. (2017). Three decades of managing Tomato spotted wilt virus in peanut in southeastern United States. *Virus Research*, 241, 203–212.

Stafford, C. A., Walker, G. P., & Ullman, D. E. (2011). Infection with a plant virus modifies vector feeding

behavior. *Proceedings of the National Academy of Sciences,* 108(23), 9350–9355.

Sui, X., Zhang, S., Wu, Z., & Ling, K. S. (2018). Reverse transcription loop-mediated isothermal amplification for species-specific detection of tomato chlorotic spot orthotospovirus. *Journal of Virological Methods*, 253, 56–60.

Şevik, M. A. (2007). Domates Lekeli Solgunluk Virüsü (TSWV)'nün Samsun İlinde Domates Üretim Alanlarındaki Yayılış Durumunun ve Bazı Karakteristik Özelliklerinin Belirlenmesi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (Doktora Tezi), 117s.

Takeda, A., Sugiyama, K., Nagano, H., Mori, M., Kaido, M., Mise, K., Tsuda, S., & Okuno, T. (2002). Identification of a novel RNA silencing suppressor, NSs protein of tomato spotted wilt virus. *FEBS Letters*, 532, 75–79.

Tarım ve Orman Bakanlığı Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü, Resmi Yazı, Sayı: E-21817801-320.03.05-3571272, Erişim tarih: 18.12.2020

Tiberini, A., Cillo, F., Gentili, A., & Bertin, S. (2025). Tomato spotted wilt virus (Orthotospovirus tomatomaculae), a cyclically occurring threat to crop production worldwide. *Annals of Applied Biology*, 186(2), 93–114.

Uhrig, JF., Soellick, TR., Minke, CJ., Philipp, C., Kellmann, JW., Schreier, PH. 1999. Homotypic interaction and multimerization of nucleocapsid protein of Tomato spotted wilt tospovirus: Identification and characterization of two interacting domains. *Proceedings of the National Academy of Sciences.* 96: 55-60.

Uslu, Y. E., & Yorgancı, S. (2024). Seed and Pollen Transmission of Tomato spotted wilt orthotospovirus (TSWV) in

Pepper. *Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University (JAFAG)*, 41(3), 186–192.

Uslu, Y. E., Ertürk, M., & Yorgancı, S. (2025). Comparative analysis of mechanical inoculation methods for Tomato spotted wilt orthotospovirus (TSWV) in tomato. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 38(1), 1–7.

Vinodhini, J., Rajendran, L., Abirami, R., & Karthikeyan, G. (2021). Co-existence of chlorosis inducing strain of Cucumber mosaic virus with tospoviruses on hot pepper (Capsicum annuum) in India. *Scientific reports*, 11(1), 8796.

Wang, F., Shi, J. J., Wei, S. J., & Luan, J. B. (2026). Associations between western flower thrips and tomato spotted wilt virus. *Insect Science*, 33(1), 45–56.

Wang, H., Wu, X., Huang, X., Wei, S., Lu, Z., & Ye, J. (2022). Seed transmission of tomato spotted wilt orthotospovirus in peppers. *Viruses*, 14(9), 1873.

Werghi, S., Herrero, F. A., Fakhfakh, H., & Gorsane, F. (2021). Auxin drives tomato spotted wilt virus (TSWV) resistance through epigenetic regulation of auxin response factor ARF8 expression in tomato. *Gene*, 804, 145905.

Whitfield, A. E., Campbell, L. R., Sherwood, J. L., & Ullman, D. E. (2003). Tissue blot immunoassay for detection of Tomato spotted wilt virus in Ranunculus asiaticus and other ornamentals. *Plant disease*, 87(6), 618-622.

Whitfield, A. E., Kumar, N. K. K., Rotenberg, D., Ullman, D. E., Wyman, E. A., Zietlow, C., Willis, D. K., & German, T. L. (2008). A soluble form of the tomato spotted wilt virus (TSWV) glycoprotein G N (G N -S) inhibits transmission of TSWV by Frankliniella occidentalis. *Phytopathology*, 98, 45–50.

Whitfield, A. E., Ullman, D. E., & German, T. L. (2005). Tomato spotted wilt virus glycoprotein GC is cleaved at acidic pH. *Virus Research*, 110, 183–186.

Yardımcı, N., & Çulal-Kılıç, H. (2009). Tomato spotted wilt virus in vegetable growing areas in the west mediterranean region of Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 8(18), 4539-4541.

Zhang, W., Jiao, Y., Ding, C., Shen, L., Li, Y., Yu, Y., ... & Yang, J. (2021). Rapid detection of tomato spotted wilt virus with Cas13a in tomato and Frankliniella occidentalis. *Frontiers in Microbiology*, 12, 745173.

Zhang, Z., Zhang, J., Li, X., Zhang, J., Wang, Y., & Lu, Y. (2023). The plant virus Tomato Spotted Wilt Orthotospovirus benefits its vector by decreasing plant toxic alkaloids in host plant. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(19), 14493.

Zhang, Z., Zhang, P., Li, W., Zhang, J., Huang, F., Yang, J., Bei, Y., & Lu, Y. (2013). De novo transcriptome sequencing in Frankliniella occidentalis to identify genes involved in plant virus transmission and insecticide resistance. *Genomics*, 101, 296–305.

Zhao, H., Yin, Y., Qin, L., Deng, X., Li, Z., Reitz, S. R., Wu, S., Gao, F., & He, Z. (2026). Bayesian phylodynamic analysis reveals the dispersal patterns of tomato spotted wilt virus. *Virology*, 618, 110841.

Zheng, X., Shi, J., Yang, Z., Tao, M., Wan, Y., Liu, S., Qian, K., Zhang, Y., Zhang, Y., Yuan, J., Tang, Y., Cao, H., Xu, B., Zhang, Y., & Wu, Q. (2026). Tomato spotted wilt virus exploits Halloween genes to accelerate development of Frankliniella occidentalis. *Pest Management Science*, 82(5), 4931–4940.

BÖLÜM 16

*Potyvirus yituberosi (*Potato virus Y*, PVY)*

ALİ FERHAN MORCA[1]
SEVGİ COŞKAN[2]

Giriş

Potyvirus yituberosi (Potato virus Y, PVY), patatesin en önemli viral patojenlerinden biri olarak kabul edilmekte ve günümüzde patates yetiştirilen bölgelerin büyük bölümünde yaygın olarak bulunmaktadır. Virüsün patates dışında tütün, domates, biber ve diğer bazı Solanaceae türlerini enfekte edebilmesi, ekonomik ve epidemiyolojik açıdan önemini artırmaktadır (Torrance & Taliansky, 2020).

Patatesin vejetatif olarak çoğaltılması nedeniyle PVY, enfekteli tohumluk yumrular aracılığıyla bir üretim döneminden diğerine taşınabilmekte ve çoğaltım kademeleri boyunca varlığını sürdürebilmektedir. Bu durum, PVY'nin tarla ve tohumluk sistemlerinde uzun yıllar varlığını sürdürebilmesinin başlıca

[1] Ziraat Yüksek Mühendisi, Ankara Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Orcid: 0000-0002-7480-922X
[2] Ziraat Yüksek Mühendisi, Ankara Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Orcid: 0000-0002-3589-6041

nedenlerinden biri olarak değerlendirilmektedir (Frost vd., 2013; Torrance & Taliansky, 2020). Üretim sezonu içerisindeki yayılma ise esas olarak yaprak bitleriyle gerçekleşmektedir. Virüsün çok sayıda yaprak biti türü tarafından kalıcı olmayan (non-persistent) şekilde taşınabilmesi, kısa süreli beslenmeler sırasında yeni enfeksiyonların oluşmasına olanak vermektedir (Bhoi vd., 2022; Torrance & Taliansky, 2020)

PVY enfeksiyonları, patateste verim azalmasına ve yumru kalitesinde kayıplara neden olabilmektedir. Kayıpların düzeyi; patates çeşidine, enfeksiyon zamanına, çevre koşullarına ve virüs varyantına bağlı olarak değişmektedir (Karasev & Gray, 2013; Torrance & Taliansky, 2020). Enfekteli yumruların virüsün üretim dönemleri arasında taşınmasındaki rolü nedeniyle PVY, birçok ülkede tohumluk patates sertifikasyon programlarında izlenen temel viral etmenler arasında yer almaktadır (Frost vd., 2013).

Son yıllarda gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, PVY popülasyonlarının yüksek düzeyde genetik çeşitlilik gösterdiğini ve çok sayıda rekombinant varyant içerdiğini ortaya koymuştur. Rekombinant varyantların birçok üretim bölgesinde yaygınlaşması ve farklı biyolojik özellikler gösterebilmesi, virüsün epidemiyolojisi, tanısı ve yönetimine yönelik araştırmalara yeni bir boyut kazandırmıştır. Bu gelişmeler, PVY popülasyonlarının yalnızca biyolojik özelliklerinin değil, genetik yapılarının ve evrimsel dinamiklerinin de daha ayrıntılı olarak incelenmesini gerekli kılmıştır (Karasev & Gray, 2013; Torrance & Taliansky, 2020)

Bu bölümde PVY'nin taksonomik konumu, genomik özellikleri, ekonomik önemi, Türkiye'deki durumu, yayılımı, konukçuları, taşınma yolları, simptomatolojisi, tanı yöntemleri, epidemiyolojisi ve mücadele stratejileri güncel literatür bilgileri doğrultusunda ele alınmıştır.

Taksonomi ve Genomik Özellikler

Potato virus Y (PVY), *Potyviridae* familyasının *Potyvirus* cinsi içerisinde yer almaktadır. Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesinin (International Committee on Taxonomy of Viruses, ICTV) binominal, yani iki terimli, tür adlandırma sistemine geçişi kapsamında, daha önce Potato virus Y olarak adlandırılan türün güncel adı *Potyvirus yituberosi* olarak değiştirilmiştir. Bununla birlikte virüs adı potato virus Y (PVY) olarak kullanılmaya devam etmektedir (ICTV, 2025; Inoue-Nagata vd., 2022). EPPO Global Database'de tür *Potyvirus yituberosi* tercih edilen adı ve PVY000 koduyla kayıtlıdır. EPPO Kod sisteminde ayrıca Potato virus Y ordinary strain (PVYO00), Potato virus Y tobacco veinal necrosis strain (PVYN00), Potato virus Y stipple streak strain (PVYC00) ve Potato virus Y tuber necrosis strain (PVYNTN) için ayrı kayıtlar bulunmaktadır. Bu kodlar ICTV tarafından kabul edilmiş ayrı virüs türlerini değil, EPPO veri sisteminde belirli PVY ırk veya varyant grupları için oluşturulmuş kayıtları ifade etmektedir (EPPO, 2026).

PVY virionları, *Potyviridae* familyasının karakteristik özelliği olan zarfsız, esnek ve ipliksi morfolojiye sahiptir. Virionlar yaklaşık 650–950 nm uzunluğunda ve 11–20 nm genişliğindedir. Genomik RNA, kapsid proteini tarafından oluşturulan helikal yapı içerisinde paketlenmektedir. PVY, yaklaşık 9,7 kb uzunluğunda pozitif polariteli tek iplikçikli bir RNA genomuna sahiptir. Genom RNA'sının 5' ucunda genoma kovalent olarak bağlı viral protein (VPg), 3' ucunda ise poli(A) kuyruğu bulunmaktadır. Genomun büyük bölümünü kaplayan tek bir ana açık okuma çerçevesi (open reading frame, ORF), enfeksiyom sırasında büyük bir poliprotein olarak çevrilmekte, bu poliprotein viral proteazlar tarafından işlenerek olgun proteinlere ayrılmaktadır (Inoue-Nagata vd., 2022; Revers & García, 2015).

PVY genomu sırasıyla P1, HC-Pro, P3, 6K1, CI, 6K2, NIa-VPg, NIa-Pro, NIb ve CP bölgelerini içermektedir. Buna ek olarak,

P3 bölgesiyle örtüşen ve ana poliprotein açık okuma çerçevesine göre farklı bir okuma çerçevesinde bulunan *pipo* açık okuma çerçevesi de tanımlanmıştır (Chung vd., 2008). P3N-PIPO proteini, viral RNA'ya bağımlı RNA polimerazın korunmuş bir nükleotit dizisinde gerçekleştirdiği transkripsiyonel kayma sonucunda bazı RNA moleküllerine ilave bir adenin nükleotidi eklenmesiyle ifade edilmektedir (Olspert vd., 2015).

P1 proteini, poliproteinden kendi ayrılmasını sağlayan serin bir proteazdır. HC-Pro proteini; yaprak bitiyle taşınma, poliproteinin işlenmesi, sistemik enfeksiyon ve RNA susturulmasının baskılanması gibi farklı işlevlerle ilişkilendirilmektedir. P3 ve P3N-PIPO proteinleri virüs–konukçu etkileşimleri ve hücreden hücreye hareket süreçlerinde görev almaktadır. 6K1 ve 6K2 küçük hidrofobik proteinler olup özellikle 6K2, replikasyonla ilişkili membran yapılarının oluşumunda görev almaktadır. CI proteini ATPaz ve helikaz aktiviteleri ile ilişkilendirilirken, NIa bölgesi VPg ve NIa-Pro proteinlerini kodlamaktadır. NIb proteini RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (RdRp) olarak görev yapmakta, CP proteini ise virion yapısının temel bileşenini oluşturmaktadır (Revers & García, 2015; Valli vd., 2018)

PVY izolatları başlangıçta biyolojik özellikleri, özellikle konukçu reaksiyonları ve serolojik karakterlerine göre farklı gruplar altında sınıflandırılmıştır. Klasik sınıflandırmada PVY^{O} (ordinary strain), PVY^{N} (tobacco veinal necrosis strain) ve PVY^{C} (stipple streak strain) olmak üzere üç temel biyolojik ırk grubu tanımlanmıştır. Bu gruplar, standart patates genotiplerinde oluşturdukları hipersensitif reaksiyonlar ve *Nicotiana tabacum*'da damar nekrozu oluşturma durumları temelinde birbirinden ayrılmıştır. PVY^{O} ve PVY^{C} izolatları, sırasıyla *Ny* ve *Nc* dayanıklılık genlerini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluştururken, PVY^{N} izolatları bu genlerle ve *Nz* ile ilişkili hipersensitif reaksiyonları aşarak sistemik enfeksiyon

oluşturabilmekte ve *N. tabacum*'da damar nekrozuna neden olmaktadır (Karasev & Gray, 2013; Kerlan & Moury, 2008).

Daha sonraki çalışmalarda klasik üç biyolojik grubun dışında PVY^{Z} ve PVY^{E} gibi ek biyolojik ırk grupları da tanımlanmıştır. PVY^{Z} izolatları, *Nz* dayanıklılık genini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluştururken, PVY^{E} izolatları *Ny, Nc* ve *Nz* genleriyle ilişkili hipersensitif reaksiyonları aşarak sistemik enfeksiyon oluşturabilmekte ve damar nekrozuna neden olmamaktadır (Karasev & Gray, 2013; Kerlan vd., 2011). Daha yakın tarihli çalışmalarda PVY^{D} de ayrı bir biyolojik ırk grubu olarak değerlendirilmiş; bu gruba ait KIP1 ve PP izolatlarının *Ny* veya *Nc* genlerini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturduğu ve daha önce önerilen ayrı bir *Nd* genine ilişkin kanıt bulunmadığı bildirilmiştir (Jones vd., 2021). Bununla birlikte biyolojik sınıflandırma ile genomik sınıflandırma her zaman örtüşmemektedir. Nitekim PVY-L26 izolatı, biyolojik olarak PVY^{z} grubunda yer almasına karşın, genomik olarak üç rekombinasyon birleşme noktasına sahip Avrupa tipi PVY^{NTN} yapısını taşımakta ve bu nedenle PVY^{z}-NTN olarak adlandırılmaktadır (Kerlan vd., 2011; Quenouille vd., 2013). PVY'nin başlıca biyolojik ırk grupları ve bu grupların ayırt edici özellikleri Tablo 1'de özetlenmiştir.

Serolojik yöntemlerin geliştirilmesiyle birlikte PVY izolatlarının sınıflandırılmasında monoklonal antikorlar da kullanılmaya başlanmıştır. Bu çalışmalar sonucunda izolatlar O tipi, N tipi veya ara serolojik reaksiyon gösteren gruplar altında değerlendirilmiştir. Ancak rekombinant genom yapısına sahip birçok izolatın serolojik özellikleri biyolojik reaksiyonlarını veya genomik yapılarını tam olarak yansıtmamaktadır. Özellikle PVY^{NTN}, $PVY^{N:O}$ ve PVY^{N}-Wi varyantlarının yalnızca serolojik yöntemlerle güvenilir şekilde ayırılması mümkün değildir. Bu nedenle serolojik yöntemler PVY'nin genel olarak saptanmasında yararlı olmakla birlikte, kesin

varyant tanımlaması moleküler analizlerle yapılmaktadır (Karasev & Gray, 2013).

Moleküler analiz yöntemlerinin yaygınlaşmasıyla birlikte birçok PVY izolatının klasik biyolojik gruplardan birine tam olarak uymadığı anlaşılmıştır. Tam genom dizilerinin karşılaştırılması, PVY genomları arasında meydana gelen doğal rekombinasyon olaylarının yeni varyantların ortaya çıkmasındaki temel mekanizmalardan biri olduğunu göstermiştir. Günümüzde birçok üretim bölgesinde dolaşımda bulunan izolatların önemli bir kısmı rekombinant genom yapısına sahiptir. Bu nedenle güncel PVY sınıflandırması yalnızca konukçu reaksiyonlarına değil; genom organizasyonuna, rekombinasyon kırılma noktalarına ve filogenetik ilişkilere de dayanmaktadır (Glasa vd., 2021; Karasev & Gray, 2013).

Yaygın olarak tanımlanan rekombinant genom grupları arasında PVY^{N}:O, PVY^{N}-Wi ve PVY^{NTN} yer almaktadır. PVY-NE11 ve PVY^{z}-NTN de tanımlanmış diğer rekombinant genom yapıları arasındadır. Ayrıca, biyolojik olarak PVY^{E} grubunda değerlendirilen PVY-MON ile benzer rekombinant genom yapısına sahip PVY-AGA izolatlarının, PVY^{NTN} ve PVY-NE11 ile ilişkili genom bölgelerini içeren karmaşık rekombinant yapılara sahip olduğu gösterilmiştir (Galvino-Costa vd., 2012; Green vd., 2017)

Tipik PVY^{N}:O genomunda PVY^{O} ve PVY^{N} kökenli bölgeler arasında bir rekombinasyon birleşme noktası bulunurken, PVY^{N}-Wi olarak sınıflandırılan genomlarda bir veya iki, başlıca PVY^{NTN} genom yapılarında ise üç veya dört rekombinasyon birleşme noktası tanımlanmıştır. Bununla birlikte aynı ad altında sınıflandırılan alışılmadık genom yapılarının da bulunabilmesi nedeniyle, yalnızca birleşme noktalarının sayısına dayalı tanımlamalarda dikkatli olunmalıdır (Hu vd., 2009).

Rekombinant varyantlar içerisinde PVY^{NTN}, patates yumrularında görülen potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD) ile en güçlü şekilde ilişkilendirilen genom gruplarından biridir. Bununla birlikte PTNRD oluşumu yalnızca genom grubuna bağlı olmayıp virüs izolatı, patates çeşidi ve çevre koşullarından etkilenmektedir. PVY^{N}-Wi ve PVY^{N}:O varyantları ise PVY^{N} ile ilişkili bazı biyolojik özellikleri ve PVY^{O} ile ilişkili serolojik özellikleri birlikte gösterebilmektedir. Başlıca rekombinant genom gruplarının özellikleri Tablo 2'de karşılaştırılmıştır (Hu vd., 2009; Karasev & Gray, 2013), PVY ırklarının sınıflandırılmasında son yıllarda önemli bir paradigma değişikliği yaşanmıştır. Önceki sınıflandırmalar büyük ölçüde tütünde damar nekrozu oluşturma yeteneğine dayanırken, günümüzde bu özelliğin tek başına yeterli olmadığı kabul edilmektedir. Tam genom dizileri üzerinde gerçekleştirilen filogenetik analizler, rekombinasyon bölgeleri ve konukçu reaksiyonlarının birlikte değerlendirilmesi, PVY varyantlarının daha güvenilir biçimde sınıflandırılmasına olanak sağlamıştır. Bu nedenle günümüzde PVY popülasyonlarının tanımlanmasında tam genom dizileme, çoklu RT-PCR sistemleri ve filogenetik analizlerden yararlanılmaktadır (Chikh-Ali vd., 2013; Glasa vd., 2021; Karasev & Gray, 2013; Quenouille vd., 2013). Genomik veriler biyolojik ve serolojik özelliklerle birlikte değerlendirildiğinde, özellikle rekombinant varyantların daha doğru biçimde tanımlanması mümkün olmaktadır. Son yıllarda yüksek kapasiteli dizileme (high-throughput sequencing, HTS) teknolojilerinin yaygınlaşmasıyla PVY popülasyonlarının genomik yapısı daha biçimde incelenebilmektedir. Illumina ve Oxford Nanopore Technologies (ONT) tabanlı dizileme yaklaşımları; tam veya tama yakın genom dizilerinin elde edilmesi, rekombinasyon olaylarının belirlenmesi ve farklı genom varyantlarının tanımlanmasına olanak sağlamaktadır. Farklı coğrafi bölgelerden elde edilen tam genom dizilerinin karşılaştırılması, virüsün evrimi, yayılımı ve rekombinasyon dinamikleri hakkında önemli bilgiler

sağlamaktadır. Bu yaklaşımlar aynı zamanda karışık enfeksiyonların belirlenmesinde yararlı olmakla birlikte, birbirine yakın PVY varyantlarının aynı örnekte bulunması tam genomların ayrı ayrı birleştirilmesini güçleştirebilmektedir (Della Bartola, 2020; Glasa vd., 2021). Nanopore dizilemenin PVY tespiti ve genotiplendirilmesinde kullanımı ile karışık PVY enfeksiyonlarının HTS verilerinden yeniden oluşturulmasındaki sınırlılıklar doğrudan bu çalışmalarla desteklenmektedir.

Tablo 1 Potato virus Y'nin biyolojik ırk gruplarının ayırt edici özellikleri

Biyolojik ırk grubu	**Patates genotiplerindeki ayırt edici reaksiyon**	***Nicotiana tabacum*'daki reaksiyon**	**Açıklama**
PVY^{O} (*ordinary strain*)	*Ny* dayanıklılık genini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturur.	Damar nekrozu oluşturmaz.	Biyolojik ayrım, esas olarak *Ny* ile ilişkili konukçu reaksiyonuna dayanır. Klasik PVY^{O} genomları rekombinant olmayan O soyunda yer alır.
PVY^{N} (*tobacco veinal necrosis strain*)	*Ny*, *Nc* ve *Nz* genleriyle ilişkili hipersensitif reaksiyonları aşarak sistemik enfeksiyon oluşturabilir.	Damar nekrozu oluşturur.	PVY^{N} biyolojik ırk grubunun temel ayırt edici özelliği tütünde damar nekrozudur. Bu biyolojik özellik bazı rekombinant PVY genomlarında da görülebilir.
PVY^{c} (*stipple streak strain*)	*Nc* dayanıklılık genini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturur.	Damar nekrozu oluşturmaz.	Biyolojik ayrım, *Nc* ile ilişkili konukçu reaksiyonuna dayanır.
PVY^{z}	*Nz* dayanıklılık genini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturur.	Damar nekrozu oluşturmaz.	Biyolojik PVY^{z} fenotipi tek bir genomik yapıyla eş anlamlı değildir. PVY-L26 izolatında PVY^{z} fenotipi ile Avrupa tipi

Biyolojik ırk grubu	Patates genotiplerindeki ayırt edici reaksiyon	*Nicotiana tabacum*'daki reaksiyon	Açıklama
			PVY^{NTN} genom yapısı birlikte belirlenmiştir.
PVY^{E}	*Ny*, *Nc* ve *Nz* genleriyle ilişkili hipersensitif reaksiyonları aşarak sistemik enfeksiyon oluşturabilir.	Damar nekrozu oluşturmaz.	PVY^{E} biyolojik bir ırk grubudur. Biyolojik olarak PVY^{E} grubunda değerlendirilen PVY-MON izolatının karmaşık rekombinant genom yapısına sahip olduğu gösterilmiştir.
PVY^{D}	KIP1 ve PP izolatları, *Ny* ve/veya *Nc* dayanıklılık genlerini taşıyan patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturabilmektedir.	Tütündeki reaksiyon, grubun temel ayırıcı özelliği olarak kullanılmamıştır.	KIP1 ve PP izolatlarıyla yapılan kalıtım çalışmaları, hipersensitif reaksiyonların *Ny* veya *Nc* genleriyle açıklanabildiğini ve ayrı bir *Nd* geninin varlığına ilişkin kanıt bulunmadığını göstermiştir.

Kaynak: (Galvino-Costa, vd., 2012; Jones vd., 2021; Kehoe & Jones, 2016; Kerlan vd., 2011)'den düzenlenmiştir.

Not: Biyolojik ırk grupları, standart patates genotiplerindeki hipersensitif reaksiyonlar ve tütünde damar nekrozu oluşumu temelinde tanımlanmaktadır. Biyolojik ırk grupları ile genom dizilerine göre tanımlanan moleküler gruplar birbiriyle ilişkili olmakla birlikte eşdeğer değildir.

Tablo 2 Potato virus Y'nin seçilmiş rekombinant genom grupları ve tiplerinin temel özellikleri

Rekombinant genom grubu veya tipi	Biyolojik ve serolojik özellikler	Genomik yapı	Ayırt edici özellik
PVY^{N}:O	Tütünde damar nekrozu oluşturabilmesine karşın genellikle O tipi serolojik reaksiyon gösterir.	Tipik PVY^{N}:O genomunda PVY^{O} ve PVY^{N} kökenli bölgeler arasında bir rekombinasyon birleşme noktası bulunur.	PVY^{N} ile ilişkili biyolojik özellikler ile PVY^{O} ile ilişkili serolojik özellikleri birlikte gösterebilir.
PVY^{N}-Wi	Tütünde damar nekrozu oluşturabilir ve genellikle O tipi serolojik reaksiyon gösterir.	Klasik Wilga tipi genom yapısında iki rekombinasyon birleşme noktası bulunur. Bununla birlikte eski literatürde PVY^{N}-Wi ve PVY^{N}:O adlandırmaları kısmen örtüşecek biçimde kullanılmıştır.	Biyolojik ve serolojik özellikler birbiriyle tam olarak örtüşmediğinden moleküler tiplendirme gerektirir.
PVY^{NTN}	Potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD) ile güçlü biçimde ilişkilidir. Yumru belirtilerinin oluşumu izolat, patates çeşidi ve çevre koşullarına göre değişebilir.	Başlıca PVY^{NTN} genom yapılarında üç veya dört rekombinasyon birleşme noktası bulunur.	PVY^{O} ve PVY^{N} kökenli genom bölgelerinden oluşan başlıca rekombinant gruplardan biridir.
PVY-NE11	PTNRD ile ilişkilendirilen rekombinant gruplardan biridir. Yalnızca serolojik özellikleriyle güvenilir biçimde tanımlanamaz.	En az üç rekombinasyon birleşme noktası içeren karmaşık bir genom yapısına sahiptir. Genomun farklı bölgeleri PVY^{N}, Kuzey Amerika tipi PVY^{N}/NTN ve	Tam genom analiziyle karakterize edilebilir ve geliştirilmiş multipleks IC-RT-PCR ile diğer başlıca PVY gruplarından ayrılabilir.

Rekombinant genom grubu veya tipi	Biyolojik ve serolojik özellikler	Genomik yapı	Ayırt edici özellik
		henüz karakterize edilmemiş farklı bir PVY genotipiyle benzerlik göstermektedir.	
PVY^{Z}-NTN	PVY-L26 izolatı, *Nz* taşıyan patates genotipinde hipersensitif reaksiyon oluşturur ancak tütünde damar nekrozu oluşturmaz; bu nedenle biyolojik olarak PVY^{z} grubunda değerlendirilir.	Avrupa tipi PVY^{NTN} genom yapısına ve üç rekombinasyon birleşme noktasına sahiptir.	"PVY^{z}" biyolojik fenotipi, "NTN" ise rekombinant genom yapısını ifade eder.
PVY-MON/PVY-AGA tipi rekombinantlar	*Ny, Nc* ve *Nz* ile ilişkili hipersensitif reaksiyonları aşabilirler. PVY-MON tütünde damar nekrozu oluşturmadığından biyolojik olarak PVY^{E} grubunda değerlendirilirken, PVY-AGA tütünde damar nekrozu oluşturmuştur.	PVY^{NTN} ve PVY-NE11 ile ilişkili genom bölgelerini içeren karmaşık rekombinant yapılara sahiptirler.	PVY^{E} biyolojik bir ırk grubunu, PVY-MON/PVY-AGA ise belirli rekombinant genom tiplerini ifade etmektedir. Biyolojik PVY^{E} fenotipi ile bu rekombinant genom tipleri eşdeğer değildir.

Kaynak: *(Chikh-Ali vd., 2013; Galvino-Costa vd., 2012; Green vd., 2017; Hu vd., 2009; Kerlan vd., 2011; Kehoe & Jones, 2016; Lorenzen vd., 2008)'den düzenlenmiştir.*

Not: PTNRD: potato tuber necrotic ringspot disease. PVY^{N}:O ve PVY^{N}-Wi adlandırmaları farklı araştırma grupları ve dönemler arasında kısmen örtüşecek biçimde kullanılmıştır. Bu nedenle bu grupların tanımlanmasında rekombinasyon birleşme noktalarının sayısı ve konumu birlikte değerlendirilmelidir. Alışılmadık veya yeni rekombinantların doğrulanmasında tam genom dizilerinden yararlanılmalıdır.

Ekonomik Önemi

Potato virus Y (PVY), dünya genelinde patates üretimini etkileyen en yaygın ve ekonomik açıdan en önemli virüslerden biri olarak kabul edilmektedir. Virüsün geniş yayılışı, çok sayıda yaprak biti türü ile taşınabilmesi ve enfekteli tohumluk yumrular aracılığıyla üretim dönemleri boyunca varlığını sürdürebilmesi nedeniyle patates üretim sistemlerinde kalıcı olarak bulunabildiği bildirilmektedir. PVY yalnızca patatesi değil, tütün, domates ve biber gibi ekonomik öneme sahip diğer Solanaceae türlerini de enfekte edebilmektedir (Karasev & Gray, 2013; Torrance & Taliansky, 2020).

PVY'nin ekonomik etkisi yalnızca verim kayıpları ile sınırlı olmayıp, tohumluk üretimi, sertifikasyon programları, hastalık yönetimi ve ürün kalitesi üzerindeki etkileri de kapsamaktadır. Ekonomik kayıplar; verim azalmasının yanı sıra virüs yayılımını sınırlandırmaya yönelik uygulamalar, tarla kontrolleri, enfekteli bitkilerin uzaklaştırılması, tohumluk partilerinin sınıfının düşürülmesi veya reddedilmesi ve reddedilen partilerin yerine yeni tohumluk temin edilmesi gibi farklı maliyetlerden kaynaklanabilmektedir. Avrupa Birliği'nde gerçekleştirilen ekonomik analizlerde, PVY kaynaklı yıllık ekonomik kaybın yaklaşık 187 milyon Avro olduğu tahmin edilmiştir. Bu kaybın yaklaşık 96 milyon avrosunun tohumluk, 91 milyon avrosunun ise tohumluk dışı patates (yemeklik ve sanayilik) üretimiyle ilişkili olduğu; tohumluk üretimindeki kayıplarda kimyasal uygulama maliyetlerinin, tohumluk dışı üretimde ise verim azalmasının öne çıktığı bildirilmiştir (Dupuis vd., 2024).

PVY enfeksiyonları patates bitkilerinde yumru veriminin azalmasına neden olabilmektedir. Verim kaybının düzeyi; patates çeşidine, virüs varyantına, enfeksiyon zamanına ve çevresel koşullara bağlı olarak değişmektedir (Karasev & Gray, 2013; Torrance & Taliansky, 2020; Weber vd., 2021).

Farklı patates çeşitlerinde verim kayıplarının %9,6 ile %37,0 arasında değişebildiği bildirilmiştir (Dupuis vd., 2024). Ayrıca karışık virüs enfeksiyonlarının bulunduğu durumlarda hastalık belirtilerinin daha şiddetli olabileceği belirtilmektedir (Torrance & Taliansky, 2020).Verim kaybının yanı sıra, yumru kalitesi ve tohumluk değeri de PVY enfeksiyonlarından olumsuz etkilenebilmektedir. Üretim sezonu içerisinde gerçekleşen enfeksiyonların bazı patates çeşidi–virüs varyantı kombinasyonlarında yumru verimini ve yumru özgül ağırlığını azaltabildiği gösterilmiştir (Weber vd., 2021). Enfekteli tohumluk yumruların üretimde kullanılması, virüsün sonraki üretim dönemlerine taşınmasına ve tohumluk partilerindeki enfeksiyon oranlarının artmasına neden olabilmektedir (Frost vd., 2013). Enfeksiyon oranlarının sertifikasyon standartlarında belirlenen toleransları aşması halinde tohumluk partilerinin sınıfı düşürülebilmekte veya bu partiler reddedilebilmektedir (Dupuis vd., 2024).

PVY, birçok ülkede tohumluk patates sertifikasyon programlarında izlenen virüsler arasında yer almaktadır. Enfekteli tohumluk yumruların virüsün yayılmasındaki rolü nedeniyle, tarla kontrolleri, laboratuvar testleri ve sertifikasyon standartları PVY yönetiminin temel bileşenleri arasında kabul edilmektedir. Bu nedenle virüs, yalnızca bitki sağlığı açısından değil, tohumluk üretimi ve ticareti açısından da önem taşımaktadır (Dupuis vd., 2024; Frost vd., 2013).

Son yıllarda rekombinant PVY varyantlarının yaygınlaşması, virüsün ekonomik etkisine ilişkin değerlendirmelerde dikkate alınan unsurlardan biri haline gelmiştir (Dupuis vd., 2024; Karasev & Gray, 2013). Özellikle PVY^{NTN} varyantı ile ilişkilendirilen potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD), duyarlı çeşitlerin yumrularında yüzeysel nekrotik halka ve alanlara neden olarak yumruların görünümünü ve pazarlanabilirliğini olumsuz etkileyebilmekte; bazı

partilerin reddedilmesine yol açabilmektedir (Dupuis vd., 2024; Karasev & Gray, 2013).

Türkiye'deki Durumu

Türkiye'de Potato virus Y (PVY) ile ilgili çalışmalar, başlangıçta patates üretim alanlarında görülen virüs hastalıklarının belirlenmesi ve tohumluk yumruların bulaşıklık durumunun ortaya konulması amacıyla yürütülmüştür. Erzurum ve çevresinde yapılan erken dönem çalışmalarda, üreticiler tarafından kullanılan tohumluk patates yumrularında PVY bulaşıklığı %40,5 olarak saptanmış ve tohumluk materyalin büyük bölümünün bir veya birden fazla patates virüsüyle bulaşık olduğu bildirilmiştir (Çıtır, 1982). Başka bir çalışmada ise PVY'nin bazı patates çeşitlerinde oluşturduğu belirtileri incelemiş; PVY ile enfekteli Granola, Pasinler 92 ve Caspar çeşitlerinde belirtisiz enfeksiyonların yanı sıra hafif sararma, nekrotik çizgi, gelişme geriliği ve yaprak dökülmesi gibi belirtilerin ortaya çıkabildiğini, PVX ve PVY'nin birlikte bulunduğu durumlarda belirtilerin daha şiddetli geliştiğini göstermiştir (Bostan & Demirci, 2001). Bu bulgular, PVY enfeksiyonlarının yalnızca görsel belirtilere dayanılarak güvenilir biçimde belirlenemeyeceğini ortaya koymaktadır.

Bolu, Erzurum, İzmir, Niğde ve Nevşehir gibi farklı bölgelerden alınan tohumluk patates yumrularında PVY bulaşıklığını %17,7 olarak belirlenmiş ve PVY^N grubunun PVY^O grubuna göre daha yüksek oranda bulunduğunu bildirmiştir (Bostan & Haliloğlu, 2004). Trabzon ve Bayburt illerinde incelenen 159 tohumluk yumrunun ise %1,9'unda PVY saptanmıştır (Arlı-Sökmen vd., 2005). Niğde ve Nevşehir'de yürütülen çalışmada PVY'nin yaprak ve yumru örneklerinde tekli veya diğer patates virüsleriyle karışık enfeksiyonlar halinde bulunduğu ve belirtisiz bitkilerde de tespit edilebildiği gösterilmiştir (Güner & Yorgancı, 2006). Bu çalışmalar, PVY bulaşıklık oranlarının bölgeye, incelenen

materyale, örnekleme yöntemine ve kullanılan tanı yöntemine göre değişebildiğini göstermektedir.

Erzurum'un yüksek rakımlı üretim koşullarında, PVY, PVS ve PLRV enfeksiyonlarının ardışık üretim dönemlerindeki değişimini ve üretim alanlarında bulunan kanatlı yaprak bitlerini incelemiştir (Bostan & Dumlupinar, 2006). Morfona çeşidinde 2003 yılında %6,47 olan PVY enfeksiyon oranı, aynı alandan elde edilen yumruların sonraki yıllarda yeniden tohumluk olarak kullanılması sonucunda 2004 yılında %27'ye, 2005 yılında ise %91'e yükselmiştir. Çalışmada *Myzus persicae*, *Therioaphis trifolii* ve *Aphis fabae* en fazla yakalanan yaprak biti türleri arasında yer almıştır. Bu sonuçlar, aynı üretim materyalinin ardışık yıllarda yeniden tohumluk olarak kullanıldığı çalışma koşullarında PVY enfeksiyon oranının birkaç üretim döneminde önemli ölçüde artabildiğini göstermektedir. Bununla birlikte %91 değeri Erzurum genelindeki PVY yaygınlığını değil, aynı üretim materyalinin ardışık yıllarda çoğaltıldığı çalışma koşullarını ifade etmektedir. Aynı dönemde PVY ile enfekteli olduğu bilinen 320 tohumluk yumrunun 264'ünde PVY^{N}/PVY^{NTN} grubunu belirlemiş ve pozitif örneklerin tamamını kullanılan primer sistemine göre Avrupa kökenli PVY^{N}/ PVY^{NTN} alt grubunda sınıflandırmıştır (Bostan & Dumlupinar, 2006).

Isparta'dan alınan 52 patates yaprağı örneğinin 23'ünde (%44,23) PVY'yi RT-PCR ile belirlemiş ve pozitif örneklerden seçilen materyaller üzerinde biyolojik çalışmalar yürütmüştür (Yardımcı vd., 2014). Aynı araştırma grubunun farklı patates çeşitlerinden alınan yaprak ve yumru örneklerini DAS-ELISA ile incelediği çalışmada ise PVY, PVX, PVS, PVA ve PLRV'nin tekli veya karışık enfeksiyonları saptanmıştır (Yardımcı vd., 2015). Tokat ilinde, Başçiftlik, Niksar, Artova ve Merkez ilçelerinden alınan örneklerin %54'ünde bir veya birden fazla virüs belirlemiş ve

PVY'yi %50 oranla en yaygın virüs olarak tespit etmiştir (Topkaya, 2020).

Daha kapsamlı bir takip çalışmasında, virüs belirtisi gösteren bitkilerden alınan 400'ün üzerindeki yaprak örneğinin 218'inde (%52) bir veya birden fazla virüs saptanmış ve PVY %47,1 ile en yaygın virüs olarak belirlenmiştir. Dizilenen üç PVY izolatından ikisi PVY^{N}-Wi, biri ise PVY^{NTN} grubunda yer almıştır (Engür & Topkaya, 2023). Aynı araştırmacılar tarafından Niksar, Erbaa ve Artova'dan toplanan virüs belirtisi gösteren 91 yumrunun 67'sinde (%73,62) PVY saptanmıştır (Engür & Topkaya, 2024). Bu oranlar belirti gösteren materyallerden elde edildiğinden, Tokat ili üretim alanlarının genel PVY prevalansı olarak değerlendirilmemelidir.

Son yıllarda gerçekleştirilen moleküler çalışmalar, Türkiye'deki PVY popülasyonlarının genetik yapısına ilişkin daha ayrıntılı bilgiler sağlamıştır. Doğu Anadolu Bölgesi'ndeki 11 ilden alınan, belirti gösteren ve göstermeyen toplam 1130 patates yaprak örneğinin multiplex RT-PCR ile incelendiği çalışmada PVY %35 ile en yaygın virüs olarak belirlenmiştir. Aynı çalışmada PVS %8,5, PVX %1,8 ve PLRV %1 oranında tespit edilmiş, PVA ise saptanmamıştır. Seçilen PVY izolatlarının tam kılıf protein geni dizileri GenBank'a kaydedilmiş ve izolatların filogenetik ilişkileri değerlendirilmiştir (Korkmaz vd., 2025).

Afyonkarahisar, Bolu, Nevşehir ve Tokat'tan alınan 447 patates örneğinin incelendiği başka bir çalışmada ise 197 örnek (%44,07) PVY pozitif bulunmuştur. Bu örneklerden seçilen 25 izolatın kısmi P1, tam HC-Pro ve tam P3 gen bölgelerine göre gerçekleştirilen analizlerinde izolatların 22'si N, üçü NTN grubunda yer almış ve NTN grubundaki iki izolat rekombinant olarak değerlendirilmiştir (Topkaya vd., 2025). Bu bulgular, Türkiye'deki patates üretim alanlarında farklı PVY genom gruplarının ve rekombinant izolatların bulunduğunu göstermektedir.

Türkiye'de PVY yalnızca patateste değil, biber (*Capsicum annuum*) gibi ekonomik öneme sahip diğer Solanaceae türlerinde de araştırılmıştır. Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki doğal olarak enfekteli biberlerden elde edilen PVY izolatlarının CP ve VPg bölgelerini incelemiş; izolatların C1 filogenetik grubunda yer aldığını ve *pvr2¹* dayanıklılık allelini aşabildiği bildirilmiştir (Buzkan vd., 2015). Samsun ilinde 1012 biber örneğini incelenmiş ve PVY enfeksiyon oranını 2010 yılında %11,9, 2011 yılında ise %5,8 olarak belirlenmiştir. Karakterize edilen 13 izolatın dokuzu PVY-0, dördü PVY-1 patotipinde yer almış; dizilenen dört izolatın üçü C, biri N grubuyla birlikte kümelenmiştir (Deligöz & Arlı-Sökmen, 2020).

Daha sonra 23 ticari biber çeşidi ile 30 ıslah hattının PVY-0 ve PVY-1 patotiplerine karşı reaksiyonları incelenmiş; üç ticari çeşidin her iki patotipe, bir çeşidin ise yalnızca PVY-0'a dayanıklı olduğu belirlenmiştir. Moleküler analizlerde *pvr2*$^{+}$ alleli duyarlı genotiplerde, *pvr2¹, pvr2²* ve *pvr2³* allelleri ise yalnızca dayanıklı genotiplerde saptanmış ve tetra-primer ARMS-PCR yönteminin dayanıklı genotiplerin seçiminde kullanılabileceği bildirilmiştir (Deligöz & Arlı-Sokmen, 2022).

PVY'nin diğer Solanaceae konukçularındaki güncel durumuna ilişkin olarak Isparta'daki biber üretim alanlarından alınan 184 örneğin 33'ünde PVY saptamış ve enfeksiyon oranını %17,93 olarak bildirmiştir (Yağcıoğlu & Çulal-Kılıç, 2026). Domateste ise Diyarbakır'da belirti gösteren ve göstermeyen bitkilerden rastgele alınan 278 yaprak örneğinin 21'inde (%7,6) PVY belirlemiştir. Çalışmada seçilen dört PVY izolatının kısmi kılıf protein geni dizilenerek GenBank'a kaydedilmiş ve PVY'nin Diyarbakır ili domates üretim alanlarındaki varlığı ilk kez bildirilmiştir (Yılmaz & Sipahioğlu, 2020).

PVY tanısı ve tohumluk sertifikasyonuna yönelik çalışmalar da Türkiye literatüründe yer almaktadır. Bostan ve Peker (2009), Dormant yumrularda PVS, PLRV, PVX ve PVY'nin eş zamanlı

belirlenmesi amacıyla tetraplex RT-PCR yaklaşımı değerlendirilmiş ve PVY'nin güvenilir tespiti için aynı cDNA kullanılarak uniplex PCR uygulanmasını önerilmiştir (Bostan & Peker, 2009). Farklı bir çalışmada ise PVY ile enfekteli 'Desire' çeşidine ait dormant yumruların farklı kısımlarından alınan örneklerde DAS-ELISA ile IC-RT-PCR yöntemlerini karşılaştırmıştır. DAS-ELISA yalnızca apikal tomurcuk örneklerinin 5/10'unda pozitif sonuç verirken IC-RT-PCR apikal tomurcuk örneklerinin tamamında PVY'yi tespit etmiştir. Apikal tomurcuğun PVY tespiti için en uygun örnekleme bölgesi olduğu ve öz ile kabuk altındaki derin dokuların tanı için uygun olmadığı bildirilmiştir (Aydınlık vd., 2026).

Genel olarak Türkiye'de yapılan çalışmalar, PVY'nin ülkenin farklı patates üretim bölgelerinde uzun süredir bulunduğunu, enfekteli tohumluk yumrularla üretim dönemleri arasında taşınabildiğini ve tekli veya karışık enfeksiyonlar hâlinde görülebildiğini göstermektedir. Moleküler çalışmalar, Türkiye'de N, PVY^{N}-Wi ve PVY^{NTN} ile ilişkili genom gruplarının yanı sıra bazı rekombinant izolatların da bulunduğunu ortaya koymuştur. Virüsün biber ve domates üretim alanlarında da belirlenmesi, Türkiye'deki epidemiyolojisinin yalnızca patates üretim sistemiyle sınırlandırılamayacağını göstermektedir.

Bununla birlikte çalışmaların yürütüldüğü bölgeler, örnekleme yılları, konukçu çeşitleri, örnek materyalleri, örnekleme stratejileri ve kullanılan tanı yöntemleri farklılık gösterdiğinden, bildirilen PVY enfeksiyon oranlarının bölgeler arasında doğrudan karşılaştırılması uygun değildir. Özellikle belirti gösteren bitki veya yumrulardan yapılan yönlendirilmiş örneklemelerde elde edilen oranlar, ilgili bölgenin genel prevalansı olarak yorumlanmamalıdır. İlk dönem çalışmalar daha çok serolojik ve biyolojik yöntemlere dayanırken güncel araştırmalar RT-PCR, multiplex RT-PCR, IC-RT-PCR, dizileme, rekombinasyon ve filogenetik analizleri içermektedir. Bu gelişim, Türkiye'de PVY araştırmalarının yalnızca

varlık-yokluk düzeyinden çıkarak genom grupları, genetik çeşitlilik, konukçu-varyant etkileşimleri, epidemiyoloji ve tohumluk sertifikasyonu gibi alanları kapsayan daha kapsamlı bir araştırma çerçevesine dönüştüğünü göstermektedir.

Yayılım

Potato virus Y (PVY), patateste görülen dejenerasyon hastalıkları kompleksi içerisinde 1930'lu yılların başında tanımlanmıştır. Smith'in 1931 tarihli çalışması, PVY enfeksiyonuna ilişkin ilk tanımlamalardan biri olarak kabul edilmekte ve daha sonraki derlemelerde virüsün tarihsel olarak ilk tanımlanması bu çalışmaya dayandırılmaktadır (Quenouille vd., 2013; Smith, 1931; Torrance & Taliansky, 2020). PVY'nin kökeninin Güney Amerika ile ilişkili olduğu bildirilmektedir. Patatesin 16. yüzyılda Güney Amerika'dan Avrupa'ya taşınması sırasında PVY'nin de enfekteli yumrularla taşındığı düşünülmektedir. Bu süreç sonunda PVY, patatesin en önemli viral patojenlerinden biri haline gelmiştir (Fuentes vd., 2019; Torrance & Taliansky, 2020).

Günümüzde PVY, patates yetiştiriciliğinin yapıldığı birçok bölgede bildirilen bir virüstür. CABI Compendium'da PVY'nin dünya genelinde yaygın olduğu belirtilmekte, EPPO Global Database'de ise PVY000 kodu ile yer alan virüsün çok sayıda ülkede kayıtlı olduğu görülmektedir (CABI Compendium, 2024; EPPO, 2026).

PVY'nin coğrafi yayılışı yalnızca tür düzeyindeki varlığıyla sınırlı değildir. Farklı coğrafi bölgelerde rekombinant olmayan ve rekombinant PVY genom grupları farklı oranlarda bulunabilmektedir. PVY^{O} ve PVY^{N} rekombinant olmayan başlıca gruplar arasında yer almakta; PVY^{N}:O, PVY^{N}-Wi ve PVY^{NTN} ise PVY^{O} ve PVY^{N} ile ilişkili genom bölgelerinin rekombinasyonu sonucunda oluşmuş başlıca rekombinant gruplar arasındadır (Karasev vd., 2011). Kuzey Amerika'da yapılan çalışmalarda

PVY^{O}'nun yanı sıra PVY^{N}:O, PVY^{N}-Wi ve PVY^{NTN} gruplarının patates üretim alanlarında bulunduğu ve rekombinant varyantların PVY popülasyonunda önemli yer tuttuğu bildirilmiştir (Gray vd., 2010; MacKenzie vd., 2019).

PVY'nin dünya genelindeki yayılımı, başta enfekteli tohumluk yumruların üretim materyali olarak kullanılması ve ticareti olmak üzere insan faaliyetleriyle yakından ilişkilidir. Üretim sezonu içerisindeki yerel yayılmada ise virüsün yaprak bitleriyle kalıcı olmayan (non-persistent) şekilde taşınması etkili olmaktadır. Bu nedenle PVY, patates üretiminin yapıldığı birçok ülkede sürvey ve tohumluk kontrol programlarında izlenen viral etmenler arasında yer almaktadır (Frost vd., 2013; Torrance & Taliansky, 2020).

Konukçular

Potato virus Y (PVY), geniş konukçu aralığına sahip bir virüstür. CABI Compendium'da PVY'nin doğal koşullarda en az 41 bitki türünde ve dört familyada bildirildiği belirtilmektedir. Patates (*Solanum tuberosum*) virüsün ana konukçusu olup tütün (*Nicotiana tabacum*), domates (*Solanum lycopersicum*) ve biber (*Capsicum* spp.) ekonomik açıdan önemli diğer konukçular arasında yer almaktadır (CABI Compendium, 2024) (Quenouille vd., 2013). PVY'nin konukçu aralığı, kültür bitkilerinin yanı sıra *Solanaceae* familyasına ait ve bu familya dışında yer alan çeşitli yabancı ot türlerini de kapsamaktadır (CABI Compendium, 2024) (Quenouille vd., 2013).

EPPO Global Database'de *Solanum tuberosum* ana konukçu (major host) olarak listelenmektedir. *Capsicum* spp., *Passiflora edulis*, *Physalis ixocarpa*, *Physalis peruviana* ve *Vitis vinifera* ise konukçu (host) olarak kayıtlıdır listelenmektedir. EPPO tarafından kullanılan konukçu kategorilerinin mevcut verilere dayanan nitel bir değerlendirmeyi ifade ettiği ve gösterge niteliğinde olduğu belirtilmektedir (EPPO, 2026).

Tablo 3. Potato virus Y'nin başlıca ve seçilmiş konukçuları

Grup	Bilimsel adı	Türkçe adı
Ana konukçu	*Solanum tuberosum*	Patates
Ekonomik öneme sahip konukçu	*Capsicum* spp.	Biber türleri
Ekonomik öneme sahip konukçu	*Nicotiana tabacum*	Tütün
Ekonomik öneme sahip konukçu	*Solanum lycopersicum*	Domates
EPPO'da kayıtlı konukçu	*Passiflora edulis*	Çarkıfelek meyvesi / Marakuya
EPPO'da kayıtlı konukçu	*Physalis ixocarpa*	Tomatillo / Meksika yer kirazı
EPPO'da kayıtlı konukçu	*Physalis peruviana*	Altın çilek / Yer kirazı
EPPO'da kayıtlı konukçu	*Vitis vinifera*	Asma / Üzüm

Kaynak: (Baebler vd., 2020) (EPPO, 2026) (Quenouille vd., 2013) (Torrance & Taliansky, 2020)'den derlenmiştir.

Taşınma Yolları

Potato virus Y (PVY), başlıca enfekteli tohumluk yumrular ve yaprak bitleri aracılığıyla taşınmaktadır. Patatesin vejetatif olarak çoğaltılması nedeniyle enfekteli yumrular, bir üretim döneminden diğerine virüsün taşınmasında temel inokulum kaynağını oluşturmaktadır. Bu durum, PVY'nin patates üretim sistemlerinde uzun süre varlığını sürdürebilmesinin başlıca nedenlerinden biri olarak kabul edilmektedir (da Silva vd., 2020; Frost vd., 2013).

PVY'nin tarla içerisindeki yayılımında en önemli rolü yaprak bitleri üstlenmektedir. Virüs, doğal koşullarda 50'den fazla yaprak biti türü tarafından taşınabilmektedir. Bununla birlikte vektör etkinliği türler arasında farklılık göstermekte olup yalnızca bazı türler epidemiyolojik açıdan önemli düzeyde yayılım sağlayabilmektedir (Bhoi vd., 2022; Gray vd., 2010; Karasev & Gray, 2013).

PVY, yaprak bitleri tarafından kalıcı olmayan (non-persistent) şekilde taşınmaktadır. Bu taşınma biçiminde yaprak bitleri virüsü enfekteli bitkilerden çok kısa süreli beslenmeleri

sırasında edinmekte ve kısa süre içerisinde sağlıklı bitkilere aktarabilmektedir. Virüsün vektör bünyesinde uzun süre kalmaması nedeniyle patateste koloni oluşturmayan yaprak biti türleri de yayılımda rol oynayabilmektedir. Kalıcı olmayan taşınma özelliği nedeniyle yaprak bitleri virüsü kısa süreli yoklama beslenmeleri sırasında aktarabildiğinden, kimyasal mücadele uygulamaları PVY yayılımını tek başına her zaman etkili şekilde engelleyememektedir (Bhoi vd., 2022; Fereres & Raccah, 2015).

PVY'nin doğal koşullardaki en etkili vektörlerinden biri şeftali yaprak biti (*Myzus persicae*) olarak kabul edilmektedir. Bununla birlikte farklı yaprak biti türlerinin virüsü taşıma etkinlikleri değişebilmektedir. Yapılan çalışmalar, bazı türlerin yüksek taşıma kapasitesine sahip olduğunu, bazı türlerin ise PVY epidemiyolojisinde sınırlı rol oynadığını göstermiştir (Bhoi vd., 2022; Fox vd., 2017).

Virüs, enfekteli bitki özsuyunun yaralanmış sağlıklı bitki dokularına temas etmesi sonucunda mekanik olarak da taşınabilmektedir. Tarımsal uygulamalar sırasında oluşan yaralanmalar, bitki materyali ile temas ve bazı kültürel işlemler mekanik taşınmaya katkıda bulunabilmektedir. Bununla birlikte doğal koşullarda yaprak bitleri ve enfekteli tohumluk yumrular, PVY'nin başlıca taşınma yollarını oluşturmaktadır (da Silva vd., 2020; Torrance & Taliansky, 2020).

Enfekteli tohumluk materyalin bölgeler ve ülkeler arasında hareketi, PVY'nin ve farklı varyantlarının yeni üretim alanlarına taşınmasına da katkıda bulunmaktadır. Son yıllarda birçok ülkede bildirilen rekombinant PVY varyantlarının yayılışında enfekteli üretim materyalinin önemli rol oynadığı bildirilmektedir (Gray vd., 2010; Torrance & Taliansky, 2020).

Simptomatoloji

Potato virus Y (PVY) enfeksiyonlarında belirti oluşumu; konukçu bitki türü, konukçu genotipi, virüs ırkı veya varyantı, enfeksiyon dönemi ve çevre koşullarına bağlı olarak değişebilmektedir. Enfeksiyonlar bazı bitkilerde belirgin yaprak ve yumru belirtileri oluştururken, bazı konukçu-varyant kombinasyonlarında hafif veya belirtisiz (latent) seyir gösterebilmektedir. Bu nedenle PVY tanısında yalnızca görsel belirtilere dayanılması her zaman güvenilir sonuç vermemektedir (Karasev & Gray, 2013; Quenouille vd., 2013).

Patateste PVY belirtileri hafif ile şiddetli arasında değişen beneklenme, mozaik, yaprak kırışıklığı ve yaprak deformasyonları şeklinde görülebilmektedir. Enfekteli bitkilerde sararma, damar nekrozu, nekrotik lekeler, bodurluk ve gelişme geriliği de ortaya çıkabilmektedir (Şekil 1). Sekonder enfeksiyonlarda, yani enfekteli ana yumrudan gelişen bitkilerde, bodurluk, sistemik mozaik, yaprak kırışıklığı ve yaprakçıklarda küçülme görülebilmekte; belirtilerin tipi ve şiddeti patates çeşidi ile virüs varyantına göre değişebilmektedir (Gray vd., 2010; Kerlan & Moury, 2008).

Şekil 1 Potato virus Y ile enfekteli patates bitkilerinde yaprak belirtileri: (a–b) mozaik, yaprak kırışıklığı ve deformasyonu; (c) nekrotik lekelenme; (d) yaprakçıklarda kıvrılma ve deformasyon



Kaynak: Ali Ferhan MORCA (Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü)

PVY enfeksiyonlarında yaprak, yaprak sapı, gövde ve yumrularda nekrotik belirtiler ortaya çıkabilmektedir. Yumru yüzeyinde ve yumru etinde gözlenen nekrotik belirtiler Şekil 2'de gösterilmiştir. PVY^{c} izolatları, *Nc* dayanıklılık genini taşıyan bazı patates genotiplerinde hipersensitif reaksiyon oluşturabilmektedir. Ayrıca PVY^{c} enfeksiyonlarında nekrotik benek ve çizgilerle karakterize edilen *stipple-streak* (nekrotik beneklenme ve çizgilenme) belirtileri görülebilmektedir. Yapraklarda sararma ve nekrozun ardından yaprakların kuruması, dökülmesi veya gövde üzerinde asılı kalması şeklinde gelişen (*leaf drop*) yaprak dökümü

belirtisi de bildirilmektedir (Gray vd., 2010; Kerlan & Moury, 2008; Quenouille vd., 2013).

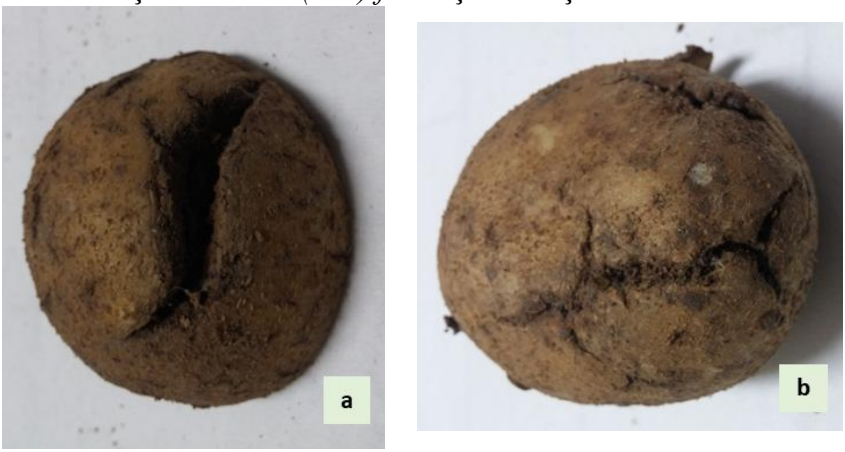
Şekil 2 Potato virus Y ile enfekteli patates yumrularında nekrotik belirtiler: (a) yumru yüzeyinde düzensiz nekrotik lezyonlar; (b) yumru etinde iç nekroz



Kaynak: Ali Ferhan MORCA (Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü)

PVY ile ilişkili en karakteristik ve ekonomik açıdan önemli yumru belirtilerinden biri, *potato tuber necrotic ringspot disease* (PTNRD) olarak bilinmektedir. Bu hastalıkta yumru yüzeyinde halka veya yay biçiminde nekrotik alanlar oluşabilmekte; bu alanlar başlangıçta hafif kabarık iken daha sonra koyu kahverengi ve çökük nekrotik lezyonlara dönüşebilmektedir. PVY enfeksiyonlarıyla ilişkili diğer yumru belirtileri arasında bazı durumlarda yumru kabuğunda çatlamalar da görülebilmektedir (Şekil 3). PTNRD, özellikle PVY^{NTN} rekombinant grubu ile güçlü biçimde ilişkilendirilmekte ve yumru kalitesini doğrudan etkileyen önemli bir belirti grubu olarak değerlendirilmektedir (Gray vd., 2010; Karasev & Gray, 2013).

Şekil 3 Potato virus Y ile enfekteli patates yumrularında gözlenen kabuk çatlamaları: (a–b) farklı şiddette çatlama belirtileri



Kaynak: Ali Ferhan MORCA (Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü)

PVY ırk ve varyantları arasında belirti oluşturma bakımından farklılıklar bulunmaktadır. PVY^O ve PVY^C izolatları bazı patates çeşitlerinde hipersensitif reaksiyonlarla ayrılabilirken, PVY^N grubu ise tütünde oluşturduğu damar nekrozu ile tanımlanmaktadır (Kerlan & Moury, 2008; Torrance & Taliansky, 2020).

Tütün (*Nicotiana tabacum*), PVY biyolojisi ve ırk ayrımlarının belirlenmesinde uzun yıllardır kullanılan önemli bir gösterge bitkidir. Özellikle PVY^N grubuna ait izolatlar tütünde damar açılması (vein clearing), damar nekrozu ve bazı çeşitlerde sistemik nekroz belirtileri oluşturabilmektedir. Bu özellik, PVY^N biyolojik ırk grubunun tarihsel olarak ayırt edilmesinde temel ayırt edici kriterlerden biri olmuştur (Kerlan & Moury, 2008; Quenouille vd., 2013).

Domates (*Solanum lycopersicum*), PVY'nin ekonomik açıdan önemli kültür konukçuları arasında yer almaktadır (Quenouille vd., 2013; Torrance & Taliansky, 2020). Domates

bitkilerinde PVY enfeksiyonları çoğunlukla mozaik, yapraklarda açık ve koyu yeşil renk değişimleri, deformasyonlar, kloroz ve gelişme geriliği ile karakterizedir. Bazı izolatlar yapraklarda daha şiddetli deformasyonlara neden olabilirken, belirti tipi ve şiddeti virüs varyantına ve domates genotipine bağlı olarak önemli ölçüde değişebilmektedir (Liang vd., 2016; Prigigallo vd., 2019).

Biber (*Capsicum* spp.), PVY'nin ekonomik açıdan en önemli konukçularından biridir. Enfekteli bitkilerde mozaik, damar bantlaşması, yaprak deformasyonu, bodurluk, beneklenme ve nekrotik reaksiyonlar görülebilmektedir. Belirtilerin şiddeti, virüsün patotipi ile konukçuda bulunan dayanıklılık genlerinin etkileşimine bağlı olarak değişiklik gösterebilmektedir (Moury & Verdin, 2012).

PVY enfeksiyonlarında görülen belirtiler, virüs varyantına ve konukçu bitkiye bağlı olarak önemli farklılıklar gösterebilmektedir. Aynı PVY varyantı farklı bitki türlerinde farklı belirtiler oluşturabildiği gibi, aynı konukçu türünde de çeşitlere bağlı olarak hafif mozaikten şiddetli nekroza kadar uzanan geniş bir belirti çeşitliliği görülebilmektedir (Baebler vd., 2020; Karasev & Gray, 2013).

Teşhis

Potato virus Y (PVY)'nin doğru teşhisi; hastalığın yönetimi, sertifikalı tohumluk üretimi, epidemiyolojik çalışmalar ve uluslararası bitki sağlığı uygulamaları açısından büyük önem taşımaktadır. PVY enfeksiyonları bazı konukçularda belirgin belirtiler oluşturmasına karşın, birçok çeşitte latent enfeksiyonlar görülebilmekte veya belirtiler çevresel koşullar ile diğer viral enfeksiyonlardan etkilenebilmektedir. Bu nedenle günümüzde PVY teşhisinde yalnızca görsel değerlendirmeye dayalı yaklaşımlar yeterli kabul edilmemekte; serolojik, moleküler ve genomik yöntemlerden yararlanılmaktadır (Karasev & Gray, 2013; Quenouille vd., 2013).

Görsel teşhis ve biyolojik indeksleme

PVY enfeksiyonlarının ilk değerlendirilmesi çoğunlukla bitkilerde oluşan belirtilerin gözlenmesi ile yapılmaktadır. Patates bitkilerinde mozaik, kloroz, yaprak deformasyonları, damar nekrozu, bodurluk ve yumrularda nekrotik halka belirtileri görülebilmektedir. Ancak bu belirtiler konukçu çeşidi, virüs varyantı, çevresel koşullar ve karışık enfeksiyonlara bağlı olarak önemli farklılıklar gösterebildiğinden yalnızca görsel inceleme kesin teşhis için yeterli değildir (Gray vd., 2010; Karasev & Gray, 2013).

Laboratuvar teşhis yöntemlerinin gelişmesinden önce biyolojik indeksleme, PVY'nin tanılanmasında yaygın olarak kullanılan yöntemlerden biriydi. Bu yöntemde şüpheli bitkilerden elde edilen özsu, belirti reaksiyonları iyi bilinen indikatör bitkilere mekanik olarak inokule edilmekte ve oluşan lokal veya sistemik belirtiler değerlendirilmektedir. PVY biyolojik ırk gruplarının ayırt edilmesinde özellikle *Nicotiana tabacum*'da oluşan damar nekrozu ile diferansiyel patates genotiplerinde meydana gelen reaksiyonlardan yararlanılmıştır. *Nicotiana tabacum, N. glutinosa, Chenopodium amaranticolor* ve *C. quinoa* gibi indikatör bitkiler uzun yıllar PVY biyotiplerinin ayırt edilmesinde kullanılmıştır. Günümüzde biyolojik indeksleme daha çok araştırma amaçlı kullanılmakta olup rutin teşhiste yerini serolojik ve moleküler yöntemlere bırakmıştır (Gray vd., 2010; Kerlan & Moury, 2008; Quenouille vd., 2013).

Serolojik yöntemler

PVY'nin laboratuvar teşhisinde uzun yıllardır kullanılan en önemli yöntemlerden biri DAS-ELISA'dır (Double-Antibody Sandwich-Enzyme Linked Immunosorbent Assay). DAS-ELISA; düşük maliyeti, aynı anda çok sayıda örneğin analiz edilebilmesi, uygulama kolaylığı ve yüksek tekrarlanabilirliği nedeniyle özellikle sürvey çalışmalarında ve sertifikalı tohumluk patates

programlarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bunun yanında TAS-ELISA (Triple-Antibody Sandwich ELISA) ve lateral akış immünostripler gibi diğer immünolojik yöntemler de hızlı tarama amacıyla kullanılabilmektedir (Beissinger & Inglis, 2018; Fox vd., 2005; Frost vd., 2013).

Serolojik yöntemler, özellikle yüksek virüs konsantrasyonuna sahip örneklerde güvenilir sonuçlar vermektedir. Ancak dormant yumrular gibi virüs konsantrasyonunun düşük veya yumru dokularındaki dağılımının düzensiz olabildiği materyallerde duyarlılık azalabilmekte ve bu durum moleküler yöntemlerin tercih edilmesine neden olmaktadır (Fox vd., 2005; Schumpp vd., 2021). Dormant yumruların hasattan hemen sonra ELISA ile doğrudan testinde duyarlılık yetersiz kalabildiği; RT-qPCR'nin ise sertifikasyon kapsamında yüksek sayıda dormant yumrunun analizinde uygulanabildiği gösterilmiştir.

Moleküler yöntemler

Moleküler tanı yöntemleri, yüksek duyarlılık ve özgüllükleri nedeniyle günümüzde PVY teşhisinde standart yaklaşımlar arasında yer almaktadır. Özellikle RT-PCR (Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction), virüsün RNA genomunun doğrudan tespit edilmesine olanak sağlamaktadır. RT-PCR, PVY'nin varlığını ortaya koymanın yanı sıra, uygun ırk veya genom grubu spesifik primerler ile multipleks testlerin kullanılması durumunda farklı ırkların ve bilinen rekombinant varyantların belirlenmesinde de kullanılmaktadır (Glasa vd., 2021; Karasev & Gray, 2013; Lorenzen vd., 2006).

Euphresco kapsamında gerçekleştirilen laboratuvarlar arası karşılaştırmada, geliştirilen primerlere dayalı, değiştirilmiş ve basitleştirilmiş tek aşamalı RT-PCR protokolü, yaygın PVY ırklarının ayrımı için kolay ve ekonomik bir birincil test olarak önerilmiştir (Lorenzen vd., 2006). Bununla birlikte PVY'nin yüksek

genetik değişkenliği nedeniyle tek bir yöntemin ırkların kesin olarak tanımlanmasında yeterli olmadığı; kapsamlı tanımlama için farklı antikorların ve RT-PCR tabanlı yöntemlerin birlikte kullanılması veya tam genom dizilemeye başvurulması gerektiği belirtilmiştir (EPPO, 2019). Geliştirilen gerçek zamanlı ters transkripsiyon kantitatif PCR (RT-qPCR) yöntemleri; kapalı tüp sisteminde çalışılması, amplifikasyon sonrası işlem gereksiniminin azalması, daha düşük kontaminasyon riski, yüksek örnek işleme kapasitesi ve kantitatif analiz olanağı gibi avantajlar sağlamaktadır. RT-qPCR özellikle düşük virüs yoğunluğuna sahip yumruların analizinde, sertifikasyon laboratuvarlarında ve yüksek örnek sayısına sahip rutin testlerde önemli avantajlar sunmaktadır. Bununla birlikte yöntemin analitik duyarlılığı ve farklı PVY varyantlarını tespit etme kapasitesi kullanılan primer ve prob tasarımına bağlıdır (Fox vd., 2005; Schumpp vd., 2021). Birçok ulusal sertifikasyon programında ELISA ile birlikte doğrulama yöntemi olarak kullanılmaktadır.

Dijital PCR yöntemleri de PVY'nin tespiti ve miktarının belirlenmesinde kullanılabilmektedir. PVY için geliştirilen ters transkripsiyon damlacık dijital PCR (RT-ddPCR) yönteminin, kalibrasyon eğrisine gerek olmaksızın mutlak miktar tayinine olanak sağladığı, inhibitörlerden daha az etkilendiği ve farklı RT-qPCR testlerinin değerlendirilmesinde referans araç olarak kullanılabileceği gösterilmiştir (Mehle vd., 2018).

İzotermal amplifikasyon yöntemleri

Son yıllarda laboratuvar dışı koşullarda uygulanabilecek hızlı tanı yöntemlerine yönelik çalışmalar artmıştır. Bu kapsamda geliştirilen RT-LAMP (Reverse Transcription Loop-Mediated Isothermal Amplification) yöntemi, sabit sıcaklıkta çalışması ve yaklaşık 30–60 dakika içerisinde sonuç verebilmesi nedeniyle dikkat çekmektedir. RT-LAMP yöntemlerinin PVY'nin hızlı teşhisinde RT-PCR ile benzer duyarlılık gösterebildiği ve saha koşullarında

uygulanabilecek önemli alternatiflerden biri olduğu bildirilmektedir (Nie, 2005; Treder vd., 2018).

PVY'nin hızlı teşhisi amacıyla RT-RPA (*reverse transcription recombinase polymerase amplification*) yöntemi de geliştirilmiştir. Geliştirilen testin 25–40 °C arasındaki sabit sıcaklıklarda 20 dakikadan kısa sürede sonuç verdiği, klasik RT-PCR ile karşılaştırılabilir analitik duyarlılık gösterdiği bildirilmiştir (Wang vd., 2020).

Yeni nesil dizileme teknolojileri

Yüksek Kapasiteli Dizileme (HTS; High-Throughput Sequencing) teknolojilerindeki gelişmeler, PVY teşhisi ve genomik karakterizasyonunda önemli ilerlemeler sağlamıştır. HTS sayesinde yalnızca virüsün varlığının belirlenmesi değil, tam veya tama yakın genom dizilerinin elde edilmesi, rekombinasyon olaylarının incelenmesi, karışık enfeksiyonların ortaya konulması ve yeni varyantların belirlenmesi de mümkün olmuştur. Illumina ve Oxford Nanopore Technologies (ONT) tabanlı dizileme yaklaşımları PVY'nin moleküler epidemiyolojisi ve genom karakterizasyonuna yönelik çalışmalarda kullanılmaktadır (Della Bartola vd., 2020; Glasa vd., 2021).

HTS yöntemleri klasik teşhis tekniklerine göre daha yüksek maliyetli olmakla birlikte, tek bir analizde çok sayıda bitki virüsü ve viroidinin eş zamanlı belirlenmesine olanak sağlamaktadır. Bu nedenle özellikle referans laboratuvarları, yeni varyant araştırmaları ve karışık enfeksiyonların incelenmesinde önemli avantajlar sunmaktadır. HTS'nin bu avantajlarına karşın, genetik olarak birbirine yakın birden fazla rekombinant PVY varyantının aynı örnekte bulunması durumunda, söz konusu varyantlara ait tam genom dizilerinin ayrı ayrı oluşturulması güçleşebilmektedir (Glasa vd., 2021).

Güncel yaklaşımlar

Günümüzde PVY teşhisinde tek bir yöntemin kullanılması yerine çok aşamalı bir yaklaşım benimsenmektedir. Sürvey ve rutin tarama çalışmalarında DAS-ELISA tercih edilirken, şüpheli sonuçların doğrulanmasında bağımsız bir serolojik ya da moleküler yöntemden yararlanılabilmektedir. Bilinen rekombinant genom gruplarının ayrımında multipleks RT-PCR sistemleri; tam genom analizlerinde, karışık enfeksiyonların incelenmesinde ve yeni veya alışılmadık izolatların belirlenmesinde ise HTS teknolojileri kullanılmaktadır. RT-LAMP ve RT-RPA yöntemleri hızlı teşhis potansiyeli sunarken, dijital PCR özellikle mutlak kantifikasyon ve yöntem doğrulama çalışmaları açısından önem taşımaktadır. PVY'nin yüksek genetik değişkenliği nedeniyle, özellikle ırk veya varyant tanımlamalarında serolojik, moleküler ve gerektiğinde genomik verilerin birlikte değerlendirilmesi gerekmektedir (EPPO, 2019; Glasa vd., 2021; Mehle vd., 2018; Wang vd., 2020). Yeni teknolojilerin geliştirilmesiyle birlikte, PVY'nin hem laboratuvar hem de saha koşullarında daha hızlı, duyarlı ve güvenilir şekilde teşhis edilmesine yönelik önemli ilerlemeler kaydedilmiştir.

Epidemiyoloji

PVY epidemiyolojisinde, patatesin vejetatif olarak çoğaltılması nedeniyle enfekteli tohumluk yumrular, her üretim sezonunun başlangıcında virüsün başlıca inokulum kaynağını oluşturmaktadır. Enfekteli yumrulardan gelişen bitkiler, sezon boyunca virüsün yaprak bitleri tarafından edinilmesine olanak sağlayarak yeni enfeksiyonların başlamasında temel rol oynamaktadır. Bu nedenle başlangıç inokulumunun azaltılması, PVY epidemilerinin yönetiminde en kritik basamaklardan biri olarak kabul edilmektedir (Frost vd., 2013; Karasev & Gray, 2013).

Primer inokulum kaynaklarının yanında üretim sezonu boyunca meydana gelen sekonder yayılım, epideminin şiddetini

belirleyen temel süreçtir. Yaprak bitlerinin tarla içerisindeki hareketleri, göçmen bireylerin yoğunluğu, virüs kaynağı bulunan bitkilerin dağılımı ve enfeksiyonun sezon içerisindeki zamanı, PVY insidansını doğrudan etkileyen faktörlerdir. Özellikle erken dönemde gerçekleşen enfeksiyonlar, bitkinin tüm gelişme süresinin daha büyük bölümünde sistemik enfeksiyonun devam etmesine ve yeni oluşan yumrulara virüs taşınmasına olanak sağlayabildiğinden, verim kaybı ve yumru bulaşıklığı açısından geç dönem enfeksiyonlarına göre genellikle daha büyük önem taşımaktadır (Bhoi vd., 2022; Lacomme vd., 2017; Weber vd., 2021).

PVY epidemilerinin gelişiminde çevresel koşullar da önemli rol oynamaktadır. Sıcaklık, bağıl nem, rüzgar hareketleri ve üretim sezonunun uzunluğu; yaprak biti popülasyonlarını, vektör hareketlerini ve bitki gelişimini etkileyerek hastalığın yayılım dinamiklerini değiştirebilmektedir. Ayrıca ekim zamanı, bitki yoğunluğu, çevrede bulunan enfeksiyon kaynakları ve tarımsal uygulamalar gibi yetiştiricilik faktörleri de epideminin büyüklüğünü belirleyen önemli değişkenler arasında yer almaktadır (Bhoi vd., 2022; Lacomme vd., 2017).

Bir önceki üretim döneminden tarlada kalan yumrulardan kendiliğinden gelişen patates bitkileri ile yabancı ot konukçuları, üretim sezonları arasında virüsün varlığını sürdürebildiği önemli rezervuarlar olarak kabul edilmektedir. Bu bitkiler yeni sezonda yaprak bitleri için enfeksiyon kaynağı oluşturarak primer inokulum miktarını artırabilmektedir. Bu nedenle tarlada kendiliğinden gelişen patates bitkilerinin uzaklaştırılması ve uygun yabancı ot yönetimi yalnızca kültürel mücadele uygulamaları değil, aynı zamanda epidemiyolojik açıdan hastalık baskısını azaltan önemli uygulamalar olarak değerlendirilmektedir (Dupuis vd., 2017; Lacomme vd., 2017).

Son yıllarda rekombinant PVY varyantlarının dünya genelinde yaygınlaşması, virüs epidemiyolojisinde önemli

değişikliklere yol açmıştır. Özellikle bazı rekombinant varyantların belirli patates çeşitlerinde hafif veya latent enfeksiyonlar oluşturabilmesi, enfekteli bitkilerin tarla kontrollerinde görsel olarak belirlenmesini güçleştirmektedir. Bunun sonucunda enfekteli bitkiler üretim alanlarında fark edilmeden kalabilmekte ve yaprak bitleri aracılığıyla virüsün yayılmasına katkıda bulunabilmektedir. Bu durum, yalnızca görsel değerlendirmeye dayalı sürveylerin yeterliliğini azaltmakta ve laboratuvar temelli tanı yöntemlerinin epidemiyolojik çalışmalardaki önemini artırmıştır (Karasev & Gray, 2013).

Tohumluk patates sertifikasyon sistemleri, PVY epidemiyolojisinin yönetiminde en etkili uygulamalardan biri olarak kabul edilmektedir. Virüsten ari başlangıç materyalinin kullanılması, çoğaltım zinciri boyunca enfekteli partilerin uzaklaştırılması ve düzenli laboratuvar kontrolleri sayesinde primer inokulum kaynakları önemli ölçüde azaltılabilmektedir. Bu nedenle sertifikasyon programları yalnızca kalite kontrol sistemi olarak değil, aynı zamanda bölgesel ve ulusal düzeyde PVY epidemilerini sınırlandıran temel epidemiyolojik araçlardan biri olarak değerlendirilmektedir (Dupuis vd., 2017; Frost vd., 2013).

Kontrol ve Mücadele Yöntemleri

Potato virus Y (PVY), vejetatif olarak çoğaltılan patateste enfekteli tohumluk yumrularla üretim dönemleri boyunca taşınabilmesi ve çok sayıda yaprak biti türü tarafından kalıcı olmayan (non-persistent) şekilde yayılabilmesi nedeniyle kontrolü en güç bitki virüslerinden biri olarak kabul edilmektedir. Virüsün epidemiyolojisinde primer inokulum kaynağını enfekteli tohumluk yumrular oluştururken, sezon içerisindeki sekonder yayılım esas olarak yaprak bitleri aracılığıyla gerçekleşmektedir. Bu nedenle PVY yönetiminde tek bir mücadele yönteminin yeterli olmadığı; hastalığın başarılı şekilde kontrol edilebilmesi için temiz başlangıç

materyalinin kullanılması, sertifikasyon programları, kültürel önlemler, vektör yönetimi ve dayanıklı çeşitlerin birlikte uygulandığı entegre mücadele programlarının benimsenmesi gerektiği bildirilmektedir (Dupuis vd., 2017; Frost vd., 2013).

Sağlıklı tohumluk kullanımı ve sertifikasyon

PVY ile mücadelede en etkili ve sürdürülebilir yaklaşım, üretime virüsten ari veya çok düşük enfeksiyon oranına sahip sertifikalı tohumluk yumrularla başlanmasıdır. Patatesin vejetatif olarak çoğaltılması nedeniyle enfekteli yumrular yalnızca mevcut üretim sezonunu değil, sonraki çoğaltma kademelerini de etkileyen sürekli bir primer inokulum kaynağı oluşturmaktadır. Enfekteli ana yumrulardan gelişen bitkiler, sezon boyunca yaprak bitlerinin virüsü edinerek sağlıklı bitkilere taşımasına olanak sağlamakta ve böylece sekonder enfeksiyonların başlangıç noktasını oluşturmaktadır. Bu nedenle başlangıç inokulumunun azaltılması, PVY yönetiminin temel basamağı olarak kabul edilmektedir (Dupuis vd., 2017).

Tohumluk sertifikasyon sistemleri, yalnızca bitki sağlığı standartlarını karşılayan başlangıç materyalinin kullanılmasını sağlamayı değil, aynı zamanda çoğaltım zinciri boyunca materyalin bitki sağlığı açısından uygunluğunun korunmasını amaçlamaktadır. Günümüzde birçok ülkede sertifikasyon programları; doku kültürü ile elde edilen başlangıç materyalinin üretimi, tarla kontrolleri, görsel muayeneler ve laboratuvar testlerinin birlikte uygulanmasına dayanmaktadır. İlk dönemlerde yalnızca klonal seleksiyon ve görsel değerlendirmeler kullanılırken, daha sonra mikroçoğaltım (micropropagation) tekniklerinin geliştirilmesiyle "nuclear stock" (çekirdek stok) olarak adlandırılan bitki sağlığı standartlarını karşılayan başlangıç materyali üretilmeye başlanmıştır. Bu sistem, günümüzde tohumluk patates sertifikasyon programlarının temelini oluşturmaktadır (Dupuis vd., 2017; EPPO, 2023; Frost vd., 2013).

Sertifikasyon programlarında hastalık toleransları çoğaltma kademelerine göre belirlenmekte, ilk kademelerde oldukça düşük toleranslar uygulanırken sonraki çoğaltma basamaklarında sınırlı düzeyde enfeksiyona izin verilebilmektedir. Tarla kontrolleri sırasında belirtili bitkiler uzaklaştırılmakta, gerektiğinde laboratuvar analizleri ile doğrulama yapılmaktadır. Böylece yalnızca yüksek bitki sağlığı standartlarını karşılayan partilerin sertifikalandırılması sağlanmaktadır (Frost vd., 2013; Dupuis vd., 2017).

Son yıllarda PVY popülasyonlarında rekombinant varyantların yaygınlaşması, sertifikasyon sistemlerinde yalnızca görsel belirtilere dayalı değerlendirmenin yeterliliğini azaltmıştır. Özellikle PVY^{NTN} ve PVY^{N}-Wi gibi rekombinant varyantların oluşturduğu belirtiler patates çeşidine bağlı olarak değişebilmekte; bazı enfeksiyonlar hafif veya fark edilmesi güç belirtilerle seyredebildiğinden enfekteli bitkilerin tarla kontrollerinde belirlenmesi güçleşebilmektedir. Bu nedenle ELISA'nın yanı sıra RT-qPCR gibi moleküler yöntemler de bazı sertifikasyon programlarına dahil edilmiştir. Hollanda ve İskoçya'da 2013 yılından, İsviçre ve Fransa'da ise 2015 yılından itibaren RT-qPCR tabanlı testlerin sertifikasyon programlarında kullanılmaya başlanması bu değişimin önemli örneklerindendir (Karasev & Gray, 2013; Schumpp vd., 2021; Dupuis vd., 2017).

Sertifikalı ve bitki sağlığı standartlarını karşılayan tohumluk kullanımının ekonomik önemi de birçok çalışmada ortaya konmuştur. Buna karşılık çiftçi tarafından saklanan ve bitki sağlığı yönünden test edilmemiş tohumlukların sürekli kullanılması, viral etmenlerin çoğaltım kademeleri boyunca birikmesine ve üretim performansının düşmesine neden olabilmektedir. Özellikle bazı gelişmekte olan ülkelerde yerel tohumluk sistemlerinin yaygın olduğu, üreticilerin uzmanlaşmış tohumluk üreticilerinden materyal temininin sınırlı kalabildiği ve tohumluk fiyatlarının materyalin yenilenmesini etkileyen önemli unsurlardan biri olduğu

bildirilmektedir. Bu nedenle yüksek kaliteli tohumluk kullanımının ekonomik yararı, materyalin sağlık durumunun yanı sıra fiyatına ve üreticiler tarafından erişilebilirliğine de bağlıdır (Frost vd., 2013; Gildemacher vd., 2009).

Kültürel mücadele uygulamaları

PVY yönetiminde kültürel mücadele uygulamalarının temel amacı, primer inokulum kaynaklarını azaltmak ve üretim sezonu boyunca meydana gelebilecek sekonder enfeksiyonları en düşük düzeyde tutmaktır. Bu kapsamda enfekteli bitkilerin uzaklaştırılması, bir önceki üretim döneminden tarlada kalan yumrulardan kendiliğinden gelişen patates bitkilerinin ve PVY'ye konukçuluk edebilen yabancı otların kontrolü, uygun izolasyon mesafelerinin korunması ve hasat öncesi üst aksam imhası gibi uygulamalar birlikte değerlendirilmektedir. Bu yöntemler tek başına tam koruma sağlamamakla birlikte, sertifikalı tohumluk kullanımı ve diğer mücadele yöntemleri ile birlikte uygulandığında PVY insidansını önemli ölçüde azaltmaktadır (Dupuis vd., 2017; Frost vd., 2013).

Enfekteli bitkilerin üretim sezonunun erken dönemlerinde tarladan sökülerek uzaklaştırılması (roguing), PVY'nin sekonder yayılımını sınırlandırmada yaygın olarak kullanılan kültürel uygulamalardan biridir. Bu yöntemin başarısı, enfekteli bitkilerin yaprak biti uçuşlarının yoğunlaşmasından önce belirlenmesine ve uzaklaştırılmasına bağlıdır. Erken dönemde gerçekleştirilen söküm uygulamaları, enfeksiyon kaynağını azaltarak yaprak bitlerinin virüsü edinme olasılığını düşürmektedir. Bununla birlikte rekombinant PVY varyantlarının bazı patates çeşitlerinde hafif veya latent enfeksiyonlar oluşturabilmesi nedeniyle yalnızca görsel belirtilere dayalı söküm uygulamalarının her zaman yeterli olmadığı, gerektiğinde laboratuvar testleri ile desteklenmesi gerektiği bildirilmektedir (Dupuis vd., 2017; Karasev & Gray, 2013).

Hasat sonrasında tarlada kalan yumrulardan kendiliğinden gelişen patates bitkileri ile PVY'ye konukçuluk edebilen yabancı otlar, üretim sezonları arasında virüsün varlığını sürdürebildiği önemli rezervuarlar arasında yer almaktadır. Bu bitkiler, yeni sezonda yaprak bitlerinin virüsü edinmesine olanak sağlayarak primer inokulum miktarını artırabilmektedir. Bu nedenle üretim alanlarında kendiliğinden gelişen patates bitkilerinin düzenli olarak uzaklaştırılması ve yabancı ot mücadelesinin etkin şekilde yürütülmesi önerilmektedir (Dupuis vd., 2017; Lacomme vd., 2017).

Tohumluk üretim alanlarının diğer patates üretim alanlarından uygun mesafelerde kurulması da PVY yönetiminde önerilen uygulamalardan biridir. İzolasyon mesafeleri, özellikle yaprak biti uçuşlarının yoğun olduğu bölgelerde enfekteli tarlalardan gelebilecek inokulum baskısını azaltabilmektedir. Bununla birlikte yalnızca mesafe bırakılmasının yeterli olmadığı; bölgesel yaprak biti popülasyonları, rüzgâr yönü ve çevrede bulunan enfeksiyon kaynaklarının da dikkate alınması gerektiği belirtilmektedir (Dupuis vd., 2017).

Hasattan belirli bir süre önce bitkinin üst aksamının uzaklaştırılması (haulm destruction), özellikle tohumluk patates üretiminde yaygın olarak kullanılan kültürel uygulamalardan biridir. Üst aksamın uygun yöntemlerle erken dönemde uzaklaştırılması, geç sezon enfeksiyonlarında virüsün oluşan yumrulara taşınma riskini azaltarak hasat edilen tohumluk materyalin bitki sağlığı durumunun korunmasına katkı sağlamaktadır. Bu uygulamanın etkinliği, üst aksam imhasının zamanlamasına ve üretim sezonundaki yaprak biti aktivitesine bağlı olarak değişebilmektedir (Dupuis vd., 2017; EPPO, 2023).

Yaprak biti yönetimi

PVY'nin kalıcı olmayan (non-persistent) taşınma özelliği nedeniyle yaprak biti yönetimi, kalıcı (persistent) şekilde taşınan

bitki virüslerinden farklı stratejiler gerektirmektedir. Yaprak bitleri virüsü enfekteli bitkiler üzerinde gerçekleştirdikleri çok kısa süreli yoklamalar sırasında edinebilmekte ve kısa süre içerisinde sağlıklı bitkilere aktarabilmektedir. Bu nedenle insektisit uygulamaları çoğu zaman yaprak bitleri ölmeden veya bitkiden uzaklaşmadan önce gerçekleşen ilk virüs aktarımını engelleyememektedir. Sonuç olarak yalnızca kimyasal mücadeleye dayalı programlar PVY yönetiminde yeterli başarı sağlayamamaktadır. Bu nedenle önerilen yaklaşım, yaprak biti popülasyonlarının izlenmesi ve diğer mücadele yöntemleri ile birlikte uygulanacak entegre vektör yönetimidir (Dupuis vd., 2017; Fereres & Moreno, 2009). Özellikle tohumluk üretiminde, yaprak biti yönetiminin; korunan çoğaltım aşamalarında böcek geçirmez ağların kullanılması ve yaprak biti aktivitesi dikkate alınarak enfekteli bitkilerin uzaklaştırılması ile üst aksam imhasının uygun zamanda gerçekleştirilmesi gibi önlemlerle desteklenmesi önerilmektedir (EPPO, 2023).

Mineral yağ uygulamaları ve diğer destekleyici yöntemler

Mineral yağ uygulamaları, PVY yönetiminde yaprak bitiyle taşınmayı sınırlandıran önemli uygulamalardan biri olarak kabul edilmektedir. Yaprak yüzeyine uygulanan mineral yağlar, virüsün yaprak biti tarafından edinilmesini ve sağlıklı bitkilere aktarılmasını azaltabilmektedir. Koruyucu etkinliğin sürdürülebilmesi için uygulamaların yetişme dönemi boyunca uygun aralıklarla tekrarlanması gerekebilmektedir. Saha çalışmalarında mineral yağ uygulamalarının PVY yayılımını azaltabildiği; ancak etkinliğin yağ konsantrasyonu, uygulama miktarı ve tarla koşullarına göre değişebildiği gösterilmiştir (Boiteau & Singh, 1982; Dupuis vd., 2017).

Mineral yağlara ek olarak saman malç (straw mulch) ve sınır bitkileri (border crops) gibi fiziksel ve kültürel uygulamalar da PVY yayılımının sınırlandırılmasında kullanılabilmektedir. Saman malç

uygulamalarının yapraklardaki yaprak biti yoğunluğunu ve hasat edilen yumrulardaki PVY insidansını azaltabildiği bildirilmiştir (Saucke & Döring, 2004). Sınır bitkilerinin ise yalnızca fiziksel bir engel oluşturmadığı, PVY açısından bir virüs tutucu işlevi görebildiği gösterilmiştir. Üç yıllık tarla denemelerinde sınır bitkileri ile mineral yağ uygulamalarının birlikte kullanılması, bu yöntemlerin ayrı ayrı uygulanmasına göre PVY insidansında daha yüksek ve daha istikrarlı bir azalma sağlamıştır (Boiteau vd., 2009). Bununla birlikte bu uygulamalar tek başına yeterli olmayıp entegre mücadele programlarının destekleyici bileşenleri olarak değerlendirilmelidir.

Entegre mücadele

PVY'nin başarılı şekilde yönetilebilmesi için hiçbir mücadele yönteminin tek başına yeterli olmadığı ve farklı uygulamaların üretim koşulları dikkate alınarak birlikte yürütülmesi gerektiği bildirilmektedir. Günümüzde önerilen yaklaşım; virüsten ari veya sertifikasyon toleranslarını karşılayan tohumluk kullanımı, PVY'ye dayanıklı çeşitlerin tercih edilmesi, enfekteli bitkilerin erken dönemde uzaklaştırılması, tarlada kalan yumrulardan kendiliğinden gelişen patates bitkileri ile PVY'ye konukçuluk edebilen yabancı otların kontrolü, uygun üst aksam imhası, yaprak biti uçuşlarının ve vektör aktivitesinin izlenmesi ve mineral yağ, saman malç ve sınır bitkileri gibi destekleyici uygulamalardan koşullara göre yararlanılmasına dayanmaktadır. Bu uygulamalar birlikte değerlendirildiğinde hem primer inokulum kaynakları azaltılabilmekte hem de üretim sezonu içerisindeki sekonder yayılım sınırlandırılabilmektedir (Dupuis vd., 2017; Frost vd., 2013).

Kaynakça

Arlı-Sökmen, M., Ayan, A., & Şevik, M. A. (2005). Trabzon ve Bayburt illerinde tohumluk patates (Solanum tuberosum L.) yumrularında belirlenen virüsler. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi, 20*(3), 23-26. doi:10.7161/anajas.2005.20.3.23-26

Aydınlık, S., Ekemen, M., & Ulubaş Serçe, Ç. (2026). Tohumluk Patates Yumru Kesitlerinde Patates Y Virüsü Dağılımının Belirlenmesi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 23*(3), 771-778. doi:10.33462/jotaf.1581444

Baebler, Š., Coll, A., & Gruden, K. (2020). Plant Molecular Responses to Potato Virus Y: A Continuum of Outcomes from Sensitivity and Tolerance to Resistance. *Viruses, 12*(2), 217. doi:10.3390/v12020217

Beissinger, A., & Inglis, D. A. (2018). Greenhouse Comparison of Two Detection Methods for Potato virus YN-Wi at Four Potato Growth Stages. *Plant Health Progress, 19*(1), 71-75. doi:10.1094/PHP-11-17-0072-RS

Bhoi, T. K., Samal, I., Majhi, P. K., Komal, J., Mahanta, D. K., Pradhan, A. K., . . . Ashwini, M. (2022). Insight into aphid mediated Potato Virus Y transmission: A molecular to bioinformatics prospective. *Front. Microbiol., 13*, 1-19. doi:10.3389/fmicb.2022.1001454

Boiteau, G., & Singh, R. P. (1982). Evaluation of mineral oil sprays for reduction of virus Y spread in potatoes. *American Potato Journal, 59*, 253-262. doi:10.1007/BF02856561

Bostan, H., & Demirci, E. (2001). Patates X ve Y virüslerinin bazı patates çeşitlerinde neden olduğu simptomlar. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 32*(1), 1-4.

Bostan, H., & Dumlupinar, R. (2006). Determination of the Incidence Rate of Geographical Sub-groups of PVYN/NTN in Seed Potato Tubers in Turkey. *Pakistan Journal of Biological Sciences, 9*(12), 2362-2365. doi:10.3923/pjbs.2006.2362.2365

Bostan, H., & Haliloğlu, K. (2004). Distribution of PLRV, PVS, PVX and PVY (PVYN, PVYO and PVYC) in the Seed Potato Tubers in Turkey. *Pakistan Journal of Biological Sciences, 7*(7), 1140-1143. doi:10.3923/pjbs.2004.1140.1143

Bostan, H., & Peker, P. K. (2009). The feasibility of tetraplex RT-PCR in the determination of PVS, PLRV, PVX and PVY from dormant potato tubers. *African Journal of Biotechnology, 8*(17), 4043-4047. doi:10.5897/AJB09.849

Buzkan, N., Arpacı, B. B., Görsoy, G., Zencirkıran, M., & Moury, B. (2015). Genetic variability of Potato virus Y (PVY) and Tobacco etch virus (TEV) from naturally infected pepper fields in the Hatay region of Turkey. *Archives of Phytopathology and Plant Protection, 48*(7), 588-600. doi:10.1080/03235408.2015.1091133

CABI Compendium. (2024). *Potato virus Y (potato mottle).* doi:10.1079/cabicompendium.43762

Chikh-Ali, M., Gray, S. M., & Karasev, A. V. (2013). An Improved Multiplex IC-RT-PCR Assay Distinguishes Nine Strains of Potato virus Y. *Plant Disease, 97*(10), 1370–1374. doi:10.1094/PDIS-02-13-0161-SR

Chung, B. Y.-W., Miller, W. A., Atkins, J. F., & Firth, A. E. (2008). An overlapping essential gene in the Potyviridae. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 105*(5), 5897-5902. doi:10.1073/pnas.0800468105

Çıtır, A. (1982). Erzurum ve çevresinde tohumluk patateslerdeki virüs hastalıkları ve bunların tanılanması üzerinde bazı araştırmalar. *Doğa Bilim Dergisi, 6*(3), 99-109.

da Silva, W., Kutnjak, D., Xu, Y., Xu, Y., Giovannoni, J., Elena, S. F., & Gray, S. M. (2020). Transmission modes affect the population structure of potato virus Y in potato. *PLOS Pathogens, 16*(6). doi:10.1371/journal.ppat.1008608

Deligöz, İ., & Arlı-Sokmen, M. (2022). Bazı Biber Çeşit ve Islah Hatlarının Potato virus Y (PVY)'nin 0 ve 1 Patotiplerine Reaksiyonlarının ve PVY'ye Resesif Dayanıklılıkta Rol Oynayan Genlerinin Araştırılması. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences, 9*(3), 608-617. doi:10.30910/turkjans.981393

Deligöz, İ., & Arlı-Sökmen, M. (2020). Samsun ilinde biber alanlarında enfeksiyon oluşturan Potato virus Y patotiplerinin belirlenmesi ve moleküler karakterizasyonu. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi, 35*(3), 483-495. doi:10.7161/omuanajas.697731

Della Bartola, M., Byrne, S., & Mullins, E. (2020). Characterization of Potato Virus Y Isolates and Assessment of Nanopore Sequencing to Detect and Genotype Potato Viruses. *Viruses, 12*(4). doi:10.3390/v12040478

Dupuis, B., Bragard, C., Carnegie, S., Kerr, J., Glais, L., Singh, M., . . . Lacomme, C. (2017). Potato virus Y: Control, Management and Seed Certification Programmes. In C. Lacomme, L. Glais, D. U. Bellstedt, B. Dupuis, A. V. Karasev, & E. Jacquot, *Potato virus Y: Biodiversity, Pathogenicity, Epidemiology and Management* (pp. 177-206). Springer. doi:10.1007/978-3-319-58860-5_7

Dupuis, B., Nkuriyingoma, P., & Ballmer, T. (2024). Economic Impact of Potato Virus Y (PVY) in Europe. *Potato Research, 67*, 55-72. doi:10.1007/s11540-023-09623-x

Engür, A. M., & Topkaya, Ş. (2023). Prevalence and molecular characterization of important potato viruses in the Tokat province of Turkey. *Molecular Biology Reports, 50*(3), 2171-2181. doi:10.1007/s11033-022-08134-1

Engür, A. M., & Topkaya, Ş. (2024). Tokat İli Patates Üretim Alanlarında Patates Yumrularında Enfeksiyon Oluşturan Virüslerin Moleküler Olarak Tespiti. *KSÜ Tarım ve Doğa Dergisi, 27*(5), 1061-1068. doi:10.18016/ksutarimdoga.vi.1435134

EPPO. (2019). *Recommendations to policy makers from Euphresco projects*. Retrieved from EPPO Global Database: https://gd.eppo.int/reporting/article-6524

EPPO. (2023). PM 4/28 (2) Certification scheme for seed potatoes. *EPPO Bulletin, 53*(3), 460-475. doi:10.1111/epp.12950

EPPO. (2026). *Potato virus Y (PVY000)*. EPPO Global Database: https://gd.eppo.int/taxon/PVY000 adresinden alındı

Fereres, A., & Moreno, A. (2009). Behavioural aspects influencing plant virus transmission by homopteran insects. *Virus Research, 141*(2), 158-168. doi:10.1016/j.virusres.2008.10.020

Fereres, A., & Raccah, B. (2015). Plant Virus Transmission by Insects. In *eLS (Encyclopedia of Life Sciences).* John Wiley & Sons, Ltd. doi:10.1002/9780470015902.a0000760.pub3

Fox, A., Collins, L. E., Macarthur, R., Blackburn, L. F., & Northing, P. (2017). New aphid vectors and efficiency of transmission of Potato virus A and strains of Potato virus Y in the UK. *Plant Pathology, 66*(2), 325-335. doi:10.1111/ppa.12561

Fox, A., Evans, F., & Browning, I. (2005). Direct tuber testing for Potato Y potyvirus by real-time RT-PCR and ELISA: reliable options for post-harvest testing? *EPPO Bulletin, 35*(1), 93-97. doi:10.1111/j.1365-2338.2005.00805.x

Frost, K. E., Groves, R. L., & Charkowski, A. O. (2013). Integrated control of potato pathogens through seed potato certification and provision of clean seed potatoes. *Plant disease*, *97*(10), 1268-1280.

Fuentes, S., Jones, R. A., Matsuoka, H., Ohshima, K., Kreuze, J., & Gibbs, A. J. (2019). Potato virus Y; the Andean connection. *Virus Evolution, 5*(2). doi:10.1093/ve/vez037

Galvino-Costa, S. B., dos Reis Figueira, A., Camargos, V. V., Geraldino, P. S., Hu, X.-J., Nikolaeva, O. V., . . . Karasev, A. V. (2012). A novel type of Potato virus Y recombinant genome, determined for the genetic strain PVYE. *Plant Pathology, 61*(2), 388-398. doi:10.1111/j.1365-3059.2011.02495.x

Gildemacher, P. R., Demo, P., Barker, I., Kaguongo, W., Woldegiorgis, G., Wagoire, W. W., . . . Struik, P. C. (2009). A Description of Seed Potato Systems in Kenya, Uganda and Ethiopia. *American Journal of Potato Research, 86*(5), 373-382. doi:10.1007/s12230-009-9092-0

Glasa, M., Hancinský, R., Šoltys, K., Predajňa, L., Tomášechová, J., Hauptvogel, P., . . . Candresse, T. (2021). Molecular Characterization of Potato Virus Y (PVY) Using High-Throughput Sequencing: Constraints on Full Genome Reconstructions Imposed by Mixed Infection Involving Recombinant PVY Strains. *Plants, 10*(4), 753. doi:10.3390/plants10040753

Gray, S. M., De Boer, S. H., Lorenzen, J. H., Karasev, A. V., Whitworth, J. L., Nolte, P., . . . Xu, H. (2010). Potato virus Y: An evolving concern for potato crops in the United States and Canada. *Plant Disease, 94*(12), 1384-1397. doi:10.1094/PDIS-02-10-0124

Green, K. J., Brown, C. J., Gray, S. M., & Karasev, A. V. (2017). Phylogenetic study of recombinant strains of Potato virus Y. *Virology, 507*, 40-52. doi:10.1016/j.virol.2017.04.007

Güner, Ü., & Yorgancı, Ü. (2006). Niğde ve Nevşehir illeri patates ekiliş alanlarında saptanan viral etmenler. *Bitki Koruma Bülteni, 46*(1-4), 35-49.

Hu, X., Karasev, A. V., Brown, C. J., & Lorenzen, J. H. (2009). Sequence characteristics of potato virus Y recombinants. *Journal of General Virology, 90*(12), 3033-3041. doi:10.1099/vir.0.014142-0

ICTV. (2025). *Potyvirus yituberosi*. International Committee on Taxonomy of Viruses: https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=202504670&taxon_name=Potyvirus%20yituberosi adresinden alındı

Inoue-Nagata, A. K., Jordan, R. K., Li, F. L.-M., Mäkinen, K. O., Wylie, S. J., & Consortium., I. R. (2022). ICTV Virus Taxonomy Profile: Potyviridae 2022. *Journal of General Virology, 103*(5). doi:10.1099/jgv.0.001738

Jones, R. A., Barbetti, M. J., Fox, A., & Adams, I. P. (2021). Potato Virus Y Biological Strain Group YD: Hypersensitive Resistance Genes Elicited and Phylogenetic Placement. *Plant Disease, 105*(11), 3600–3609. doi:10.1094/PDIS-03-21-0534-RE

Karasev, A. V., & Gray, S. M. (2013). Continuous and emerging challenges of Potato virus Y in potato. *Annu Rev Phytopathol., 51*, 571-586. doi:10.1146/annurev-phyto-082712-102332

Karasev, A. V., Hu, X., Brown, C. J., Kerlan, C., Nikolaeva, O. V., Crosslin, J. M., & Gray, S. M. (2011). Genetic diversity of the ordinary strain of Potato virus Y (PVY) and origin of recombinant

PVY strains. *Phytopathology, 101*(7), 778-785. doi:10.1094/PHYTO-10-10-0284

Kehoe, M. A., & Jones, R. A. (2016). Improving Potato virus Y strain nomenclature: Lessons from comparing isolates obtained over a 73-year period. *Plant Pathology, 65*(2), 322-333. doi:10.1111/ppa.12404

Kerlan, C., & Moury, B. (2008). Potato Virus Y. In B. W. Mahy, & M. H. van Regenmortel, *Encyclopedia of Virology* (pp. 287–296). Academic Press. doi:10.1016/B978-012374410-4.00737-8

Kerlan, C., Nikolaeva, O. V., Hu, X., Meacham, T., Gray, S. M., & Karasev, A. V. (2011). Identification of the molecular make-up of the Potato virus Y strain PVY(Z): Genetic typing of PVY(Z)-NTN. *Phytopathology, 101*(9), 1052–1060. doi:10.1094/PHYTO-11-10-0317

Korkmaz, G., Usta, M., Güller, A., & Demirel, S. (2025). Comprehensive Survey of Common Potato Viruses in Eastern Anatolia Region of Turkey: New Isolates and Phylogenetic Insights. *Potato Research, 68*(3), 3063-3081. doi:10.1007/s11540-025-09860-2

Lacomme, C., Glais, L., Bellstedt, D. U., Dupuis, B., Karasev, A. V., & Jacquot, E. (2017). *Potato virus Y: Biodiversity, Pathogenicity, Epidemiology and Management.* Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-58860-5

Liang, Z., Dickison, V., Singh, M., Xiong, X., & Nie, X. (2016). Studies of tomato plants in response to infections with PVX and different PVY isolates reveal a remarkable PVX-PVYNTN synergism and diverse expression profiles of genes involved in different pathways. *European Journal of Plant Pathology, 144*(1), 55-71. doi:10.1007/s10658-015-0750-4

Lorenzen, J. H., Piche, L. M., Gudmestad, N. C., Meacham, T., & Shiel, P. J. (2006). A Multiplex PCR Assay to Characterize Potato virus Y Isolates and Identify Strain Mixtures. *Plant Disease, 90*(7), 935-940. doi:10.1094/PD-90-0935

Lorenzen, J., Nolte, P., Martin, D., Pasche, J. S., & Gudmestad, N. C. (2008). NE-11 represents a new strain variant class of Potato virus Y. *Archives of Virology, 153*(3), 517-525. doi:10.1007/s00705-007-0030-5

MacKenzie, T. D., Nie, X., Bisht, V., & Singh, M. (2019). Proliferation of Recombinant PVY Strains in Two Potato-Producing Regions of Canada, and Symptom Expression in 30 Important Potato Varieties with Different PVY Strains. *Plant Disease, 103*(9), 2221-2230. doi:10.1094/PDIS-09-18-1564-RE

Mehle, N., Dobnik, D., Ravnikar, M., & Pompe Novak, M. (2018). Validated reverse transcription droplet digital PCR serves as a higher order method for absolute quantification of Potato virus Y strains. *Analytical and Bioanalytical Chemistry, 410*(16), 3815-3825. doi:10.1007/s00216-018-1053-3

Moury, B., & Verdin, E. (2012). Viruses of Pepper Crops in the Mediterranean Basin: A Remarkable Stasis. G. Loebenstein, & H. Lecoq içinde, *Advances in Virus Research* (Cilt 84, s. 127-162). Academic Press. doi:10.1016/B978-0-12-394314-9.00004-X

Nie, X. (2005). Reverse Transcription Loop-Mediated Isothermal Amplification of DNA for Detection of Potato virus Y. *Plant Disease, 89*(6), 605-610. doi:10.1094/PD-89-0605

Olspert, A., Chung, B. Y.-W., Atkins, J. F., Carr, J. P., & Firth, A. E. (2015). Transcriptional slippage in the positive-sense RNA virus family Potyviridae. *EMBO Reports, 16*(8), 995–1004. doi:10.15252/embr.201540509

Prigigallo, M. I., Križnik, M., De Paola, D., Catalano, D., Gruden, K., Finetti-Sialer, M. M., & Cillo, F. (2019). Potato Virus Y Infection Alters Small RNA Metabolism and Immune Response in Tomato. *Viruses, 11*(12). doi:10.3390/v11121100

Quenouille, J., Vassilakos, N., & Moury, B. (2013). Potato virus Y: A major crop pathogen that has provided major insights into the evolution of viral pathogenicity. *Molecular Plant Pathology, 14*(5), 439–452. doi:10.1111/mpp.12024

Revers, F., & García, J. A. (2015). Chapter Three - Molecular Biology of Potyviruses. K. Maramorosch, & A. J. Shatkin içinde, *Advances in Virus Research* (Cilt 92, s. 101-199). Academic Press. doi:10.1016/bs.aivir.2014.11.006

Saucke, H., & Döring, T. F. (2004). Potato virus Y reduction by straw mulch in organic potatoes. *Annals of Applied Biology, 144*(3), 347-355. doi:10.1111/j.1744-7348.2004.tb00350.x

Schumpp, O., Bréchon, A., Brodard, J., Dupuis, B., Farinelli, L., Frei, P., . . . Pellet, D. (2021). Large-Scale RT-qPCR Diagnostics for Seed Potato Certification. *Potato Research, 64*(4), 553-569. doi:10.1007/s11540-021-09491-3

Smith, K. M. (1931). On the composite nature of certain potato virus diseases of the mosaic group as revealed by the use of plant indicators and selective methods of transmission. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Containing Papers of a Biological Character, 109*(762), 251-267. doi:10.1098/rspb.1931.0080

Topkaya, Ş. (2020). Determination of some viruses by serological and molecular techniques in potato production areas in Tokat Province. *Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpaşa University, 37*(1), 53-59. doi:10.13002/jafag4685

Topkaya, Ş., Santosa, A. I., & Çelik, A. (2025). Phylogenetic and Population Analyses on P1, HC-Pro, and P3 of Potato Virus Y Isolates Infecting Potato in the Central Region of Türkiye. *Potato Research, 68*(4), 4733-4747. doi:10.1007/s11540-025-09938-x

Torrance, L., & Taliansky, M. E. (2020). Potato Virus Y Emergence and Evolution from the Andes of South America to Become a Major Destructive Pathogen of Potato and Other Solanaceous Crops Worldwide. *Viruses, 12*(12), 1430. doi:10.3390/v12121430

Treder, K., Chołuj, J., Zacharzewska, B., Babujee, L., Mielczarek, M., Burzyński, A., & Rakotondrafara, A. M. (2018). Optimization of a Magnetic Capture RT-LAMP Assay for Fast and Real-Time Detection of Potato virus Y and Differentiation of N and O Serotypes. *Archives of Virology, 163*(2), 447-458. doi:10.1007/s00705-017-3635-3

Valli, A. A., Gallo, A., Rodamilans, B., López-Moya, J. J., & García, J. A. (2018). The HCPro from the Potyviridae family: an enviable multitasking Helper Component that every virus would like to have. *Molecular Plant Pathology, 19*(3), 744-763. doi:10.1111/mpp.12553

Wang, Y., Chen, R., Nie, X., Zhong, Z., Li, C., Li, K., . . . Nie, B. (2020). Rapid and sensitive detection of Potato virus Y by isothermal reverse transcription-recombinase polymerase amplification assay in potato. *Molecular and Cellular Probes, 50*. doi:10.1016/j.mcp.2019.101505

Weber, E. L., Busse, J. S., & Bethke, P. C. (2021). Current-Season Infection With Ordinary and Recombinant Strains of Potato virus Y Has Detrimental Effects on Chipping Potato Yield and Tuber Quality. *Plant Disease, 105*(2), 450-455. doi:10.1094/PDIS-06-20-1281-RE

Yağcıoğlu, E., & Çulal-Kılıç, H. (2026). Detection of Potato Y Virus in Pepper Growing Areas in Isparta Province. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 23*(2), 568-578. doi:10.33462/jotaf.1660658

Yardımcı, N., Çulal Kılıç, H., & Demir, Y. (2015). Detection of PVY, PVX, PVS, PVA, and PLRV on different potato varieties in Turkey using DAS-ELISA. *Journal of Agricultural Science and Technology, 17*(3), 757-764.

Yardımcı, N., Çulal Kılıç, H., & Özdemir, T. (2014). Detection of PVY (Potato Y Potyvirus), on potato cultivars using biological and molecular methods growing in South-West Turkey. *The Journal of Animal & Plant Sciences, 24*(5), 1525-1530.

Yılmaz, F., & Sipahioğlu, H. M. (2020). Diyarbakır ili domates üretim alanlarındaki bazı önemli virüslerin moleküler yöntemler ile teşhisi ve moleküler karakterizasyonu. *Bitki Koruma Bülteni, 60*(4), 49-58. doi:10.16955/bitkorb.682860

BÖLÜM 17

BİO-HERBİSİT OLARAK VİRÜSLER

AHMET TANSEL SERİM[1]

Giriş

Yabancı otlar doğal tarımsal üretim alanlarının temel bileşenleri arasında olup, tarımsal ekosistem servisi açısından oldukça önemli bir yere sahiptir (Esposito vd., 2023; Blaix vd., 2018). Yabancı otlar, kültür bitkileri ile kaynak rekabetine girdikleri için toprak temelli üretim modellerinde yönetilmesi en zor biyotik etmenler arasında sıralanmaktadır. Yabancı otlarla mücadele yapılmaması veya etkili yabancı ot yönetim sistemlerinin uygulanmaması, kalite ve verim kayıplarına neden olabildiği gibi mücadele programları için yapılan harcamalar da üretim maliyetini yükseltmektedir.

Yabancı otlar doğası gereği olumsuz çevre koşullarında hayatta kalma yeteneği geliştirebilen bitkiler oldukları için kültür bitkileri için olumsuz koşulların birçoğu yabancı otların gelişme ve çoğalması için daha uygun ortamlar haline gelebilmektedir (Karkanis vd., 2018; Korres vd., 2016; Shafiq vd., 2026). Bu bakımdan yabancı otların tarımsal üretim sistemlerindeki rolü ve

[1] Doçent Dr, Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Bitki Koruma Bölümü, Orcid: 0000-0002-0274-1895

önemi, çok boyutlu değerlendirme gerektiren ve farklı disiplinlerden araştırmacıların üzerinde çalışma yapmasını zorunlu kılmaktadır. Yabancı otların tarımsal ekosistemdeki varlıklarının getirisi ve neden olduğu kayıplar dikkatle değerlendirilerek mücadele edilmelidir (Gibson vd., 2017).

Yabancı otlar; doğrudan ve dolaylı kayıplara neden olmaları bakımından dikkatle değerlendirilmesi gereken bitkilerdir (Yvoz vd., 2021). Yabancı otların virüsler dahil olmak üzere hastalık etmenlerine konukçuluk yapmasından kaynaklanan zararların belirlenmesi daha karmaşık ve kapsamlı çalışmalarla mümkün olabilmektedir (Khan vd., 1991). Yabancı otlar yalnızca hastalıklar için değil, aynı zamanda hastalıkları nakledebilen böcekler için de bir rezervuar rolü oynadıkları için virüs hastalıklarının bulaşmasını artırır (Agyemang vd., 2025; Tabassum vd., 2026). Yabancı ot popülasyonlarında yeni yabancı otların çıkış yapması ve çok yıllık yabancı otların yeniden sürmesi bitki patojenleri, özellikle de virüsler için rezervuar olma özelliğini kesintisiz devam ettirmektedir (Kazinczi vd., 2001).

Kültür bitkileri içinde gerek yabancı otlar gerekse virüsler kontrol edilmesi gereken biyolojik etmenler olmaları nedeniyle, çalışmalar mücadele amacıyla birbirleriyle olan ilişkileri anlamaya odaklanmıştır. Bitki virüsleriyle mücadele etmenin temelinde onların konukçularının belirlenmesi ve o konukçularla devam eden ilişkilerinin kesilmesi önemlidir (Tatineni & Hein, 2025). Bu amaçla en yaygın kullanılan yöntem konağın kontrol edilerek virüslerin enfeksiyon şiddetinin azaltılmasıdır. Bu konuda yapılan araştırmalar yabancı ot mücadelesi için herbisit uygulaması yapmanın yabancı ot popülasyonu ile beraber bazı virüs hastalıklarının da şiddetinin azaltılmasını sağladığını göstermiştir (Ring & Hagood, 2003; Vangessel & Coble, 1993).

Yabancı otları kontrol etmek için en sık ve yaygın kullanılan yaklaşım kimyasal yabancı ot kontrolü olmasına rağmen, kültürel

önlemler, biyolojik, fiziksel ve mekanik mücadele yöntemleri de entegre yabancı ot mücadele yaklaşımı içinde kullanılması gereken araçlardır. Bu yöntemler içerisinde biyolojik mücadele, istenen sonuca en yavaş ulaşılan, ancak maliyeti en düşük ve yan etkileri en az olan kalıcı bir yabancı ot kontrol yöntemidir (Zimdahl, 2007). Yabancı otlarla biyolojik mücadelede ağırlıklı olarak funguslar, bakteriler ve böcekler kullanılmıştır.

Virüslerin yabancı otlardaki varlıkları ve tarımsal ekosistemlerde yabancı otlarla bağlantıları birçok çalışmaya konu olsa da, biyolojik mücadele ajanı olarak yabancı ot mücadelesinde kullanılmaları üzerinde çok çalışma yapılmayan bir konudur. Özellikle canlı mikroorganizma içeren bioherbisitlerin raf ömrünün kısa olması ve depolama koşullarının sınırlı olması bu biyolojik ajanların etkili kullanımının önündeki büyük engeller arasındadır (Duke vd., 2022). Diğer taraftan, virüsler normal oda sıcaklığı koşullarında bile uzun süre bozulmadan kalabildikleri için raf ömrü konusunda muadillerine göre büyük bir avantaj sağlayabilirler (Duke vd., 2022). Bu bölümde yabancı ot mücadelesinde virüslerin kullanımları, uygulama örnekleri ve bu konudaki potansiyelleri değerlendirilecektir.

Viruslerin Bioherbisit Potansiyeli

Diğer bitki patojenlerinin aksine, virüslerin birçoğunun geniş bir konukçu dizisi olması ve genetik değişkenlikleri nedeniyle uygun bir bioherbisit adayı olamayacağı değerlendirilmekteydi (Kacinzki vd., 2006). Ancak virüslerle yapılan çalışmaların artmasıyla bu görüş değişmeye başlamıştır. Özellikle dar konukçu dizisine sahip virüsler bioherbisit adayı olma bakımından ümitvar alternatiflerdir. Örneğin dar konukçu dizisine sahip olduğu bilinen *Araujia mozaik virüsünün* (ArjMV) ağaç bamyasının (*Gomphocarpus fruticosus* (L.) Aiton f.) biyolojik mücadelesinde kullanılabileceği değerlendirilmiş ve denemeye alınmıştır (Elliot vd., 2009). ArjMV'nin, uygulandığı ağaç

bamyası türlerinde yapraklarda mozaik belirtileri, deformasyon ve bitkilerde gelişme geriliğine neden olduğu ve bu sayede bitkilerin çiçeklenmesini ve dolayısıyla tohum miktarını da azalttığı gözlenmiştir. Ancak bu virüsün konukçu dizisinde yer alan yabani pamuğun olması ve bu yabancı otun Yeni Zelanda için ikonik öneme sahip kral kelebeklerinin beslenmesinde önemli yeri olması nedeniyle, doğada geniş alanlarda kullanılamayacağı değerlendirilmiştir.

Gürcistan'daki çay ekiliş alanlarında bulunan ve hasadı zorlaştıran herbisite dayanıklı *Solanum carolinense* (L.) bitkileriyle mücadele için *Tobacco mosaic virus* strain alke püskürtme ile kullanıldığında yabancı otu iyi düzeyde kontrol edebildiği görülmüştür (Izhevski vd., 1981). Hedef alınan yabancı ot ile mücadele etkinliğini artırmak için diğer yabancı otları kontrol etmek için virüs püskürtmesinden önce standart bir herbisit uygulaması yapılmasının yararlı olacağı bildirilmiştir.

Avustralya'da yapılan bir çalışmada kırkbatıran (*Echium plantagineum* L.) bitkilerinin *Tobacco mosaic virus* strain U2'ye hassasiyeti saksı ve tarla denemeleri ile belirlenmeye çalışılmıştır (Randles, 1986). Deneme sonucunda saksı denemelerinde TMV-U2'nin yabancı otun yaprak üretimini azalttığı ve yaprak yaşlanmasını hızlandırdığı, tarla denemelerinde ise tohum üretimini azalttığı bildirilmiştir.

İstilacı yabancı bitkiler, başka bir ekosistemden değişik yollarla başka bir ekosisteme dahil olan ve tolerans sınırları çok yüksek olan bitkilerdir (Önen, 2015). Bu bitkiler, dahil oldukları yeni ekosistemde doğal düşmanları olmadığı ve allelopati gibi nedenlerle doğal bitki türlerini baskılayabildikleri için çok hızlı bir şekilde o ekosistemde çoğalıp yayılarak baskın hale gelen bitkilerdir (Önen, 2015). Bu bitkilerle mücadelede biyolojik mücadele ajanlarının kullanımı en etkili mücadele yöntemidir. Himalaya kınaçiçeği (*Impatiens glandulifera* (Royle)) Doğu Asya orijinli bir

bitki olup Avrupa'da önemli bir yabancı ot haline geldikten sonra mücadelesi için başlatılan çalışmalarda *Tobacco rattle virus* benzeri belirtiler oluşturan bir virüsün biyolojik kontrol ajanı olarak kullanılabileceği fark edilmiş ve üzerinde çalışmalar yapılmıştır (Kollmann vd., 2007). Bu virüs ile enfekte Himalaya kınaçiçeği bitkilerinin taban çapının ve toprak üstü biyokütlesinin azaldığı gözlenmiştir. Konukçu dizisi çok dar olmadığı için yaygın kullanım potansiyeli düşük olan bu virüsün, hedef yabancı otu öldürmese bile toprak üstü biyokütlesini azaltacağı ve bu bitkiyi aynı ortamda yaşayan diğer bitkilerle rekabette dezavantajlı duruma gelebileceği bildirilmiştir.

Diğer bir istilacı bitki olan Japon gülü (*Rosa multiflora* (Thunb.)) için de benzer bir araştırma yürütülmüştür (Esptein ve Hill 2007). Bu yabancı otta Gül rozet hastalığına neden *olan* Rose rosette virüsünün (RRV) arazi koşullarında etkinliğini belirlemek için yapılan çalışmada, enfekte olan bitkilerin yapraklarında kızarma ile başlayan belirtiler, yapraklarda mozaik belirtilerin oluşması, dormant haldeki yan tomurcukların sürmeye başlaması ile ilerlemiş ve yaprakların küçülmesi ve rozetleşme ile son evreye geçmiştir. Etmen küçük ve genç bitkileri 1-2 yıl gibi kısa bir sürede öldürürken, tam gelişmiş büyük bitkiler 4-5 yılın sonunda ölmüştür. Bu etmenin japon gülü ile yoğun bulaşık alanlarda en etkili sonucu verdiği bildirilmiştir.

Bitki koruma ürünü olarak ruhsatlandırma sürecini tamamlayarak piyasaya sürülen ilk bioherbisit *Tobacco mild green mosaic virus* strain U2 (TMGMV-U2)'dir. Bu virüsün ABD ve Avustralya'da istilacı bitki olarak tanımlanan Güney Amerika orijinli *Solanum viarum* (Dunal)'un mücadelesinde kullanılabilirliği kanıtlanmıştır. TMGMV-U2 bulaştırıldıktan sonra bitkilerin yapraklarında lokal lezyonlar görülmeye başlanmış, sonrasında ise solma ve ölüm görülmüştür (Charudattan, 2023). Bu virüsü bioherbisit olarak öne çıkaran özellik, muhtemelen konukçusu ile

olan ilişkisine bağlı olarak görülen özel etki mekanizmasıdır (Charudatta, 2007; Şekil 1). Bitkiler virüslere karşı kendilerini korumak için aşırı duyarlılık reaksiyonları geliştirir ve bu reaksiyonların sonucunda lokal nekrotik yaprak lezyonları oluşur. Ancak TMGMV ile Japon gülü ilişkisinde virüs sistemik aşırı duyarlılık reaksiyonuna neden olur (Charudattan, 2024).



Şekil 1. TMGMV'nin japon gülüne inokulasyondan 3 hafta sonraki etkisi (Charudattan, 2005)

Konukçu tarama testlerine Solanaceae familyasından 32 farklı bitki türü dahil edilmiş ve test sonucunda bu etmen yalnızca *S. viarum*'u öldürmüştür (Charudattan, 2023). Bu virüsün uygulanması ise oldukça pratik olarak farklı şekillerde yapılabilmektedir (Charudattan, 2007; Şekil 2).



Şekil 2. TMGMV'nin japon gülüne saha koşullarında uygulanması (Charudattan, 2007)

Sonuç

Virüsler diğer bitki patojenleri ile karşılaştırıldıklarında bioherbisit olarak değerlendirilme potansiyelleri en düşük olan ancak bioherbisit olarak ruhsatlandırıldıklarında oldukça güçlü bitki koruma ürünlerine dönüşebilen etmenlerdendir. Bioherbisit olarak ruhsatlandırma süreci biraz zaman alıcı ve maliyetli olarak görünse de sentetik herbisitlerin ruhsatlandırılma süreleri ve yapılan yatırımlar dikkate alındığında, üzerinde yatırım yapılması gereken bir araştırma alanı olarak öne çıkmaktadır. Bioherbisit konusunda ruhsat düzenlemelerinin daha sade ve kısa sürede tamamlanabilecek şekilde düzenlenmesi, patojen virüslerin ithalinde yasal regülasyonların kolaylaştırılması, bu konuda çalışacak araştırıcılar için uzun süreli proje desteklerinin sağlanması ve bu ürünlerin kullanımının teşvik edilmesi çalışma alanının geliştirilmesi için önemlidir.

Bitki-virüs ilişkileri konusunda moleküler çalışmaların da etkisiyle gelinen nokta oldukça etkileyici olmasına rağmen, bitki virüslerinin gölgede kalan biyoherbisit potansiyellerinin keşfedilmesi bitki koruma alanında yeni bir dönemin kapılarını açabilir. Gen susturma teknolojilerinin etkili bir şekilde kullanılmasıyla birlikte birçok bitki patojeni virüsün gerek yabancı otlarla mücadele için gerekse istilacı yabancı bitkilerin mücadelesinde bioherbisit olarak değerlendirilebileceği aşikardır.

SolviNix LC ticari adı ile satışta olan TMGMV-U2'nin ticari başarısı bu konuda çalışacak araştırmacılara örnek olmalıdır. Bu amaçla bitki virologlarının sürveylerinin desteklenmesi, sürvey yapan ziraat mühendislerine yabancı otlar veya yabani otlar üzerinde görülebilecek bitki virüsleri hakkında eğitimler verilerek farkındalık düzeylerinin artırılması ve disiplinlerarası çalışmaların

desteklenmesi bu konuda ülkemize büyük bir fırsat penceresi açacaktır.

İnsan aktivitelerinin ve ticaretin sürekli artmasına paralel olarak insanlar ve beraberlerinde getirdikleri bitkisel emtialar çok kısa sürede geniş coğrafyalara yayılabilmektedir. Yabancı istilacı bitkilerin, ülkemiz gibi transit geçiş yolları üzerindeki ülkelere girmesi, bu ülkelerin tarımsal ekosistemlerinde hızlı yayılması ve mücadele imkânlarının sınırlı olması biyoherbisitlere olan ihtiyacı artırmaktadır. Virüs tabanlı biyoherbisitler konusunda yapılacak çalışmalar sadece yeni ürünlerin piyasaya sürülmesine katkı sağlamayacak, aynı zamanda da ülkemizin tarımsal ekosistemlerinin sürdürülebilir kullanımına da katkı sağlayacaktır.

Kaynaklar

Agyemang, E. D., Ofosu, R., Desiderio, F., Galbacs, Z. N., Takács, A. P., & Várallyay, É. (2025). The occurrence and diversity of viruses identified in monocotyledonous weeds. *Agronomy*, 15(1), 74. https://doi.org/10.3390/agronomy15010074

Blaix, C., Moonen, A.C., Dostatny, D.F., Izquierdo, J., Le Corff, J., Morrison, J., Von Redwitz, C., Schumacher, M., & Westerman, P.R. (2018). Quantification of regulating ecosystem services provided by weeds in annual cropping systems using a systematic map approach. *Weed Research*, 58, 151–164. https://doi.org/10.1111/wre.12303

Charudattan, R (2005). Use of plant pathogens as bioherbicides to manage weeds in horticultural crops. *Proc Fla State Hortic Soc*, 118, 208–214.

Charudattan, R. (2005). A plant virus as a bioherbicide for tropical soda apple, *Aolanum viarum*. *Outlooks on Pest Management*, August, 167-171. doi: 10.1564/18aug07

Charudattan, R. (2023). Use of plant viruses as bioherbicides: the first virus-based bioherbicide and future opportunities. *Pest Management Science*, 80, 103-114. https://doi.org/10.1002/ps.7760

Charudattan, R., Hiebert, E., Pettersen, M.S., & Horrell, J.R., vd. (2024). Host-virus interaction between tobacco mild green mosaic virus strain U2 and tropical soda apple resulting in systemic hypersensitive necrosis and the host range, survival, spread, and molecular characterization of the virus. *Pest Management Science*, 80(1), 176-191. https://doi.org/10.1002/ps.7802

Duke, S.O., Pan, Z., Bajsa-Hirschel, J., & Boyette, C.D. (2022). The potential future roles of natural compounds and microbial bioherbicides in weed management in crops. *Advances in*

Weed Science, 40(spe1), e020210054. https://doi.org/10.51694/AdvWeedSci/2022;40:seventy-five003

Elliott, M.S., Massey, B., Cui, X., & vd. (2009). Supplemental host range of *Araujia mosaic virus*, a potential biological control agent of moth plant in New Zealand. *Australasian Plant Pathology*, 38, 603–607. https://doi.org/10.1071/AP09046

Epstein, A.H., & Hill, J.H. (1999). Status of rose rosette disease as a biological control for multiflora rose. *Plant Disease*, 83, 92–101. https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.2.92

Esposito, M., Westbrook, A.S., Maggio, A., Cirillo, V., & DiTommaso, A. (2023). Neutral weed communities: the intersection between crop productivity, biodiversity, and weed ecosystem services. *Weed Science*, 71(4), 301-311. https://doi.org/10.1017/wsc.2023.27

Gibson, D.J., Young, B.G., & Wood, A.J. (2017). Can weeds enhance profitability? Integrating ecological concepts to address crop-weed competition and yield quality. *Journal of Ecology*, 105, 900-904. https://doi.org/10.1111/1365-2745.12785

Izhevskii, S., Livshits, A., Murusidze, G., & Gogoladze, G. (1981). Prospects of using alke strain in the integrated control of *Solanum carolinense* in tea plantations (use of tobacco mosaic virus for biological control of weeds). Subtropicheskie Kul'tury 4: 60–65.

Karkanis, A., Ntatsi, G., Alemardan, A., Petropoulos, S., & Bilalis, D. (2018). Interference of weeds in vegetable crop cultivation, in the changing climate of Southern Europe with emphasis on drought and elevated temperatures: a review. *The Journal of Agricultural Science*, 156(10), 1175-1185. https://doi.org/10.1017/S0021859619000108

Kazinczi, G., József, H., & Takacs, A. (2001). Role of weeds in the epidemiology of viruses. In: 5th Slovenian Conference on

Plant Protection. Agricultural Institute of Slovenia, Ljubljana, pp. 222-226. ISBN 9619095006.

Khan, M.A., Hibino, H., Aguiero, V.M., Daquioag, R.D., & Opina, O.S. (1991). Rice and weed hosts of rice tungro-associated viruses and leafhopper vectors. *Plant Disease*, 75, 926–930.

King, S.R., & Hagood, E.S. (2003). The effect of johnsongrass (*Sorghum halepense*) control method on the incidence and severity of virus diseases in glyphosate-tolerant corn (*Zea mays*). *Weed Technology*, 17(3), 503-508. https://doi.org/10.1614/0890-037X(2003)017[0503:TEOJSH]2.0.CO;2

Kollmann, J., Bañuelos, M.J., & Nielsen, S.L. (2007). Effects of virus infection on growth of the invasive alien *Impatiens glandulifera*. *Preslia*, 79 (1), 33–44.

Korres, N.E., Norsworthy, J.K., & Tehranchian, P. vd. (2016). Cultivars to face climate change effects on crops and weeds: A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 36, 12. https://doi.org/10.1007/s13593-016-0350-5

Önen, H. (2015). Türkiye İstilacı Bitkiler Kataloğu. Ezgi Ofset. ISBN: 978-605-9175-05-0

Randles, J.W. (1986). Susceptibility of *Echium plantagineum* L. to tobacco mosaic, alfalfa mosaic, tobacco ringspot, and tobacco necrosis viruses. *Australasian Plant Pathology*, 15, 74–77. https://doi.org/10.1071/APP9860074

King, S.R., & Hagood, E.S.J. (2003). The effect of johnsongrass (*Sorghum halepense* L.) control method on the incidence and severity of virus diseases in glyphosate tolerant corn (*Zea mays* L.). Weed Technology, 17, 503-508. https://doi.org/10.1614/0890-037X(2003)017[0503:TEOJSH]2.0.CO;2

Shafiq, S., Zia Ul Haq, M., Shahbaz, M., & vd. (2026). Divergent physiological and biochemical strategies confer differential salinity and drought tolerance in five prevalent summer weeds. *Biologia Futura*. https://doi.org/10.1007/s42977-026-00318-1

Tabassum, M., Vo, T.T.B., Bupi, N., Qureshi, M.A., & vd. (2026). Eco-pathological validation of weed preferences as reservoirs for tomato yellow leaf curl virus and whitefly. *Plant Disease*, 110 (4), 1449-1460 https://doi.org/10.1094/PDIS-07-25-1463-RE

Tatineni, S., & Hein, G.L. (2023). Plant viruses of agricultural importance: Current and future perspectives of virus disease management strategies. *Phytopathology*, 113:2, 117-141 https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-22-0167-RVW

Vangessel, M.J., & Coble, H.D. (1993). Maize dwarf mosaic virus severity in corn when infected johnsongrass is controlled with a postemergence herbicide. *Weed Science*, 41(2), 262-268. https://doi.org/10.1017/S0043174500076153

Yvoz, S., Cordeau, S., Ploteau, A., & Petit, S. (2021). A framework to estimate the contribution of weeds to the delivery of ecosystem (dis)services in agricultural landscapes. *Ecological Indicators*, 132, 108321. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.108321

Zimdahl, R.L. (2007). Fundamentals of Weed Science; Elsevier: Amsterdam, The Netherlands, 2007; Chapter 11; pp. 327–357. ISBN: 978-0-12-372518-9.


BİDGE