

Ülkemiz Lettuce Mosaic Virus İzolatının Tüm Genom Analizi

Aysun Helvacı¹, Savaş Korkmaz^{1*}

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

Makale Tarihi

Gönderim: 01.07.2021

Kabul: 20.09.2021

Yayın: 10.03.2022

Araştırma Makalesi

Öz – Marul ülkemizde birçok bölgede üretimi yapılan önemli bir sebze türüdür. Marul üretiminde sorun oluşturan çok sayıda patojen bulunmakta olup bunlardan biri de Marul mozaik virüsü (Lettuce mosaic virus, LMV)'dir. Bu virüsün ülkemizde ki varlığı farklı bölge ve illerden bildirilmiştir. Hastalığın tanısı ve teşhisine yönelik birçok çalış-ma yapılmış olmasına rağmen ülkemiz LMV izolatlarının tüm genom dizilimlerinin belirlenmesine yönelik bir çalışma yoktur. Bu nedenle bu çalışma kapsamında ülkemiz orijinli bir LMV izolatının (LMV-CNK) tüm genom diziliminin ortaya çıkarılması hedeflenmiştir. Gerçekleştirilen analizler sonucunda tüm genom dizilimi ortaya çıkarılan izolatın, diğer ülkelerdeki LMV izolatları ile nükleotit seviyesinde, aminoasit seviyesinde sırasıyla %82-98 ve %92-99 oranında benzerlikler gösterdiği saptanmıştır. Yapılan filogenetik analizler sonucunda ise LMV-CNK izolatının genel olarak Fransız ve Asya orijinli izolatlar ile yakın ilişkili olduğu görülmüştür. Bildiğimiz kadarıyla çalışma kapsamında ülkemizde ilk kez bir LMV izolatının tüm genom dizilimi belirlenmiş ve biyoinformatik ana-lizleri yürütülmüştür. Bundan sonra yapılacak çalışmalarda ülkemizde daha fazla sayıda ve farklı LMV izolatları-nın tüm genom düzeyinde dizilenmesi ve analizinin yapılması düşünülmektedir. Ayrıca elde edilen izolatların popülasyon düzeyinde genetik çeşitliliğinin belirlenmesi de izolatlar arasındaki farklılıkların ortaya çıkarılması açısından önem taşımaktadır.

Anahtar Kelimeler – Benzerlik, filogenetik, marul, RT-PCR, virüs

The Complete Genome of Turkish Lettuce Mosaic Virus Isolate

Article History

Received: 01.07.2021

Accepted: 20.09.2021

Published: 10.03.2022

Research Article

Abstract – Lettuce is an important vegetable produced in many regions of Turkey. There are many pathogen causing problems in lettuce one of which is lettuce mosaic virus (LMV). This virus has been reported in several regions and provinces around the country. Although many studies have focused on the detection and diagnosis of LMV, none have established its entire genome sequence of Turkish LMV isolates. Therefore, we aimed to determine the entire ge-nome sequence of LMV (LMV-CNK) an isolate originated from Turkey. Analyses of whole genome sequence Turkish LMV isolates with world isolates showed 82% to 98% and 92% to 99% similarities at the nucleotide and amino acid levels, respectively. As results of phylogenetic analysis Turkish LMV isolate was closely related to LMV isolates with French and Asian origins. To the best of our knowledge, this is the first bioinformatics analysis of the complete genome sequence of an LMV isolate from Turkey. Whole genome sequences of greater numbers of LMV isolates from different hosts are being considered in the further studies. It is also important to determine the genetic diversity of isolates at the population level to elucidate differences between these isolates.

Keywords – Lettuce, phylogenetic, RT-PCR, similarity, virus

¹ aysunhelvacı0906@gmail.com

² skorkmaz@comu.edu.tr

*Sorumlu Yazar / Corresponding Author

1. Giriş

Dünyanın hemen hemen bütün ülkelerinde yoğun olarak üretilen sebzeler insanoğlunun temel besin kaynaklarından birini oluşturmaktadır. Sebzelerin beslenmedeki öneminin anlaşılması ile birlikte dünyada sebzelere yönelik araştırmalar hızla artmış ve sebze üretiminde de artış gözlenmiştir.

Türkiye’de önemli derecede yetiştiriciliği yapılan sebzelerden bir tanesi de maruldur. Marul yetiştiriciliğinde özellikle fungal hastalıklar ve virüs hastalıkları ekonomik olarak kayba neden olmaktadır (Dinant ve Lot, 1992). Virüslerin sebep olduğu hastalıklar, dünyada ekonomik getirisi olan ürünlerde önemli kayıplara yol açarak ürünlerin kalitesini de olumsuz yönde etkilemektedir. Virüslerin tarımsal üretimdeki zararı hakkında net bir rakam söylemek çok zor olsa da, bitki virüsleri nedeniyle verim kayıplarının dünya çapında yıllık 30 milyar dolardan daha fazla olduğu tahmin edilmektedir (Sastry ve Zitter, 2014).

Marul üretimini çok sayıda virüs hastalığı etkilemektedir, yaklaşık 15 marul hastalığına virüsler neden olmaktadır (Dinant ve Lot, 1992). Marulun en yıkıcı hastalığı ise LMV olarak kabul edilmektedir (Dinant ve Lot, 1992).

LMV potyviriidae familyasında olup potyvirus cinsine aittir ve etmen 750x13 nm uzunluğunda partiküllere sahip olan ve esnek iplikçiklerden oluşan bir virüstür. LMV 10.080 nükleotide sahip tek sarmal +ssRNA dan oluşmaktadır (Dinant ve Lot, 1992).

LMV marul yetiştiriciliği yapılan yerlerde %50’ye varan büyük ekonomik kayıplara neden olmaktadır (Dinant ve Lot, 1992). LMV ile enfekteli bitkilerde bazı belirtiler gözlemlenmektedir. Bu oluşan belirtiler oldukça değişkendir. Enfekteli bitkilerde ilk olarak damarlarda renk açılmaları görülür ve ilerleyen zamanda bu açılmalar mozaik şekilli belirtilere dönüşür. Yapraklar kıvrıkcıklaşmaya başlar ve solar. Ayrıca bitkilerde bodurlaşma, baş bağlamama, yapraklarda nekrotik lekeler ve sararmalar görülen diğer belirtilerdir. Nekrozlar daha çok yaz aylarında görülmektedir. Marulun erken dönemde enfekte olması durumunda yaprakların tam gelişemediği ve normal bitkilere göre bodur kaldığı gözlemlenmiştir. Iceberg çeşitlerinde ise mozaik belirtiler daha dikkat çekici olup bodurlaşma ve yaprak deformasyonları görülmektedir (Pavan, Krause-Sakate, Silva, Zerbini ve Gall, 2008).

LMV diğer potyviruslerde olduğu gibi yaprak bitleri ile taşınmaktadır. Özellikle *Myzus persicae*, *Macrosiphum euphorbiae*, *Acyrtosiphon scariolae*, *Aphis gossypii* etkin olarak LMV’yi taşıyan vektörler olarak bilinmektedir. Yaprak bitleri ile virüs taşındığında yaklaşık bir hafta içinde bir tarla tamamen enfekte olabilmektedir. LMV, enfeksiyonlu genç bitkilerden elde edilen özsu ile bulaşmaktadır, ancak yaşlı yapraklardan elde edilen özsu ile bulaşma, genç yapraklara göre daha zor olduğu bilinmektedir. Ayrıca enfekteli tohumlar ve yabancı otlar da hastalık etmeninin bir diğer önemli inokulum kaynağı olup marul yetiştiriciliğinin yoğun yapıldığı alanlarda büyük sorunlara neden olmaktadır (Nebreda vd., 2004).

Geniş bir konukçu aralığına sahip olan LMV, 16 familya 60 cinse ait yaklaşık 121 türü enfekte edebilmektedir. Enfekte edilen bitki türlerinin çoğunluğunun Compositae familyasına ait olduğu bilinmektedir. Marul LMV’nin ana konukçusu olup ıspanak, aspir, bezelye, nohut da diğer konukçular arasındadır. Ayrıca LMV *Chenopodium album*, *C. murale*, *Senecio vulgaris* gibi birçok yabancı otu doğal olarak enfekte edebilmektedir (Horvath, 1980).

Ülkemizin farklı bölgelerinden de LMV enfeksiyonu ve izolatlarının kısmi moleküler karakterizasyonlarının belirlenmesine yönelik çalışmalar gerçekleştirilmiştir gerçekleştirilmiştir (Karanfil, Tuzlalı ve Korkmaz, 2015; Karanfil, Çevik ve Korkmaz, 2018). Ancak LMV izolatlarının tüm genom dizilimlerinin belirlenmesine yönelik ülkemizde gerçekleştirilmiş bir çalışma bulunmamaktadır.

Bu çalışma kapsamında daha önceden Güney Marmara Bölgesi’nden elde edilmiş olan LMV izolatlarından bir tanesi seçilmiştir. Seçilen izolatın genomu RT-PCR ile çoğaltılarak sekanslanmıştır. Elde edilen sekans verileri kullanılarak nükleotid ve aminoasit düzeyindeki biyoinformatik ilişkileri tüm genom ve sahip olduğu gen bölgeleri düzeyinde ortaya konmuştur. Ayrıca benzerlik ve filogenetik analizler sonucunda yapılan karşılaştırmalar ile ileriki aşamalarda yapılabilecek olan dayanıklılık çalışmalarına temel oluşturabilecek bilgiler elde edilmeye çalışılmıştır.

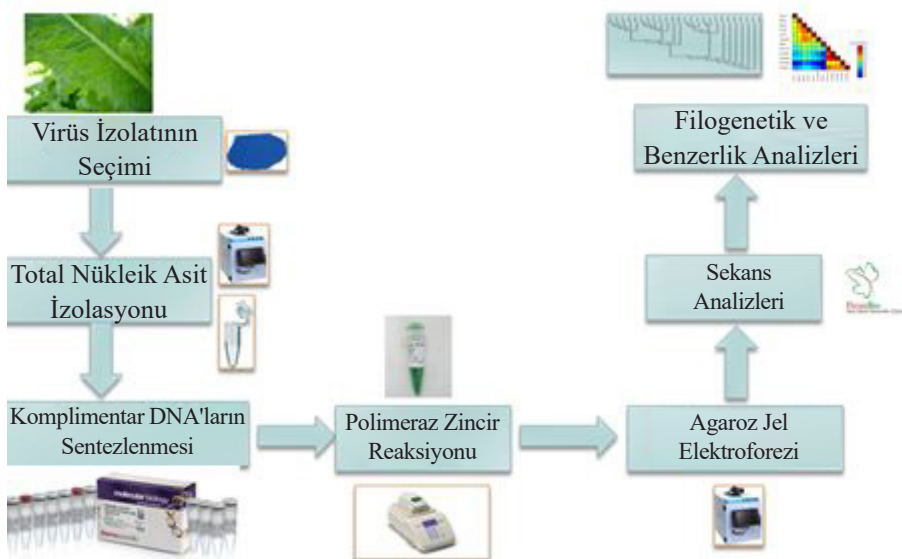
2. Materyal ve Yöntem

Tüm genom dizilimi belirlenen izolat, [Karanfil vd. \(2018\)](#)'nın Balıkesir, Çanakkale ve Bursa'nın bazı il ve ilçelerinden marul bitkilerinden topladıkları ve LMV ile enfekteli olan bitkilerden elde ettikleri izolatlar arasından tesadüfi olarak seçilmiştir. Seçilen izolattan [Karanfil \(2020\)](#)'nin belirttiği şekilde total nükleik asit izolasyonu yapılarak, [Lim vd. \(2014\)](#)'un belirttiği primer çiftleri ile LMV tüm genomu amplifiye edilmiştir ([Tablo 1](#)). cDNA sentezinde Thermo Fisher (Litvanya) firmasından sağlanan kitler, PCR aşamasında ise Takara (Japonya) firmasından sağlanan kitler kullanılmıştır. Sekanslama çalışmaları FicusBio firmasından hizmet alımı yolu ile, biyoinformatik analizler ise CLC Genomic bench, CLC Main Workbench, SDT ve MEGAX programlarından yararlanılarak gerçekleştirilmiştir ([Muhire, Varsani ve Martin, 2014](#); [Kumar, Stecher, Li, Knyaz ve Tamura., 2018](#)). Çalışma kapsamında kullanılan materyal ve metot ayrıntılı olarak [Şekil 1](#)'de verilmiştir. Çalışmada kullanılan dünya LMV izolatlarına ait veriler [Tablo 2](#)'de verilmiştir.

Tablo 1

LMV tüm genom dizileme çalışmalarında kullanılan primer çiftleri

Primer Kodu	Primer Dizilimi	Ürün Büyüklüğü (bp)
LMV 1F	AAAATAAAACAACCCAACACAACCTC	1700
LMV 1R	GTACATGCACGAAGCGTGGA	
LMV 2F	ATACTCCATACCTGCACATC	1215
LMV 2R	AGTCGTGATTGAACCATATG	
LMV 3F	CGAGATAGCAGTGAAACAGC	1260
LMV 3R	GTGCGTATGCGCTTACGTAG	
LMV 4F	GGTCGGAGTGCAAGTGCAAG	1440
LMV 4R	CCATTTTCTATGATGTTGGT	
LMV 5F	TGGAAGTAGAAACAGTAGGC	1250
LMV 5R	CTGTCTTTGCCGTTTACCTT	
LMV 6F	CATGGATGATGTTTCAGAGC	1550
LMV 6R	GCTCTTCTGGTAGGCTCCCA	
LMV 7F	CACAGTCAAGGGTAAGTGCA	1180
LMV 7R	ATCCCACTCTAGGATTGACA	
LMV 8F	TGGTTCATGTCACATTGCGG	1430
LMV 8R	GTCTCCGACTGAAAACCAGA	



Şekil 1. Materyal ve metot şeması.

Tablo 2

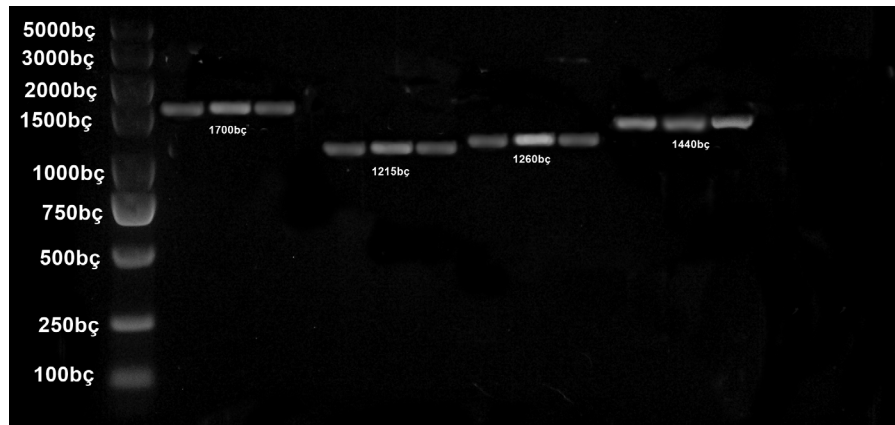
Biyoinformatik analizlerde kullanılan izolatlar

Orjin	İzolat	Konukçu	Erişim No
Fransa	Strain_O	Marul	X97704
Fransa	Strain_E	Marul	X97705
Brezilya	AF199	Marul	AJ278854
Çin	Yuhang	Marul	AJ306288
Güney Kore	Muju	Marul	KF955619
Brezilya	Br6	Marul	KJ161174
Fransa	FR25	<i>Dimorphotheca</i> sp.	KJ161186
Fransa	13	Marul	KJ161173
Şili	CL574	Acı marul	KJ161183
Şili	CL246	Acı marul	KJ161177
Fransa	9	Marul	KJ161172
Şili	CL117	<i>Dimorphotheca</i> sp.	KJ161175
Fransa	LMVCr	<i>Catharanthus roseus</i>	KF268956
İspanya	ES16	<i>Dimorphotheca</i> sp.	KJ161185
Yemen	Yar	Marul	KJ161194
Tunus	Tn51	Marul	KY440645
Tunus	KHam6	<i>Dimorphotheca</i> sp.	KJ161187
Türkiye	TUR-CNK	Marul	OK086021

3. Bulgular ve Tartışma

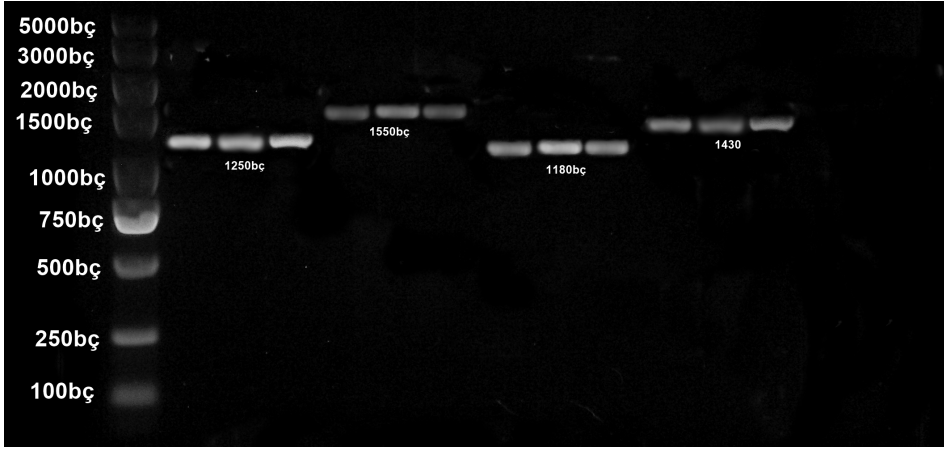
Tüm genom düzeyinde moleküler karakterizasyon çalışmaları temel alınarak gerçekleştirilen çalışmalar kapsamında bir LMV izolatının (TUR-CNK) tüm genom dizilimleri, 8 farklı birbirinden bağımsız primer çifti ile 8 parça olacak şekilde [Lim vd. \(2014\)](#)'nın belirttiği şekilde PCR ile amplifiye edilerek belirlenmiştir. Elde edilen LMV tüm genom sekans dizileri, benzerlik ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılmıştır.

TUR-CNK izolatının tüm genom sekans dizilimlerinin belirlenmesi amacı ile gerçekleştirilen çalışmalar kapsamında RT-PCR analiz sonuçlarında kullanılan primerlerin çoğalttığı bölgelere karşılık gelen amplifikonların elde edildiği tespit edilmiştir. LMV 1F ve 1R için 1700 bç uzunluğunda, LMV 2F ve 2R için 1215 bç uzunluğunda, LMV 3F ve 3R için 1260 bç uzunluğunda, LMV 4F ve 4R için 1440 bç uzunluğunda bantlar elde edilmiştir ([Şekil 2](#)).



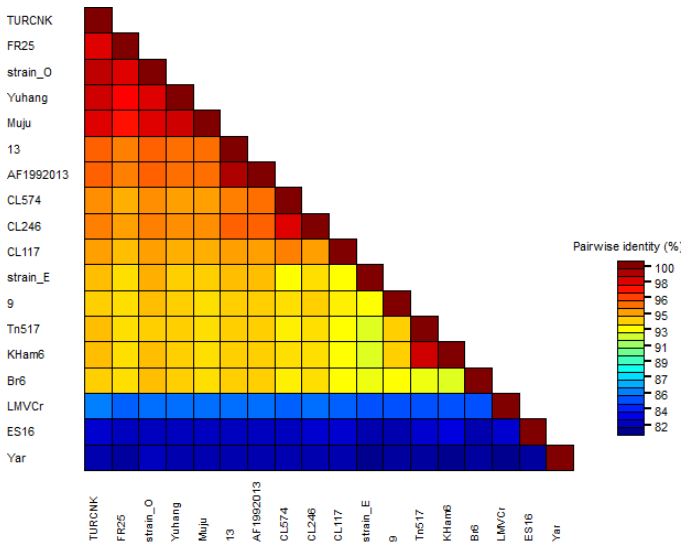
Şekil 2. RT-PCR çalışmaları kapsamında elde edilen amplifikonların agaroz jel elektroforezinde elde edilen bant görüntüsü.

LMV 5F ve 5R için 1250 bç uzunluğunda, LMV 6F ve 6R için 1550 bç uzunluğunda, LMV 7F ve 7R için 1180 bç uzunluğunda ve LMV 8F ve 8R için ise 1430 bç uzunluğunda LMV tüm genomuna ait istenilen bant büyüklükleri elde edilmiştir ([Şekil 3](#)).



Şekil 3. RT-PCR çalışmaları kapsamında elde edilen amplifikonların agaroz jel elektroforezinde elde edilen bant görüntüsü.

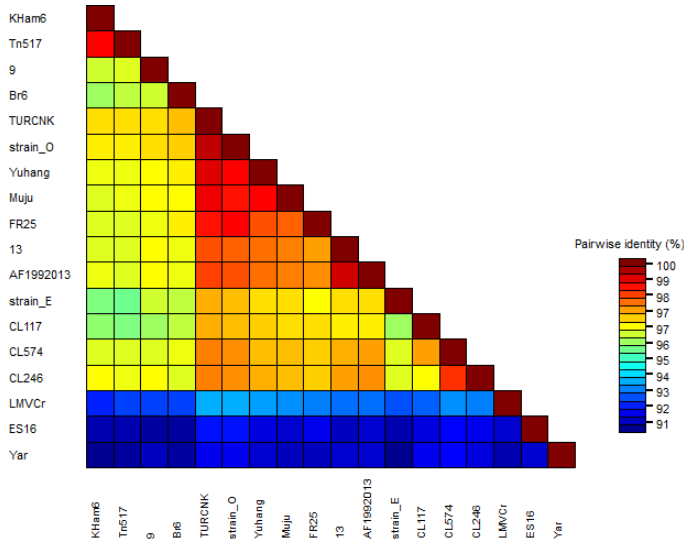
Nükleotid düzeyinde yapılan benzerlik analizlerinde kullanılan tüm diğer ülke izolatları dikkate alındığında genel olarak LMV izolatlarının birbirleri ile %82-100 arasında benzerlik taşıdığı belirlenmiştir. Tüm genom dizilimlerine göre TUR-CNK izolatının, diğer ülke izolatları ile ilişkilerine bakıldığında ise izolatların %82-99 aralığında benzerlik gösterdikleri tespit edilmiştir. TUR-CNK LMV izolatı X97704 erişim numarasına sahip olan Fransa izolatı ile %99 oranla en yüksek sekans homolojisine sahip iken, en düşük benzerliği ise %82 oranla KJ161194 erişim numaralı Yemen izolatı ve KJ161194 erişim numaralı İspanya izolatı ile gösterdiği belirlenmiştir ([Şekil 4](#)).



Şekil 4. Lettuce mosaic virus izolatlarının tüm genom nükleotid dizilimleri seviyesinde birbirleri ile gösterdiği benzerlik matrisi.

Aminoasit temelli benzerlik analizlerinde tüm izolatlar incelendiğinde %91 ile %100 arasında benzerlik oranı olduğu görülmüştür. Tüm genom dizilimlerine göre TUR-CNK izolatının diğer ülkelerin izolatları ile ilişkilerine bakıldığında ise izolatların %92-99 aralığında benzerlik gösterdikleri tespit edilmiştir. TUR-CNK LMV izolatı X97704 erişim numaralı Fransa izolatı ile %99 oranla en yüksek benzerliği göstermiştir.

İkinci en yüksek benzerliği ise AJ306288 erişim numaralı Çin izolatu ile %99 oranla gösterirken, en düşük benzerliği ise %92 oranla KJ161194 erişim numaralı Yemen izolatu ve KJ161185 erişim numaralı İspanya izolatu ile gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 5).



Şekil 5. Lettuce mosaic virus izolatlarının tüm genom aminoasit dizimleri seviyesinde birbirleri ile gösterdiği benzerlik matrisi.

[Tao, Jiong ve JianPing \(2002\).](#), yaptıkları çalışmada Çin'in Yuhang şehrinde LMV'nin marul bitkilerinde önemli kayıplar oluşturması nedeniyle seçtikleri bir LMV izolatu'nun tüm genom dizi analizini çalışmışlardır. Bu izolatu'nun nükleotid ve amino asit düzeyinde dünyanın diğer ülkelerinden elde edilen ve gen bankasına yüklenen LMV izolatları ile nükleotid düzeyinde %96.7 ile %98.8 ve amino asit düzeyinde %97.6 ile %99.0 oranında bir benzerliğe sahip olduğunu bulmuşlardır. Bir diğer çalışmada ise [Revers vd. \(1997\).](#) LMV-E ve LMV-O izolatlarının tüm genom dizi karşılaştırmaları sonucunda izolatların nükleotid düzeyinde %94 oranında, aminoasit düzeyinde ise %97 oranında benzerlik gösterdiklerini belirtmişlerdir. Bu bağlamda farklı çalışmalardan elde edilen sonuçlar da bu çalışmayı destekler niteliktedir.

LMV izolatlarının sahip olduğu gen bölgelerine göre gerçekleştirilen benzerlik dizi analizleri sonucunda da tüm genom düzeyinde elde edilen sonuçlara genel olarak paralel sonuçlar elde edilmiştir (Tablo 3). P1 gen bölgesine göre izolatlar nükleotid düzeyinde %78-98, aminoasit düzeyinde ise %74-98 oranında birbirleri ile benzerlik göstermişlerdir. HC-Pro bölgesine göre izolatların nükleotid düzeyindeki benzerlik oranları %83-98 olarak belirlenirken, amino asit temelli benzerlik analizlerinde ise %95-99,5 olarak birbirleri ile sekans benzerliği gösterdiği tespit edilmiştir. P3 bölgesine göre ise benzerlik oranları nükleotid düzeyinde %81-99,5, amino asit düzeyinde ise %87-100 olarak belirlenmiştir. 6K1 gen bölgesine göre nükleotid düzeyinde izolatların birbirleri ile gösterdiği benzerlik oranı %79-100, aminoasit düzeyinde ise %92-100 olarak belirlenmiştir. CI gen bölgesine göre ise izolatlar nükleotid seviyesinde %84-99, aminoasit seviyesinde ise %97-100 oranında benzerlikler göstermişlerdir. 6K2 gen bölgesine göre ise izolatların nükleotid düzeyindeki benzerlik oranları %77-100, aminoasit düzeyinde ise %83-100 arasında olduğu tespit edilmiştir. VPG gen bölgesi temel alınarak gerçekleştirilen benzerlik analizlerinde ise izolatlar nükleotid seviyesinde %84-99, aminoasit seviyesinde ise %95-100 oranında benzerlikler göstermişlerdir. NIa gen bölgesi için gerçekleştirilen analizler sonucunda ise izolatların nükleotid düzeyinde %82-99, aminoasit düzeyinde ise %95-100 oranında benzerlikler gösterdiği belirlenmiştir. NIb gen bölgesine göre gerçekleştirilen analizler sonucunda ise izolatların nükleotid düzeyinde birbirleri ile %84-99, aminoasit düzeyinde ise %94-99.5 oranında benzerliklere sahip olduğu belirlenmiştir. Son gen bölgesi olan CP genine göre ise izolatları nükleotid düzeyinde %90-100, aminoasit düzeyinde ise %93-99.5 oranlarında birbirleri ile benzerlikler gösterdiği belirlenmiştir.

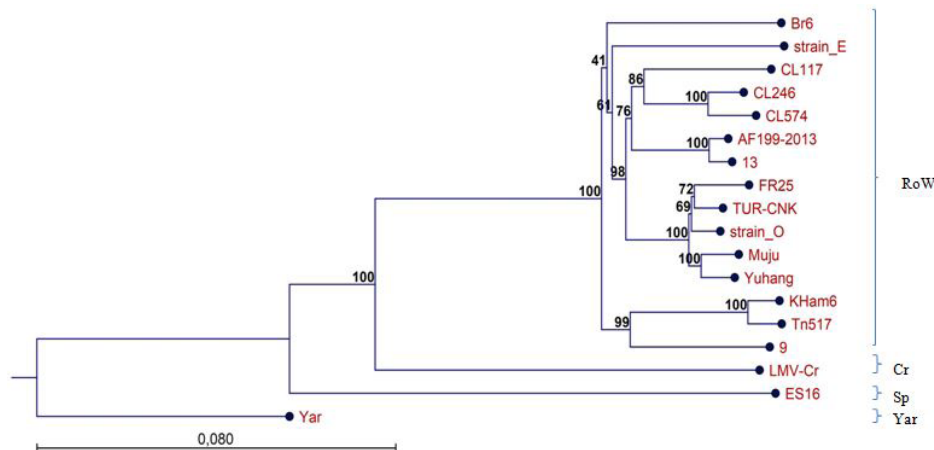
Tablo 3

Türk lettuçe mosaic virus izolatının sahip olduğu gen bölgelerine göre dünya izolatları ile sahip olduğu sekans benzerlik oranları

Gen	Benzerlik Oranı (%)			
	Nükleotit		Amino asit	
	Max.	Min.	Max.	Min.
P1	98	75	98	74
HC-Pro	98	83	99,5	95
P3	99,5	81	100	87
6K1	100	79	100	92
CI	99	84	100	97
6K2	100	77	100	83
VPG	99	84	100	95
NIa	99	82	100	95
NIb	99	84	99.5	94
CP	100	90	99.5	93

TUR-CNK izolatının tüm genom nükleotid dizilimleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç incelendiğinde filogenetik ağacın literatüre paralel olarak 4 gruba ayrıldığı görülmektedir (Revers vd. (1997); Karanfil vd., 2018). Elde edilen filogenetik ağaçta Yar grubunda 1 izolat, Sp grubunda 1 izolat, Cr grubunda 1 izolat ve RoW grubunda ise 15 izolat bulunduğu görülmektedir. Filogenetik ağaç daha detaylı incelendiğinde ise; Yar grubunda KJ161194 erişim numaralı Yemen izolatı, Sp grubunda KJ161185 erişim numaralı İspanya izolatı ve Cr grubunda ise KF268956 Erişim numaralı Fransa izolatı bulunmaktadır. RoW grubunda ise KJ161174, AJ278854 erişim numaralı Brezilya izolatları, KJ161187, KY440645 erişim numaralı Tunus izolatları, KF955619 erişim numaralı Güney Kore izolatı, KJ161186, KJ161173, X97704, X97705, KJ161172 erişim numaralı Fransa izolatları, AJ306288 erişim numaralı Çin izolatı bulunmaktadır. Son olarak ise KJ161175, KJ161177, KJ161183 erişim numaralı Şili izolatları ve ülkemizden elde edilen izolat bulunmaktadır.

Çalışmada kullanılan LMV izolatı olan TUR-CNK KJ161186 erişim numarasına sahip olan Fransa izolatı ile en yakın ilişkiyi, ikinci en yakın ilişkiyi ise X97704 erişim numarasına sahip olan yine bir Fransa izolatı ile göstermiştir. TUR-CNK'nın KJ161194 erişim numaralı Yemen izolatı ile de en uzak ilişkiyi gösterdiği belirlenerek, RoW grubuna dahil olduğu tespit edilmiştir (Şekil 6). Elde edilen bu sonuçlar LMV izolatlarının filogenetik ilişkilerinin araştırıldığı benzer çalışmalar ile paralellik göstermektedir (Lim vd., 2014; Korkmaz ve Karanfil, 2017; Karanfil vd., 2018). Benzerlik analizlerinde olduğu gibi gen bölgelerine göre de gerçekleştirilen filogenetik analizlerde tüm genom dizilimleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaca paralel şekilde izolatların genel olarak gruplandırıldığı tespit edilmiştir.



Şekil 6. Lettuçe mosaic virus izolatlarının tüm genom nükleotid dizilimleri kullanılarak neighbour-joining yöntemi ile oluşturulan filogenetik ağaç.

4. Sonuçlar

Bu çalışma kapsamında ilk Türk LMV izolatının tüm genom sekans dizileri belirlenmiştir. Hastalığın orijinine ilişkin yeni bulgular elde edilmiştir. Gen bankası oluşturularak karakterize edilen izolatlar bundan sonraki çalışmalara kaynak teşkil ederek, elde edilen tüm bulgular ulusal ve uluslararası alanlarda bilim dünyasının hizmetine sunulmuştur. Ayrıca ülkemiz LMV izolatlarının tüm genom düzeyinde farklı konukçularda ve daha fazla sayıda yapılması gerektiği düşünülmektedir. Elde edilen izolatların popülasyon düzeyinde genetik çeşitliliğinin belirlenmesi de izolatlar arasındaki farklılıkların ortaya çıkarılması açısından önem taşımaktadır.

Teşekkür

Bu çalışma birinci yazarın yüksek lisans tezinden üretilmiş olup, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimince Desteklenmiştir. Proje Numarası: FYL-2019-3062.

Yazar Katkıları

Aysun Helvacı: Analizleri gerçekleştirmiş ve makaleyi yazmıştır.

Savaş Korkmaz: Çalışmayı planlamış, analizleri gerçekleştirmiş ve makaleyi yazmıştır

Çıkar Çatışması

Yazarlar çıkar çatışması bildirmemişlerdir.

Kaynaklar

- Dinant, S. ve Lot, H. (1992). Lettuce mosaic virus: a review. *Plant Pathology*, 41, 528-542.
- Horvath, J. (1980). Viruses of lettuce. II host ranges of lettuce mosaic virus and cucumber mosaic virus. *Acta Agron. Scient. Hungaricae*, 29, 333-352.
- Karanfil, A. (2020). Researching of usability of different total nucleic acid isolation methods in detection of potyvirus infections by RT-PCR. *International Van Conference on Applied Sciences*, (pp. 43), Van, Turkey.
- Karanfil, A., Cevik, B. ve Korkmaz, S. (2018). Detection of lettuce mosaic virus infection in South Marmara region of Turkey and coat protein gene characterization. *Zemdirbyste-Agriculture*, 105(4), 363-368. <https://doi.org/10.13080/z-a.2018.105.046>
- Karanfil, A., Tuzlalı, H. T., Korkmaz, S., 2015. Çanakkale ilinde marul mozaik virüsü lettuce mosaic virus (LMV) izolatlarının tanılanması ve karakterizasyonu. *VII. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi*, (pp. 27), Çanakkale, Türkiye.
- Korkmaz, S., Karanfil, A., 2017. Molecular characterization with different phylogenetic approaches of lettuce mosaic virus isolates from South Marmara region in Turkey. *2nd International Balkan Agriculture Congress*, (pp. 63), Tekirdağ, Turkey.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. ve Tamura, K. (2018). MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lim, S., Zhao, F., Yoo, R. H., Igori, D., Lee, S. H., Lim, H. S. ve 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>
- Muhire, B.M., Varsani, A. ve Martin, D. P. (2014). SDT: a virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. *Plos One*, 9(9), 0108277. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0108277>
- Nebreda, M., Moreno, A., Pérez, N., Palacios, I., Seco-Fernández, V. ve Fereres, A. (2004). Activity of aphids associated with lettuce and broccoli in Spain and their efficiency as vectors of Lettuce mosaic virus. *Virus Research*, 100, 83-88. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2003.12.016>
- Pavan, M. A., Krause-Sakate, R., Silva, N., Zerbini, F. M. ve Gall, O. L. (2008). Virus Diseases of Lettuce in Brazil. *Plant Viruses*, 35-40.

- Revers, F., Yang, S. J., Walter, J., Souche, S., Lot, H., Le Gall, O., Candresse, T. ve Dunez, J. (1997). Comparison of the complete nucleotide sequences of two isolates of lettuce mosaic virus differing in their biological properties. *Virus Research*, 47(2), 167-177. [https://doi.org/10.1016/S0168-1702\(96\)01411-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1702(96)01411-6)
- Sastry S. K. ve Zitter T. A. (2014). Management of virus and viroid diseases of crops in the tropics. *Epidemiology and Management*, 2 149–480. https://doi.org/10.1007/978-94-007-7820-7_2
- Tao, Z., Jiong, C. ve JianPing, C. (2002). Complete sequence analysis of a Chinese isolate of lettuce mosaic virus. *Chinese Journal of Virology*, 18(1), 66-70.