



**Alınış tarihi (Received):** 24.08.2017  
**Kabul tarihi (Accepted):** 26.12.2017

**Baş editor/Editors-in-Chief:** Ebubekir ALTUNTAŞ  
**Alan editörü/Area Editor:** İzzet KADIOĞLU

**Şerife TOPKAYA<sup>1,\*</sup> Filiz ERTUNÇ<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Taşlıçiftlik / Tokat  
serife.topkaya@gop.edu.tr

<sup>2</sup>Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Dışkapı Ankara filiz.ertunc@agri.ankara.edu.tr  
\*Sorumlu yazar: serife.topkaya@gop.edu.tr

## **Bitki Patojeni Virüslerde Örtü Proteininin Yapısı ve Fonksiyonları**

**ÖZET:** Viral etmenin partikül yapısına göre örtü proteininin (coat protein; CP) yapısı ve fonksiyonlarında değişiklik göstermektedir. Örtü proteinleri isimlerini en önemli fonksiyonları olan virüs genomunun nükleik asitlerini örtme fonksiyonundan almaktadır. Ancak, CP örtme fonksiyonunun yanı sıra viral enfeksiyon ve virüsün yayılması esnasında yapısal ve fonksiyonel pek çok role sahiptir. Örtü proteinleri, virüsün bitki hücreleri içinde yayılması, virüs partiküllerinin parçalara ayrılması, viral RNA'nın kopyalanması, viral genomun çoğalması, yeni virüs partiküllerinin birleşmesi, bitkide virüsün hücreden hücreye veya sistemik taşınmasında, etmenin virülensliğinde ve enfeksiyonun semptomatolojisinde, konukçu savunmasıyla dayanıklılık (R) geninin aktivasyonunda, RNA susturulmasının baskılanması ve virüslerin böceklerle taşınmasının spesifikliğini belirlemek dahil viral enfeksiyon döngüsünün neredeyse tüm aşamalarında rol almaktadır. Dolayısıyla viral döngüde bu kadar çok role sahip olan CP'lerin fonksiyonlarını bilmek viral etmenlere karşı mücadele yöntemleri geliştirmede yardımcı olacaktır. Bu çalışma ile bitki patojeni virüsler tarafından kodlanan örtü proteinlerinin yapısı ve fonksiyonları hakkında bilgi vermek amaçlanmıştır.

**Anahtar Kelimeler** – Bitki patojen virüsler, örtü proteinleri, viral proteinler

## **The Conformation and Function of the Coat Protein (CP) of Plant Pathogenic Viruses**

**ABSTRACT:** The conformation of the coat protein and functions vary according to the structure of the particles. Coat proteins are named according to the encapsidation function of viral genomic nucleic acids. However, as well as covering, the coat proteins have many structural and functional roles on pathogenity and spread of the pathogen. Coat proteins can play a role in cell-to-cell and/or systemic movement of the virus, viral genome replication, assembly of new virus particles, symptomatology and virulence of the infection, activation of R gene-mediated host defenses, suppression of RNA silencing, interference with suppression of RNA silencing, and determination of the specificity of virus transmission by vectors. Coat proteins are involved in almost all stages of the viral cycle. Therefore, with so many roles in the viral cycle, the CP will help to know the functions of viral agents in developing methods to fight against them. In this study, the proteins encoded by plant pathogenic viruses are intended to provide information about their structure and function.

**Keywords** – Plant pathogenic viruses, coat proteins, viral proteins

### **1. Giriş**

Virüsler sadece canlı hücrelerde çoğalan ve hastalık yapma yeteneğine sahip nükleoproteinlerdir. Tüm virüsler, hücre içinde parazitik olup tek hücreli organizmalardan büyük bitki ve hayvanlara kadar pek çok canlıda hastalığa neden olmaktadır. Yapıları basit olarak bir nükleik asit ve bunu çevreleyen bir protein kılıftan (örtü proteini; coat protein;

CP)) oluşmaktadır. Bitki virüslerinin hepsi genomlarını korumak için örtü proteini kodlamaktadır. Örtü proteini geni bitki patojeni virüslerin çoğunda genomun 3' ucunda bulunurken birkaç virüsün genomunun 5' ucunda yer almaktadır (Hull 2004). Viral genomun kodladığı örtü proteini protein alt birimlerinden (kapsomer) oluşmakta olup, bu protein alt birimlerinin amino asit dizilimleri birbirinin aynısıdır. Kapsomerlerdeki bu dizilim türe özgü olup aynı zamanda virüslerin morfolojik farklılığının belirleyicisi durumundadır. Virüsün protein alt birimlerinin amino asit miktarı ve dizilişi sabit olup farklı virüslerde, aynı virüsün farklı ırklarında ve hatta aynı virüsün içinde yer alan diğer proteinlerde birbirinden farklılık göstermektedir (Hull 2004, Agrios 2005, Yılmaz ve Çığışar 2007).

Örtü proteinleri isimlerini en önemli fonksiyonları olan virüs genomunun nükleik asitlerini örtme fonksiyonundan almaktadır. Ancak, örtü proteinleri örtme fonksiyonun yanı sıra viral enfeksiyon ve virüsün yayılması esnasında yapısal ve fonksiyonel pek çok role sahiptir. Virüslerin genom yapısına göre kodladıkları örtü proteinlerinin yapıları ve fonksiyonları birbirinden farklılık göstermektedir. Bitki virüslerinin (Umbravirüsler hariç) genomik RNA ya da DNA' sını bir ya da iki tip örtü proteini(CP) molekülü tarafından kaplanmaktadır. Örtü proteini, enfekteli bitkilerde virüsün çoğalması esnasında ve virüsün bitkiden bitkiye taşınmasında viral genomu degradasyondan koruma fonksiyonuna sahiptir. Ancak geçmiş yıllarda, virüse bağlı olarak, CP' nin, virüsün bitki hücreleri içinde yayılması, virüs partiküllerinin parçalara ayrılması, viral RNA' nın kopyalanması, viral genomun çoğalması, yeni virüs partiküllerinin birleşmesi, bitkide virüsün hücreden hücreye veya sistemik taşınmasında, etmenin virülensliğinde ve enfeksiyonun simptomatolojisinde, konukçu savunmasıyla dayanıklılık (R) geninin aktivasyonunda, RNA susturulmasının baskılanması dahil viral enfeksiyon döngüsünün neredeyse tüm aşamalarında rol alabileceği açıklanmıştır (Bol 2008). Bu derlemede virüslerin genom yapısına göre kodladıkları örtü proteinleri ve fonksiyonları hakkında bilgiler verilecektir.

## 2. Örtü proteinlerinin yapısı

Bitki patojeni virüsler çubuk şekilli, ipliksi formda, ikosahedral (küresel) veya polihedral (çok yüzlü küresel) şekilli olmak üzere farklı şekil ve büyüklüklere sahiptir. İpliksi ve çubuk şeklindeki virüslerin yapılarında örtü proteinlerinin alt üniteleri heliks şeklinde yapı oluşturmaktadır. Heliksin tipi çubuk şekilli virüslerde kıvrımsız iken ipliksi yapıda olan virüslerde esnekler. Örneğin tütün mozaik virüsünün (*Tobacco mosaic virus*:TMV) partikülü kıvrımsız helikal çubuk şeklindedir. Virüsün oluşturduğu heliks yapısında protein alt üniteleri her bir dönüşte 16-1/3 protein alt ünitesi (49 üç döngüde) olacak şekilde nükleik aside tutunmaktadır. Ortada ise 4nm çapında bir boşluk yer alır. Partikülün eni ise 18nm' dir. Her bir partikülde 130 heliks dönüşü bulunmaktadır (Hull 2004, Khan ve Dijkstra 2006, Yılmaz ve Çığışar 2007).

İkosahedral yapıdaki virüslerde,örtü proteini, protein alt birimlerinin çok sayıda kopyasının geometrik desenlemelerle bir araya gelmesiyle oluşturulmaktadır. Basit yuvarlak bir kapsidin oluşmasında 60 protein alt birimi gereklidir. Bu Triangulasyon sayısı (T=1) olarak ifade edilmekte ve virüslerin yapısına göre bu sayı değişmektedir. Triangulasyon sayısı (T) simetrik üçgen yapıyı ifade etmek için kullanılmaktadır. *Caulimo flower mosaic virus* (CaMV) ve Comoviridae üyelerinin virüs partikülü ikosahedral yapıya sahiptir. Polihedral virüslerde ise protein alt birimleri birbirine sıkıca sarılarak 20 yüzlü veya yirminin katı kadar yüzlü kabuk oluşturmaktadır. Nükleik asit bu kabuğun içinde katlanmış olarak yer almaktadır (Hull 2004, Khan ve Dijkstra 2006).

## 2.1. Pozitif Anlamalı Tek Sarmallı RNA (+ssRNA) Virüslerinin Örtü Proteinleri ve Fonksiyonları

Pozitif anlamalı RNA virüsleri bütün virüs türlerinin yaklaşık 1/3' ünü oluşturur ve çok sayıda önemli bitki patojenini kapsar. Bu grubun üyelerinin örtü proteinleri genomlarının 3' ucunda yer alır. Fakat bazı virüslerde CP genomun 5' ucunda bulunmaktadır ( Çizelge 1 ve Çizelge 2) (Hull 2004).

**Çizelge1.** Herhangi bir familyaya dahil edilmeyen bazı + ssRNA virüsleri ve örtü proteinleri

**Table 1.** Some + ssRNA viruses that were not included any family and coat proteins

Genom	Cins	Örtü proteini genom Bölgesi
Çubuk şekilli ssRNA virüsleri	1ssRNA <i>Tobamovirus</i>	3' uç bölgesi
	2 ssRNAs <i>Tobravirus</i>	RNA2
	3 ssRNAs <i>Hordeivirus</i>	RNA2' nin 5' ucu
	2 ssRNAs <i>Furovirus</i>	RNA2' nin 5' ucu
	<i>Pecluvirus</i>	RNA2' nin 5' ucu
	3 ssRNAs <i>Pomovirus</i>	RNA2
	4 ssRNAs <i>Benyvirus</i>	RNA2' nin 5' ucu
İplikli şekilli ssRNA virüsleri	<i>Foveavirus</i>	ORF5
	<i>Potexvirus</i>	3' ucunda 25kDa' luk bölge
İzometrik RNA virüsleri	<i>Sobemovirus</i>	3' ucu
	<i>Marafivirus</i>	227 kDa

**Çizelge 2:** Familyaya dahil edilen bazı + ssRNA virüsleri ve örtü proteinleri

**Table 2.** Some + ssRNA viruses that were not included family and coat proteins

Familya	Cins	Örtü proteini genom bölgesi
<i>Potyviriidae</i>		Polyprotein 3' uç bölgesi
<i>Closteroviridae</i>	<i>Closterovirus</i>	RNA1-(ORF6- P22)
	<i>Crinivirus</i>	RNA2
<i>Sequiviridae</i> İkosahedral simetrisine sahip	T=3	<i>Sequivirus</i>
		<i>Waikavirus</i>
<i>Tombusviridae</i> İsometrik- ikosahedral	<i>Tombusvirus</i>	Örtü proteini 1 (22.5 kDa ) Örtü proteini 2 (26 kDa ) Örtü proteini 3 (31 kDa )
	<i>Aureusvirus</i>	ORF2 p41
	<i>Avenavirus</i>	ORF2 p40
	<i>Carmovirus</i>	ORF2 p48
	<i>Dianthovirus</i>	ORF4- p38
	<i>Machlomovirus</i>	ORF2
	<i>Necrovirus</i>	ORF4-p25 ORF4 – p30

Örtü proteini monomerleri ve örtü proteini ile genomik RNA arasındaki uyumlu ilişki virüs partikülünün birleşmesinin ve partikülün ayrılmasının düzenlenmesinde gereklidir. Tüm bitki virüslerinin örtü proteinleri ebeveyn virüslerin parçalara ayrılmasında fonksiyona geçen ilk birim ve yeni nesil virüslerin birleşmesinde son fonksiyona sahip birimdir. Virüse bağlı olarak örtü proteinleri bu ilk ve son fonksiyonlar arasında enfeksiyon döngüsünün

pek çok adımında rol almaktadır (Bol, 2005; 2008). Aşağıdaki bölümlerde +ssRNA virüslerinin örtü proteinlerinin genom aktivasyonu ve virüsün taşınmasındaki rolleri açıklanmıştır.

### 2.1.1. Genom Aktivasyonu

Pozitif anlamlı RNA virüslerinin örtü proteinleri virüslerin genom aktivasyonunda rol oynamaktadır. Viral örtü proteinleri, RNA replikasyonu, gen ifadesinin düzenlenmesi, virüsün parçalara ayrılması ve birleşmesi, virüs hareketi dahil viral enfeksiyon döngüsünde çok sayıda fonksiyona sahiptir. Örneğin, yoncamozaik virüsü (*Alfalfa mosaic virus*, AMV)'nün örtü proteinleri viral RNA' da RNA motifine bağlanarak translasyonu ve RNA sentezini düzenlemektedir (Callaway ve ark., 2001; Bol 2005). Bromoviridae familyasına ait türlerin genomlarında örtü proteininin N ucunda RNA bağlanma bölgesi bulunmaktadır. Bu bölgenin Bromoviridae familyasında yer alan *Alfamovirus* (tip türü AMV) ve *Ilarvirus* türlerinde viral RNA'nın translasyonu için CP'nin viral RNA'ya bağlanmasında rol oynadığı ve bu işlemin RNA'nın aktivasyonu için gerekli olduğu rapor edilmiştir (Callaway ve ark., 2001; Bol, 2005).

Viral örtü proteinleri (CPs) gen ekspresyonunu ve viral RNA' nın kaplanması düzenlediği bildirilmiştir. *Brome mosaic virus* (BMV)'ünün örtü proteininin belli bir seviyede ifadesinin viral RNA birikimini teşvik ettiği ve diğer taraftan yüksek seviyeleri ise BMV RNA'sının kopyalanmasını ve çoğalmasını önlediği bulunmuştur. Bu proteinin aynı zamandareplikaz birleşmesi için gerekli olduğu bildirilmektedir. BMV örtü proteininin tercihen SLC olarak adlandırılan ve genomik negatif iplikçikli RNA sentezi için öz promotor içeren bir RNA elementine bağlandığı gösterilmiştir (Yi ve ark., 2009).

BMV RNA' larının proteinlerle birebir ya da kombinasyon halinde ifadesinin *Agrobacterium* aracılığıyla gen ekspresyonu sistemi kullanılarak, örtü proteininin yüksek seviyelerinin BMV RNA birikiminin engellenmesiyle ilişkili olduğu gösterilmiştir (Yi ve ark., 2009).

Virüs sentezi esnasında yeni sentezlenen bitki viral RNA' nın kapsitlenmesi için virüs RNA'sının replikaz komponentlerini içeren yapılardan ayrılması gerektiği ileri sürülmektedir. RNA' nın çoğalması ve kapsit proteinleri ile kaplanması arasında sıkı bir ilişki olduğu hem RNA hem de DNA virüsleri için önerilmiştir.(Bol, 2008).

### 2.1.2. Virüsün Taşınması

Örtü proteinleri hareket proteinleri ile etkileşim halindedir. Bitki virüsleri enfekteli hücrelerden sağlıklı hücrelere plasmadesmata ile ve dokular arasında mezofil hücrelerinden çıkarak floem yoluyla taşınırlar. Bitki içinde enfekteli yapraktan sağlıklı yapraklara hareket için damarları kullanırlar. Bu işlemde CP'nin rolü son yıllarda yeniden incelenmiştir. Genellikle bitki dokularında virüs taşınması, viral genomda greenfluorescent protein (GFP) kaydedici geninin eklenmesiyle takip edilmiş ve viral genlerde mutasyonun etkisi analizlenmiştir (Bol, 2008).

Hücreden hücreye taşınma, örtü proteinine bağlı olan taşınma ve örtü proteinine bağlı olmayan taşınma şeklinde iki alt bölüme ayrılmaktadır. Örtü proteininden bağımsız taşınma tobamo-, diantho-, carmo-, hordei- ve umbravirüslerde görülmektedir. Hücreden hücreye taşınma için örtü proteini gerekli olan virüsler ise, virüs partikülü(virion) şeklinde taşıyan

ve virion bilgisinin gerekli olmadığı diğer mekanizmalarla taşıyanlar olmak üzere iki alt gruba ayrılmaktadır. Potex- ve potyvürüslerde hücreden hücreye taşınma için örtü proteini gereklidir, fakat bu virüslerin virion olarak mı ya da viral nükleoprotein (VNP) kompleksi olarak mı taşındığı bilinmemektedir (Bol, 2008).

Bromoviridae familyasında AMV, BMV ve *Cucurbitmosaicvirus*(CMV)' ünün hücreden hücreye taşınma için örtü proteini gerekli olduğu, fakat *Cowpeachloroticmottlevirus* (CCMV)' ünde hücreden hücreye taşınma için örtü proteinine gerek olmadığı bildirilmektedir. AMV, BMV ve CMV' nin hareket proteinleri (MP), enfekteli protoplastların yüzeyinde virion içeren boru şeklinde yapı içinde birleşir. Fakat bu yapılar bu virüslerle enfekteli yaprak dokularının plazmodezmatalarında görülmediği rapor edilmiştir (Bol, 2008).

BMV M1 strainin yayılması için kılıf komponenti olan CP gerekli olduğu, fakat BMV M2 strainin hücreden hücreye yayılmasında CP'nin gerekli olmadığı ileri sürülmektedir. AMV ve CMV için hücreden hücreye harekette CP gerekli olduğu, fakat bazı CP mutantlarında taşınmanın virion formunda olmadığı gözlemlenmiştir. BMV ve CMV'nin hareket proteinlerinde C uç bölgesinin nokta mutasyonları ya da delesyonları sonunda CP bağımlı olmayan bu virüslerin taşındığı görülmüştür. Bu çalışma sonucuna göre, Bromoviridae familyasındaki virüslerin hücreden hücreye viral nükleoprotein (VNP) kompleksi olarak yayıldığı ileri sürülmüştür. CCMV istisnası dışında, bu virüslerin CP' leri, konukçu savunma mekanizmasının baskılanması gibi, virüs nakliyle hareket proteinlerindeki yardımcı rol oynamaktadır (Bol, 2008).

Çok sayıda virüs ya virion olarak ya da VNP kompleksi olarak floem yoluyla sistemik taşınma için örtü proteini kullanmaktadır. Özel konukçu bitkilerde, Hordeivirüs *Barley stripe mosaic virus*, Tobravirüsler, Tombusvirüs *Tomato bushy stunt virus*' un sistemik yayılması için örtü proteini gerekli olmadığı bildirilmektedir. Umbravirüsler örtü proteini kodlamaz ve ORF3' ün kodladığı proteini ve viral RNA içeren VNP' ler şeklinde sistemik olarak yayılırlar (Bol, 2008).

Örtü proteinleri virüsün vektör ile taşınmasında da önemli role sahiptir. Mekanik taşınmaya ilave olarak bitki virüsleri bitkiden bitkiye nematod, fungus, ve böcek vektörleriyle (beyaz sinekler, afitler, tripsler, akarlar, unlubitler) de taşınır. Genellikle, kaynak bitkide taşınma virion oluşumunu gerektirir ve örtü proteini virüs-vektör interaksiyonlarında spesifitenin önemli bir belirleyicisi olarak rol oynamaktadır. Viralkapsitte CP alt birimleri yardımcı viral proteinler aracılığıyla ya da vektörde varsayımsal viral reseptörler ile direk etkileşim haline geçmektedir. Örneğin, Cucumovirüsün afitlerle ya da Tombusvirüsün *Cucurbit necrosis virus*' un *Olpidium bornovanus* fungusunun zoosporu ile taşınmasında, CP' in virüs tarafından kodlanan tek belirleyici olduğu ileri sürülmektedir (Bol, 2008). Örtü proteinleri virüsün bitkiden bitkiye taşınmasında vektöre özelleşmenin önemli belirleyicilerdir (Callaway ve ark., 2001). Cucumo-, poty- ve potexvirus'lerin böceklerle taşınmasında CP'ler önemli rol oynamaktadır. CMV CP sekansının iki bölgesinin afitle taşınmada önemli rol oynadığı rapor edilmiştir (Callaway ve ark., 2001). Potyvirus CP N uç bölgesinde bulunan ve potyvürüsler arasında hayli korunmuş olan DAG motifi potyvürüslerin afitlerle nonpersistent taşınmasında rol oynamaktadır. DAG motifi afitlerle taşınan potexvirus'ların CP'lerinde bulunurken, afitlerle taşınmayan virüslerde (örneğin PVX) bulunmamaktadır.

Örtü proteinleri, Luteoviridae familyasının üyelerinin sirkülatif, nonpropagativepersistent taşınması için gerekli olduğu bildirilmiştir. Bu proteinler virüsün hangi afit türü ile taşınabileceğini belirlemektedir. Luteoviridae familyası üyelerimajor CP ve minorCP olmak üzere iki CP'den oluşmaktadır. MinorCP'ninLuteovirüslerinafitle taşınmasında gerekli olduğu ileri sürülmüştür.

## 2.2. Negatif AnlamlıTek Sarmallı RNA (-ssRNA) Virüslerinin Örtü Proteinleri ve Fonksiyonları

Negatif anlamlıRNA virüsleri zarflı ve zarfsız virüslerin büyük ve farklı bir grubunu oluşturmaktadır. Bu virüslerin bitkileri ve hayvanları enfekte eden segmentli ve segmentsizgenomlu olanları bulunmaktadır. Ayrıca, yapısal ve biyolojik özellikleri ile genom organizasyonu açısından önemli farklılıklar göstermektedirler. Bu virüslerin tümünün ssRNA genomunun etrafı sarmal yapıda esnek nükleokapsit ile çevrilmiştir(Hull, 2004). Bitki patojeni Rhabdoviridae ve Bunyaviridae familyalarının üyeleri ssRNA genomuna sahip virüs partikülü içermektedirler (Tablo 3). Bu familyaların kodladıkları genlerin bazıları konukçuyu tanıma fonksiyonuna sahiptir (Hull, 2004).

Virüslerde viralkapsit veya zarf virüs genetik materyalinin anlamlıhücreye girmesini sağlama özelliğine sahiptir. Bakteri ve hayvanları enfekte eden virüsler hedef konukçu hücreye bağlanacak bir reseptör içermektedir. Bitki patojeni virüslerin çoğu konukçuya yaralardan giriş yaptığı için konukçuyu tanıma fonksiyonuna sahip protein içermez. Fakat zarflı ve zarfsız ssRNA içeren bitki patojeni virüslerin kodladığı proteinler konukçuyu tanıma fonksiyonuna sahip olduğu bildirilmiştir(Hull, 2004).

Zarfsız virüslerde kapsidin, spesifik protein yapısı ya da zarflı virüslerde zarfın yüzeyinde bulunan ve değişik kimyasal yapıya sahip (protein, glikoprotein, oligosakkarit, lipoprotein gibi) spesifik reseptörlere sıkıca bağlanması ve hücreye ilk giriş için önemli bir işaret olduğu rapor edilmiştir.. Bu reseptörler içinde glikoproteinler daha fazla bağlanma yeteneği gösterir ve daha spesifiktir. Virüsün konukçuya bağlanması için virion ile hücre arasında kuvvetli bir kimyasal ilişkinin bulunması gerekir. Bitki patojeni virüslerden Rhabdoviridae familyasının üyeleri ve Tospovirüs cinsinin üyeleri konukçularını tanıma fonksiyonuna sahip yüzey proteinleri kodladığı bildirilmiştir.(Hull, 2004).

Rhabdovirüsler negatif iplikçikli RNA virüsleridir. Genomik RNA viral proteinleri kodlamak için gerekli olan mRNA ile karşıt anlamlıdır. Bu nedenle protein sentezini gerçekleştirmek için genomlarında RNA'ya bağımlı RNA polimeraz taşırlar. Rhabdovirüsler dört tane yapısal protein kodlarlar. Bu proteinler; N proteini (Nucleoprotein), M1 ve M2 matrix proteinleri ve Gproteini (Glikoprotein)'dir (Çizelge 3).

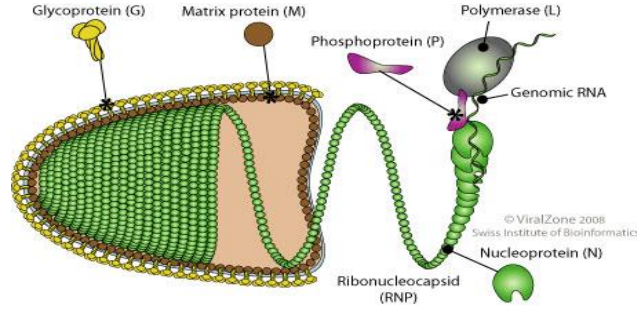
RNA ve N proteinini çevreleyen membran (zarfı oluşturan) **matrix protein** olarak adlandırılır. Bu protein dış membran proteindir (Şekil 1). Membran ya da G protein ile nükleokapsit arasında köprü görevi görür. Matrix proteini, **M1 ve M2 proteinleri** olmak üzere iki molekülden oluşur. Rhabdovirüslerinmatrix (M) proteinleri virüs olgunlaşması ve gelişmesi için gerekli olan multifonksiyonel proteinlerdir. Aynı zamanda viral ve konukçu proteinlerin ekspresyonun düzenlerler. M proteinler virüsün birleşmesinde önemli role sahiptirler (Graham ve ark., 2008).

**Çizelge 3:** Negatif anlamlı ssRNA virüslerinin örtü proteinleri**Table 3.** Coat proteins of negative sense ssRNA viruses

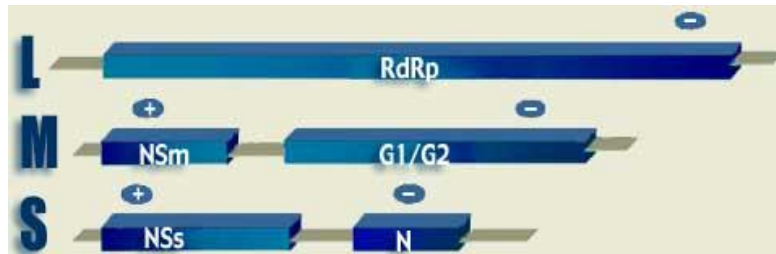
Genom	Familiya	Bölge/ protein	Büyükülüğü
- ssRNA	<b>Rhabdoviridae</b> <i>Nucleorhabdovirus</i> <i>Cytorhabdovirus</i>	Nucleoprotein (N)	50kDa
		Matrix protein(M)	19kDa
		Glycoprotein (G)	62kDa
	<b>Bunyaviridae</b> <i>Tospovirus</i> <i>Tenuivirus</i> <i>Ophiovirus</i>	Zarf glycoprotein	127kDa
		Nucleoprotein	28kDa

**N proteini** nükleoprotein çekirdeğini oluşturmak için RNA'ya sıkı bir şekilde bağlanır ve en büyük yapısal proteindir. Bu gen RNA genomunu nükleazlardan korumaktadır (Şekil 1).

**G protein** ise projeksiyonları oluşturur (Şekil1). Hücresel reseptörlere bağlanır ve antibodilerietkisiz hale getirmeye çalışır. G protein bitkisel ve hayvansal Rhabdovirüsleringlikopeptidlerininprimer kaynağı olduğu ileri sürülmüştür (Hull, 2004).

**Şekil 1.** Rhabdovirüslerin genomunun şematik gösterimi (ViralZone, 2010)**Figure 1.** Schematic representation of the genome of Rhabdoviruses (ViralZone, 2010)

Bunyaviridae familyasında ise Tospovirüs'lere tipik olarak *Tomatospottedwiltvirus*(TSWV)' nunvirionları küresel zarflı partiküllerdir. 80-120 nm çapındadır. Bitki patojeni Bunyaviridae familyası üyesi olan Tospovirüsler konukçuyu tanıma fonksiyonuna sahip iki protein (G1 ve G2) kodlamaktadırlar (Şekil 2). Glycoprotein G1 ve glycoprotein G2 virionun yüzeyinde bulunurlar ve birlikte hareket etmektedirler. Bu proteinler virionun hücreye girişinden sonra membranın erimesini başlatmak için hücre reseptörlerine virionun yapışmasını sağlamaktadır(ViralZone, 2010).

**Şekil 2.** Tospovirus genom organizasyonu. Pozitif ve negatif anlamlı ORF'lerin gösterimi (Tsompana ve ark., 2005)**Figure 2.** Genome organization of Tospovirus. Representation of positive sense and negative sense ORF's (Tsompana et al., 2005)

Yapısal olmayan protein (NSm- Non-structural protein) TSWV' nin bitkide enfeksiyonunu gerçekleştirir. Aynı zamanda virüsün bitkilerde yayılmasında rol alır. Hücre yüzeyinde tubular yapılara benzer formlar oluşturmaktadır(ViralZone, 2010).

### 2.3. Çift Sarmallı RNA (dsRNA) Virüslerinin Örtü Proteinleri ve Fonksiyonları

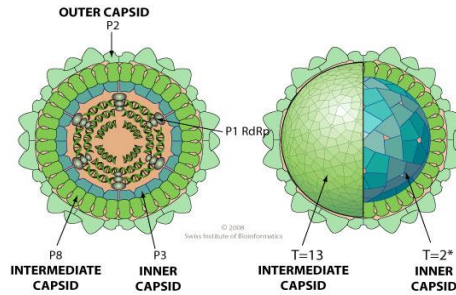
Bitki patojeni virüslerden genomu çift sarmallı RNA (dsRNA) içeren virüsler Reoviridae (Çizelge 4) familyasında yer alır. Reoviridae familyası insan, hayvan ve omurgalı konukçularını enfekte eden üyelerinin yanı sıra üç tane cinsi bitkileri enfekte eder. Bu familya üyelerinin genomları 10-12 segmentli dsRNA' dan oluşur. *Phytoreovirus* 12 dsRNA genom segmentli, *Fijivirus* 10 dsRNA genom segmentli ve *Oryzavirus* 10 dsRNA genom segmentli cinsleridir (Agrios, 2005; Hull, 2004).

**Çizelge 4.** dsRNA genomlu bitki patojeni virüslerin örtü proteinleri

**Tablo 4.** Coat proteins of plant pathogenic dsRNA viruses

dsRNA Reoviridae	<i>Oryzavirus</i>	İç Öz Kapsid Protein (CP)(P2)	33kDa
		Büyük Öz CP	130kDa
		Küçük yapısal CP	
	<i>Phytoreovirus</i>	Dış kapsit protein (P3)	114kDa
		Küçük iç kapsidprotein (P2)	123kDa
		Küçük dış kapsidprotein (P9)	39kDa
		Dış kapsidprotein (P8)	46kDa

*Phytoreovirus*, *Rice dwarfvirus* (RDV) öz proteini P2 ve P8 proteinlerinden oluşan dış kapsit ile kaplıdır. P2 proteini, 123 kDa protein büyüklüğündedir ve virüs partikülünün vektör böcek hücrelerine yapışmasını sağlar. Bu protein böcek ile taşınma ve enfeksiyon için gereklidir. P8 proteini, 46-kDa protein, viral partikülde bulunur ve enfeksiyon için gereklidir. Özü oluşturan iç protein ise, P3 protein (14 kDa), dsRNA'yı sarmaktadır (Çizelge 4) (Şekil 3) (ViralZone, 2010).

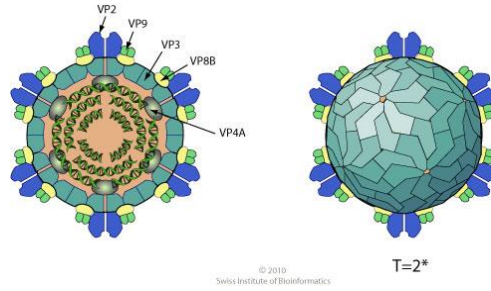


**Şekil 3.** *Phytoreovirus* virion yapısı ve örtü proteinlerinin görünümü (ViralZone, 2010).

**Figure 3.** *Phytoreovirus* virion structure and representation of coat proteins (ViralZone, 2010).

*Oryzavirus Rice ragged stunt virus* (RRSV) 10 segmentli dsRNA içermektedir ve genomu 4 çeşit protein ikosehedral şekilde kaplanmaktadır. Bunlardan, P2 proteini, şapka oluşumunu sağlayan enzimi içerir. P3 proteini, kabuk örtü proteini ve P8 proteini, büyük örtü proteini. P8 proteini iki parçadan (P8A ve P8B) oluşur. P9 proteini ise böcek vektörlerle taşınmayı sağlayan proteindir (Şekil 4) (ViralZone, 2010).





**Şekil 4.** *Oryzavirus* virion yapısı ve örtü proteinlerinin görünümü (ViralZone, 2010).  
**Figure 4.** *Oryzavirus* virion structure and representation of coat proteins

#### 2.4. DNA Genomuna Sahip Virüslerin Örtü Proteinleri ve Fonksiyonları

Bitki virüslerinin çoğu RNA genomlu olmasına karşın birkaç familya üyesi virüs DNA genomludur. DNA genomuna sahip bitki patojeni virüsler Geminiviridae ve Caulimoviridae familyasında yer alır (Tablo 5).

Geminivirüslerin ORF'lerinin kodladığı örtü proteinleri viral genomu karakteristik ikiz partikül halinde kaplar (Şekil 5) ve genomu degradasyondan korur. Örtü proteinin virüsün dış kabuğunu oluşturmasına ilave olarak tüm tek komponentli Geminivirüslerin enfeksiyonu için gereklidir. Virüsün taşınma yeteneğinde ve böcek vektörlerine özelleşmesinde rol oynar (Hull, 2004; Agrios, 2006).

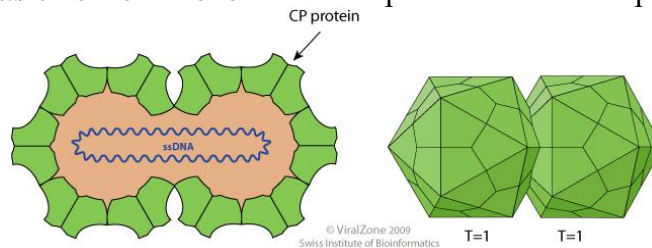
**Çizelge 5:** DNA genomuna sahip bitki patojeni virüslerin örtü proteinleri

**Tablo 5.** Coat proteins of plant pathogenic DNA viruses

Genom	Cins	Bölge/ protein	Büyüklik
dsDNA	<i>Caulimovirus</i>	ORF IV	57kDa
ssDNA Geminiviridae	<i>Begomovirus</i>	AV1, AR1	29kDa
	<i>Curtovirus</i>	V1	30kDa
	<i>Mastrevirus</i>	V1	27kDa
	<i>Topocuvirus</i>	V1	27kDa

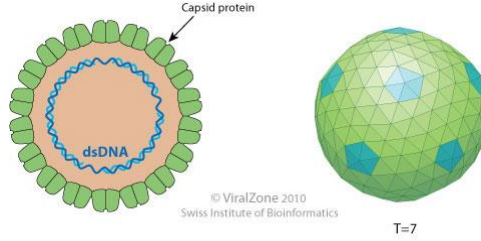
Ayrıca genomik tek iplikçikli DNA (ssDNA) hücre çekirdeğinin iç ve dış yüzeyinde hareket etmektedir. *Begomovirus* cinsi hariç, diğer bütün Geminivirüsler taşınma için örtü proteinlerine ihtiyaç duymaktadır. *Begomovirus* cinsi virüsler ise enfeksiyon, sistemik yayılma ve simptom oluşumu için örtü proteinlerini kullanmazlar (Hull, 2004).

Virüs yayılmasında CP için farklı koşullar oluşması ssDNA genomuna sahip Geminiviridae familyasında gözlemlenmiştir. *Masterovirus* cinsinin monopartit genomlu Geminivirüsleri hücreden hücreye taşınmada CP kullanır. Fakat bipartite virüsler, *begomovirus* gibi, CP kullanmaz. *Mastrevirus* örtü proteinin (CP) *begomovirus* BV1 ile fonksiyonel benzerliğe sahiptir. *Begomovirus* cinsi hem mono- hem de bipartite Geminivirus partikülü içerir.



**Şekil 5.** *Geminivirus* partikülünün virion yapısı ve örtü proteinini (ViralZone, 2010).  
**Figure 5.** *Geminivirus* virion structure and representation of coat proteins

Bitki patojeni dsDNA genomuna sahip virüslerden üzerinde en çok çalışılan cins *Caulimovirüs*'dür. Caulimovirüsün kodladığı 57K protein degradesyona uğrar ve 42 K protein açığa çıkar. Bu protein örtü proteini fonksiyonuna sahiptir ve virüsün dış kabuğunu oluşturur (Agrios, 2006). Örtü proteini viral genomu kapsitler ve degradesyondan korur. Yine RNA ve DNA ile etkileşim halinde olup genomun ters transkripsiyonunda rol oynar (ViralZone, 2010). *Cauliflower mosaic virus* (CaMV) örtü proteinleri iki tane nükleik asite bağlanma bölgesi içerir. Biri lizin amino asitince zengin bölge ve diğeri sistein-histidin bölgesini içerir. Bu bölgeler tamamlayıcı nükleik asit iplikçığının yapışmasını sağlamaktadır (Şekil 6) (Thompson veMelcher, 1993).



**Şekil 6.** *Caulimovirüs* partikülünün virion yapısı ve örtü proteinin yeri (ViralZone, 2010).  
**Figure 6.** *Caulimovirüs* virion structure and representation of coat proteins (ViralZone, 2010).

### 3. Sonuç

Son yıllarda virüs vektör ilişkileri ile ilgili biyolojik, biyokimyasal ve moleküler pek çok çalışma yapılmaktadır. Özellikle viral proteinlerin belirlenmesine yönelik yapılan moleküler çalışmalar, virüslerin bitkide hücre içinde çoğalması, bitki içinde hücreler arasında yayılması, sağlıklı bitkilere taşınması gibi viral enfeksiyonun tüm döngülerinde rol oynayan proteinlerin farklı olduğunu göstermiştir. Bunun yanında virüsün kodladığı bir proteinin viral döngünün pek çok aşamasında rol aldığı görülmüştür. Bugüne kadar yapılan çalışmalarda bitki patojeni virüslerin örtü proteinlerinin viral döngünün neredeyse her aşamasında yer aldığı belirlenmiştir.

Virüsler tarım yapılan alanlarda önemli verim kayıplarına yol açmaktadır. Günümüzde bitki patojeni virüslerin mücadelesi ile ilgili çalışmalar devam etmekte olup henüz etkin bir çözüm yolu bulunmamaktadır. Virüsler diğer bitki patojenlerine göre daha küçük genoma sahip olmalarına rağmen olumsuz koşullarda genomlarını çok çabuk değiştirme yeteneklerinden dolayı mücadeleleri zordur. Örtü proteinlerinin vektör ve konukçu bitki tarafından kodlanan proteinlerle olan etkileşimi ile ilgili bilgiler hala soru işaretleri barındırmaktadır. Ancak örtü proteinlerinin virüsün özellikle vektörlerle yayılmasındaki rolünün bilinmesi onlara karşı kullanılacak mücadele yöntemlerinin geliştirilmesinde başarıyı arttıracakı düşünülmektedir. Virüslerin kodlamış olduğu proteinlerin fonksiyonlarının daha detaylı çalışılması ve fonksiyonlarının binmesi bitki-virüs interaksiyonlarına açıklık getirecektir.

### Kaynaklar

- Agrios, G. N., 2005. PlantPathology. ElsevierAcademicPress. 922s. United States of America.  
Bol, J. F., 2005. Replication Of Alfamo- Andllarviruses: Role Of TheCoat Protein. Annurev.Phyto.43.101804.12050.  
Bol, J. F., 2008. Role of CapsidProteins.Methods in MolecularBiology, Vol. 451, PlantVirologyProtocols: 21. FromViralSequenceto Protein FunctionEditedby G.D. Foster, I.E. Johansen, Y. Hong, and P.D. Nagy.

- Callaway, A., Giesman-Cookmeyer, D., Gillock, E. T., Sit, T. L. and Lommel, S. A., 2001. The Multifunctional Capsid Proteins Of Plant Rna Viruses. *Annu. Rev. Phytopathol.* 39:419–60.
- Graham, S. C., Assenberg, R., Delmas, O., Verma, A., Gholami, A., Talbi, C., Owens, R. J., Stuart, D. I., Grimes, J. M., Bourhy, H., 2008. Rhabdovirus Matrix Protein Structures Reveal a Novel Mode of Self-Association. *PLoS Pathog* 4(12).
- Hull, R., 2004. *Matthews' Plant Virology*. Academic Press, New York. 1001s.
- Khan, J. A. and Dijkstra, J., 2006. *Handbook of Plant Virology*. Food Product Press, New York
- Tsompana M, Abad J, Purugganan M, Moyer JW., 2005. The molecular population genetics of the Tomato spotted wilt virus (TSWV) genome. *Mol Ecol. Jan*;14(1):53-66.
- Viralzone 2010. [http://expasy.org/viralzone/all\\_by\\_species/82.html](http://expasy.org/viralzone/all_by_species/82.html). 2010.
- Yılmaz, M. A., Çığsar, İ., 2007. *Viroloji*. Çukurova Üniversitesi Basımevi. Adana, s. 281.
- Yi, G., Vaughan R. C., Yarbrough I., Dharmiah, S. and Cheng Kao, C., 2009. RNA Binding by the Brome Mosaic Virus Capsid Protein and the Regulation of Viral RNA Accumulation. *J. Mol. Biol.* 391, 314–326.