

## Güney Marmara Bölgesi Kabakgil Üretim Alanlarında Cucumis melo endornavirus Enfeksiyonunun Belirlenmesi ve İzolatların Moleküler Karakterizasyonu

Ali KARANFİL<sup>1\*</sup>, Filiz RANDA-ZELYÜT<sup>2</sup>, Savaş KORKMAZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Çanakkale

<sup>2</sup>Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi, Ziraat ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Bilecik

\*Sorumlu Yazar: [ali.karanfil@hotmail.com](mailto:ali.karanfil@hotmail.com)

Geliş Tarihi: 17.07.2023 Düzeltme Geliş Tarihi: 28.08.2023 Kabul Tarihi: 28.08.2023

### ÖZ

Son yıllarda, kabakgillerde enfeksiyona neden olan ve tanısı yapılan virüs hastalıklarından biri de cucumis melo endornavirus (CmEV)'dir. Virüs, ülkemizde sınırlı bir alanda tespit edilmiş olup etmenin diğer üretim bölgelerindeki varlığı ve genetik çeşitliliğine yönelik gerçekleştirilmiş bir çalışma bulunmamaktadır. Bu bağlamda, bu çalışma Güney Marmara bölgesindeki CmEV varlığının ve izolatlarının genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amacı ile yürütülmüştür. Güney Marmara bölgesini oluşturan illerdeki kabakgil üretim alanlarından virüs ve virüs-benzeri belirti gösteren 71 örnek alınmıştır. Alınan örnekler gen spesifik primerler kullanılarak reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) yöntemi ile testlenmiştir. Testlemeler sonucunda, toplanan örneklerin 31 tanesi CmEV ile enfekteli bulunmuştur. Etmenin enfeksiyonu tespit edilen kabakgil türleri ise kavun, kabak, karpuz, hıyar ve acurdur. CmEV enfeksiyonu tespit edilen hıyar ve kabak bitkileri ülkemizde yeni konukçu kaydı niteliğinde olup, karpuz bitkisinde tespit edilen CmEV enfeksiyonu ise dünya için yeni bir konukçu kaydı niteliği taşımaktadır. Elde edilen izolatlar arasından seçilen 6 izolatın moleküler karakterizasyonu sonucunda ise izolatların genel olarak birbirleri ile nükleotit ve amino asit düzeyinde %91 ve üstü sekans benzerlikleri gösterdikleri belirlenmiştir. Filogenetik analizler sonucunda ise Türk izolatlarının büyük bir kısmının dünya izolatlarından farklı bir filogenetik grupta olduğu görülmüştür. Gerçekleştirilen bu çalışma ile ülkemizde CmEV tespit edilen alanların ve kabakgil türlerinin arttığı belirlenmiştir.

**Anahtar kelimeler:** Kabakgil, CmEV, yeni konukçu

## Detection of Cucumismeloendornavirus Infection in South Marmara Region of Turkey and Molecular Characterization of Isolates

### ABSTRACT

Cucumis melo endornavirus (CmEV) is one of the viral diseases that cause infection in cucurbits in recent years. The virus has been detected in a limited area in Turkey, and no study has been conducted on the causal agent's presence and genetic diversity in other production regions. This study was conducted in this context to find out the presence of CmEV infection in the Southern Marmara region, as well as their genetic diversity. Seventy-one samples showing virus and virus-like symptoms were collected from the cucurbit cultivation fields in the provinces forming the Southern Marmara region. Reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) was used to analyze the samples using a gene-specific primer. The testing revealed that CmEV was present in 31 of the samples that were collected. Melon, zucchini, watermelon, cucumber, and gherkins are among the cucurbit species where the infection has been found. CmEV infection detected in cucumber and zucchini plants is a new host report for Turkey, and CmEV infection detected in watermelon plants is a new host report for the world. As a result of the molecular characterization of 6 isolates selected from among the isolates obtained, it was determined that the isolates generally showed sequence similarity of 91% and above at the nucleotide and amino acid levels. As a result of the phylogenetic analysis, it was seen that most of the

Turkish isolates were in a different phylogenetic group from the world isolates. With this study, it was determined that the areas and cucurbit species in which CmEV detected increased in Turkey.

**Key words:** Cucurbit, CmEV, new host

## GİRİŞ

Türkiye ekolojik açıdan oldukça geniş bir ekolojik çeşitliliğe sahiptir. Bu ekolojik çeşitlilik sayesinde de çok farklı sayıda bitkinin kültürü yapılmaktadır (Çat ve ark., 2016). Kültürü yapılan bu bitkilerden bazıları da Cucurbitaceae familyası içinde yer alan kabakgillerdir. Bu familya içinde yaklaşık 119 cins ve 825 tür bulunmaktadır (Andres 2004). Kavun (Cucumis melo), hıyar (Cucumis sativus), karpuz (Citrullus vulgaris), acur (Cucumis anguria) ve kabak (Cucurbita spp.) bu familyada bilinen önemli kültür bitkisi türleridir (Günay, 1993). Dünyanın neredeyse her bölgesinde bu bitkilerin kültürü yapılmakta ve üreticisine ekonomik olarak önemli girdiler sağlamaktadır. Ekonomik açıdan oldukça önemli olan bitki grubunda hastalık oluşturarak ekonomik kayıplara neden olan çok sayıda virüs hastalığı bulunmaktadır (Zitter ve ark., 1996). Bu virüs hastalıklarına her geçen gün yenisi eklenmekte ve kabakgil üretimini tehdit etmektedirler. Kabakgilleri enfekte eden virüslerden bazıları yaygın olarak çalışılırken, yeni bulunan bazı virüslerin ise enfeksiyonlarının ne derecede önemli ve yaygın olduğu ise bilinmemektedir. Ülkemizde gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda kabakgillerde enfeksiyon meydana getiren çok sayıda virüs hastalığı tanımlanmıştır (Köklü ve Yılmaz, 2006; Kamberoglu ve ark., 2016; Güller ve Usta, 2020; Karanfil, 2022). Bunlar arasından en yaygın olarak tespit edilen virüslerden bazılarının zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus ve cucumber mosaic virus (Topkaya ve ark., 2019; Yeşil, 2021; Karanfil ve Korkmaz, 2021) olduğu bildirilmiştir. Kabakgillerde enfeksiyon meydana getirdiği son yıllarda tanımlanan virüs hastalıklarından bir tanesi de cucumis melo endornavirus (CmEV)'dur. CmEV bitki ve fungusları enfekte eden endornavirus familyasının bir üyesidir. CmEV, 15 kb civarı büyüklükte nükleotid içeren +ssRNA genomuna sahiptir (Varverde ve ark., 2019). CmEV varlığı şimdiye kadar sadece Ekvator, Brezilya ve ABD'den bildirilmiştir (Quito-Avila et al., 2014; Sabanadzovic ve ark., 2016; Da Costa ve ark., 2019). Ayrıca 2006 yılında CmEV genomuna yakın büyüklükte dsRNA bantlarının kavun bitkisinden dsRNA analizi ile elde edildiği de bildirilmiştir (Fukuhara ve ark., 2006). Etmenin Türkiye'deki varlığı ilk olarak Karanfil ve Korkmaz (2020) tarafından Manisa ve İzmir illerinde tespit edilmiştir. Ülkemizdeki diğer kabakgil üretim alanlarındaki varlığı ile ilgili herhangi bir kayıt bulunmamaktadır. Bu amaçla Güney Marmara bölgesini oluşturan Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illeri kabakgil üretim alanlarında arazi çalışmaları gerçekleştirilerek etmenin varlığı ve elde edilen izolatların kısmi genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

## MATERYAL ve METOT

### Arazi Çalışmaları

Çalışma kapsamında kullanılan kabakgil örnekleri, Türkiye'nin Güney Marmara bölgesini oluşturan Çanakkale, Balıkesir ve Bursa illeri ve ilçeleri kabakgil üretim alanlarından alınmıştır. Belirtilen alanlara 2021 yılı içerisinde yaz aylarında arazi çıkışları yapılarak virüs ve virüs benzeri belirti gösteren kabakgil bitkilerinden bitkinin büyüklüğüne göre yaprak ve/veya tamamı olacak şekilde örneklemeler yapılmıştır. Kabakgil örneklerinin yetiştirildiği alanlar tesadüfi olarak seçilmiş ve yalnız virüs ve virüs benzeri simptom gösteren bitkilerden 71 örnek alınmıştır. Aynı tarlada benzer simptom görülmesi durumunda sadece 3 bitkiden örnek alınmıştır. Alınan örnekler silika jel içerisinde buz kutusunda laboratuvara getirilmiştir.

### Virüs Tanılama Çalışmaları

Toplanan örneklerdeki CmEV varlığı RT-PCR ile virüs spesifik primer çifti kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla ilk olarak toplanan örneklerden CTAB metodu ile total nükleik asit (TNA) izolasyonu yapılmıştır (Li ve ark., 2008). Elde edilen TNA'lar agaroz jel elektroforezinde (100V'da 45 dk) kontrol edildikten sonra, kullanılabilecek kadar -80°C'de muhafaza edilmiştir. Elde edilen TNA'lardaki CmEV varlığının belirlenmesi amacı ile ilk olarak RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kit (Thermo Scientific™, USA) kullanılarak complimentary DNA (cDNA)'lar sentezlenmiştir. Daha sonra EmeraldAmp® Max PCR Master Mix (Takara, Japon) kullanılarak Quito-Avila ve ark. (2014)'nin belirttiği CmEV'nin polyprotein gen bölgesinin 412bp'lik bölgesine spesifik primer çifti ve PCR amplifikasyon koşulları kullanılarak toplanan örneklerdeki CmEV varlığı araştırılmıştır.

### Biyoinformatik Analizler

Enfekteli bulunan örnekler içerisinde her bir ilden 2 izolat olacak şekilde toplamda 6 izolat elde edildikleri konukçu türler göz önünde bulundurularak seçilmiştir (Çizelge 1). Seçilen örneklerle ait RT-PCR

ürünleri E.Z.N.A.<sup>®</sup> CyclePure Kit (OmegaBio-Tek, ABD) kullanılarak pürifiye edilmiş ve BM Labosis (Ankara) firmasından hizmet alımı yolu ile sekanslanması sağlanmıştır.

Çizelge 1. Moleküler karakterizasyon çalışmaları amacı ile seçilen cucumis melo endornavirus izolatlarına ait bilgiler

İzolat Kodu	Elde Edildiği İl	Konukçu	Gen Bankası Erişim Numarası
CmEV_4_Çanakkale	Çanakkale	Kabak	OR259404
CmEV_94_Çanakkale	Çanakkale	Kavun	OR259405
CmEV_169_Balıkesir	Balıkesir	Hıyar	OR259406
CmEV_135_Bursa	Bursa	Kabak	OR259407
CmEV_65_Balıkesir	Balıkesir	Karpuz	OR259408
CmEV_152_Bursa	Bursa	Kavun	OR259409

Elde edilen sekans verileri kullanılarak nükleotit ve amino asit düzeyinde CmEV izolatlarının hem kendi içinde hem de gen bankasında diğer Türk ve dünya izolatları ile göstermiş oldukları benzerlik oranları SDTv1.3 programında (Muhire ve ark., 2014) ve filogenetik ilişkileri CLC Main WorkBench 20 paket programı (Qiagen, Kanada) kullanılarak araştırılmıştır (Çizelge 2). Filogenetik ağaç neighbor-joining metodu ve Kimura 80 parametresi ile 1000 tekrarlı bootstrap değeri kullanılarak oluşturulmuştur. Ayrıca filogenetik analizler bell pepper endornavirus (BPEV) dış grup olarak ağacın doğruluğunu arttırmak amacıyla kullanılmıştır.

Çizelge 2. Biyoinformatik analizlerde gen bankasından çekilerek kullanılan izolatlara ait bilgiler

İzolat Kodu	Elde Edildiği İl	Konukçu	Gen Bankası Erişim Numarası
CL-01	ABD	Kavun	KT727022
SJ1	Güney Kore	Kavun	KX641269
BRA/TO-23/2014	Brezilya	-	MH365458
BRA/TO-74/2010	Brezilya	-	MH365459
MAN_2	Türkiye	Kavun	MN985120
MAN_22	Türkiye	Acur	MN985121
MAN_25	Türkiye	Kavun	MN985122
IZM_7	Türkiye	Acur	MN985123
IZM_36	Türkiye	Kavun	MN985124

## BULGULAR ve TARTIŞMA

Çalışma kapsamında virüs ve virüs benzeri simptom gösteren toplam 71 kabakgil bitkisi toplanmıştır. Toplanan örnek sayılarının illere göre dağılımı ise Çanakkale’de 23, Balıkesir’de 26 ve Bursa’da 22’dir. Toplanan örneklerin kabakgil tür düzeyinde dağılımı ise 24 tanesi kavun, 12 tanesi kabak, 25 tanesi karpuz, 2 tanesi hıyar ve 8 tanesi de acurdur. Toplanan 71 örneğin 31 tanesinde CmEV enfeksiyonu belirlenmiştir. Genel olarak CmEV ile enfekteli örnek sayıları ise en fazla kavunlarda görülürken, en az ise acur ve hıyar bitkilerinde belirlenmiştir (Çizelge 3). Daha önceden gerçekleştirilen farklı bir çalışmada CmEV enfeksiyonunun en fazla kavunlarda görüldüğünün bildirilmesi de elde edilen sonuçları destekler niteliktedir (Quito-Avila ve ark., 2014).

Çizelge 3. Güney Marmara bölgesi kabakgil üretim alanlarından toplanılan ve cucumis melo endornavirus ile enfekteli olarak bulunan örnek sayıları (E: Enfekteli, T: Toplam)

Kabakgil Türleri	İller						Toplam	
	Çanakkale		Balıkesir		Bursa		E	T
	E	T	E	T	E	T		
Kavun	7	8	7	9	7	7	21	24
Hıyar	-	-	1	2	-	-	1	2
Kabak	2	5	1	4	1	3	4	12
Karpuz	-	6	3	7	1	12	4	25
Acur	1	4	-	4	-	-	1	8
Toplam	10	23	12	26	9	22	31	71

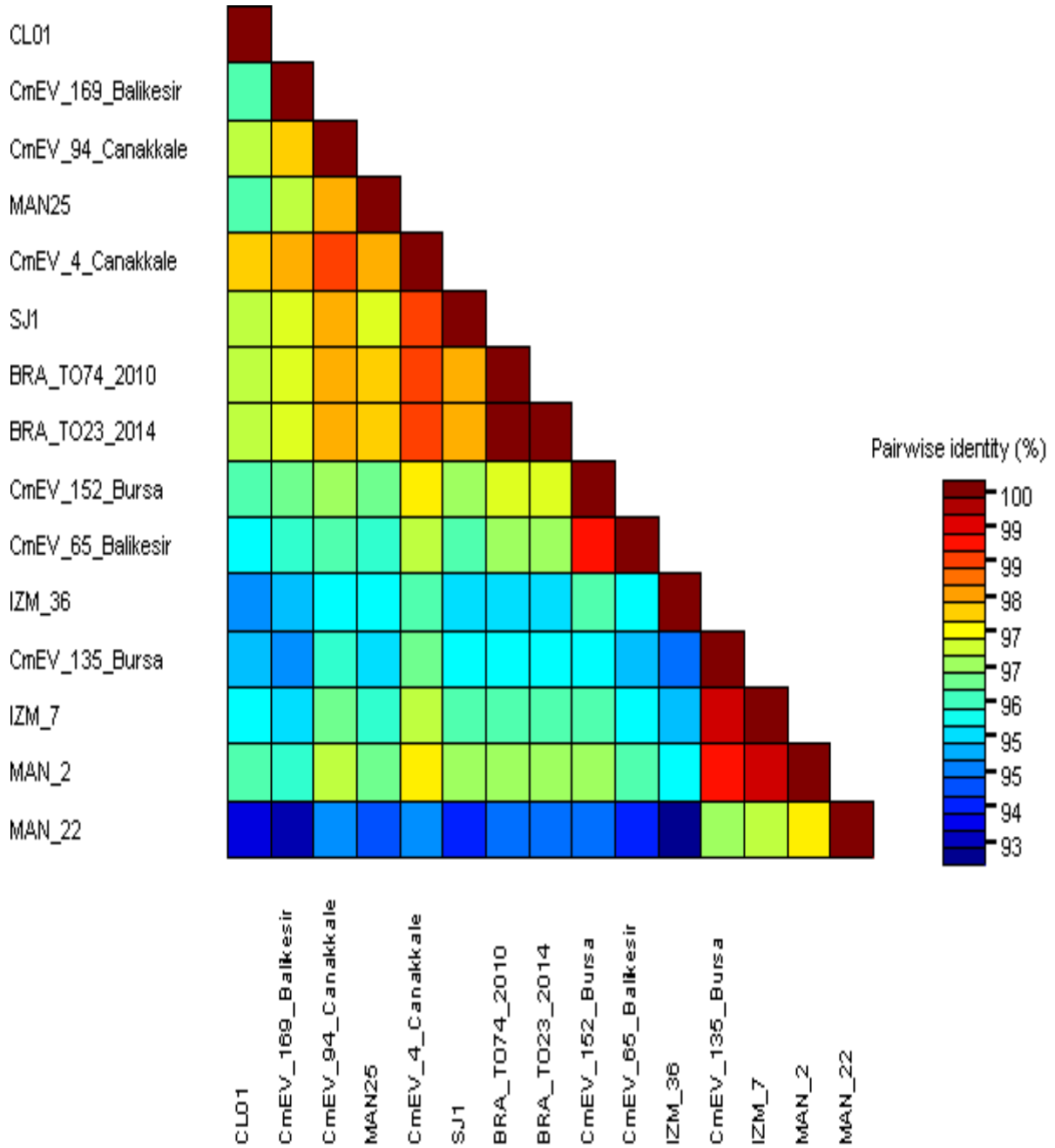
Dünyada yapılan çalışmalar sonucunda da etmenin konukçuları arasında kavun (QuitoAvila ve ark., 2014; Zeng ve ark., 2020), hıyar (OL957256) ve kabak (OL957255) bitkilerini enfekte ettiği bildirilmiştir. Ülkemizde CmEV ile ilgili olarak yapılan ilk çalışma kapsamında ise etmenin varlığı kavun ve acur bitkilerinde tespit edilmiş,

ayrıca acur CmEV için dünyada ilk kez yeni bir konukçu olarak bulunmuştur (Karanfil ve Korkmaz, 2020). Bu çalışma kapsamında elde edilen sonuçlar neticesinde ise ülkemizde CmEV'nin kavun ve acurdaki enfeksiyonlarına ilaveten hıyar, kabak ve karpuz bitkilerinin de etmenin konukçusu olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca CmEV enfeksiyonu tespit edilen hıyar ve kabak bitkilerinde ülkemizde yeni konukçu kaydı niteliğinde olup, karpuz bitkisinde tespit edilen CmEV enfeksiyonu ise dünya için yeni bir konukçu kaydı niteliği taşımaktadır. Toplanan örneklerin hepsinde en yaygın olarak görülen semptom tipi ise şiddetli mozaik olarak gözlenmiştir (Şekil 1). Ancak toplanan örneklerin neredeyse yarısından fazlasında CmEV enfeksiyonu tespit edilmemesinden dolayı gözlenen bu belirtilere kabakgilleri enfekte eden diğer virüslerin neden olabileceği düşünülmektedir. Ayrıca endornavirusların konukçularında asimptomatik olarak da buldukları bilindiği için genel olarak kabakgillerde CmEV'ye özgü bir semptom tipinden bahsetmenin doğru olmayacağı düşünülmektedir. Nitekim bölgede daha önce gerçekleştirilen başka bir çalışmada CMV enfeksiyonu da tespit edilmiştir (Karanfil ve Korkmaz, 2021). Dünyada gerçekleştirilen diğer çalışmalarda ise CmEV'nin özellikle kabakgilleri enfekte eden diğer önemli viral etmenler olan watermelon mosaic virus ve zucchini yellow mosaic virus ile karışık enfeksiyonlar halinde bulunduğu bildirilmiştir (Tomašechová ve ark., 2022). Ayrıca CmEV'nin kabakgilleri enfekte eden cucumis melo amalgavirus (CmAV1) ile de karışık enfeksiyonlar halinde bulunabileceği bildirilmiştir (Adeleke ve ark., 2022).



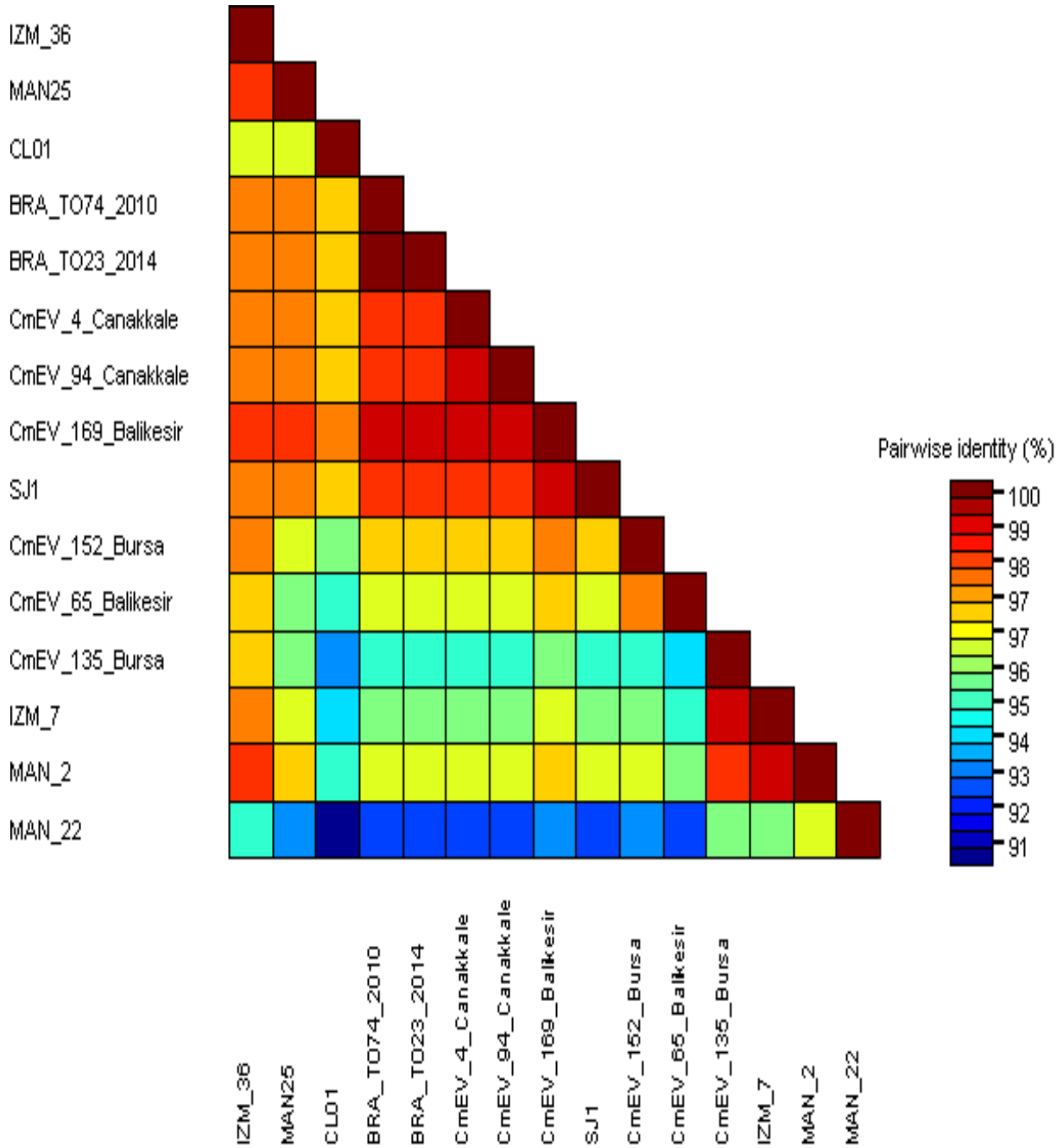
Şekil 1. Cucumis melo endornavirus ile enfekteli olduğu tespit edilen kavun bitkinde gözlenen şiddetli mozaik belirtiler

Elde edilen izolatların moleküler karakterizasyonları amacı ile yürütülen sekans benzerlik analizleri sonucunda 6 Türk izolatının birbirleri ile nükleotit düzeyinde %93 ve üzeri benzerlik oranlarına sahip olduğu görülmüştür. Türk izolatları arasında nükleotit düzeyinde en fazla benzerlik oranı CmEV\_135\_Bursa izolatu ile MAN\_2 izolatu arasında %99 ile belirlenirken, birbirlerine en uzak Türk izolatları ise MAN\_22 ile IZM\_36 arasında %93 ile belirlenmiştir. Ayrıca genel olarak MAN\_22 izolatının biyoinformatik analizlerde kullanılan tüm izolatlar ile en düşük benzerlik oranı gösterdiği görülmüştür. Bu izolat hariç diğer CmEV izolatlarının birbirleri ile nükleotit düzeyinde gösterdikleri benzerlik oranları %96 ve üstü olarak gerçekleşmiştir (Şekil 2).



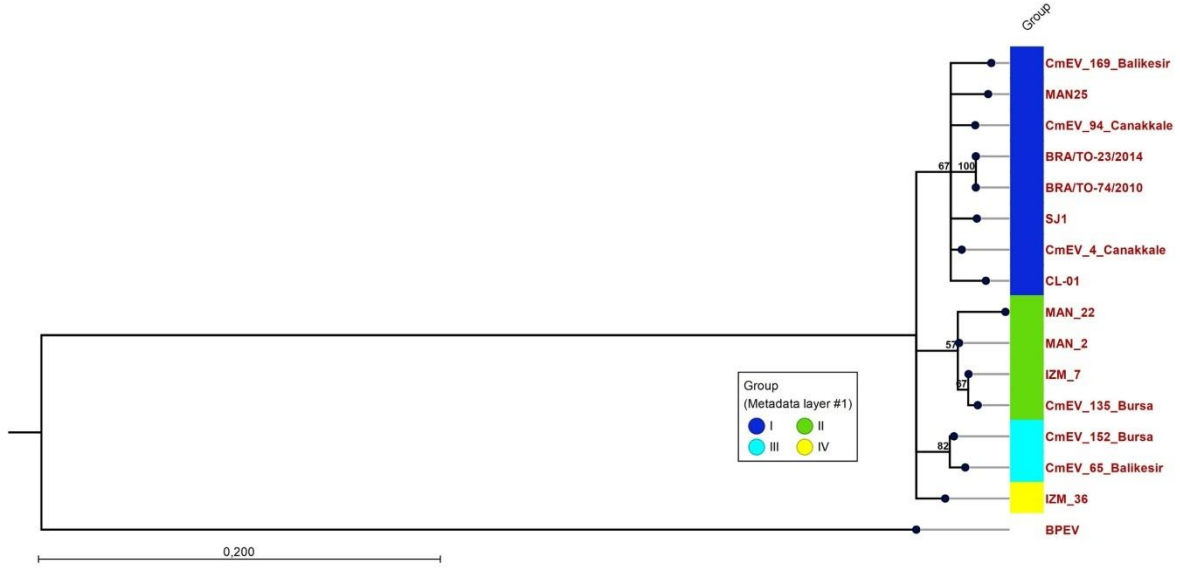
Şekil 2. Cucumis melo endornavirus izolatlarının nükleotit düzeyinde birbirleri ile göstermiş oldukları sekans benzerlik oranları

CmEV izolatlarının amino asit düzeyindeki sekans benzerlik oranlarının belirlenmesi amacı ile gerçekleştirilen analizler sonucunda ise izolatların birbirleri ile %91 ve üstü benzerlikler gösterdiği belirlenmiştir. Birbirleri ile en yüksek sekans benzerliğine sahip Türk izolatları %99 sekans benzerlik oranları ile CmEV\_169\_Balikesir, CmEV\_94\_Canakkale ve CmEV\_4\_Canakkale izolatları arasında tespit edilmiştir. Nükleotit düzeyinde olduğu gibi MAN\_22 izolatu diğer tüm CmEV izolatları ile en düşük sekans benzerliğine sahip olan izolat olarak tespit edilmiştir (Şekil 3).



Şekil 3. Cucumis melo endornavirus izolatlarının amino asit düzeyinde birbirleri ile göstermiş oldukları sekans benzerlik oranları

CmEV izolatlarının moleküler karakterizasyonları amacı ile daha önceden gerçekleştirilen çalışmalar sonucunda da izolatların birbirleri ile %6-10 arasında sekans farklılıkları gösterebileceği belirtilmiştir (Sabanadzovic ve ark., 2016; Karanfil ve Korkmaz, 2020). Bu bağlamda bu çalışma kapsamında elde edilen sonuçlar daha önceki çalışmalara paraleldir. İzolatların filogenetik analizleri sonucunda ise 4 grubun oluştuğu görülmüştür. Bu grupların birincisi içerisinde dünyanın farklı bölgelerinden elde edilen ve gen bankasından çekilen izolatlar ile bu çalışma kapsamında elde edilen izolatlardan CmEV\_139\_Balikesir, CmEV\_94\_Canakkale ve CmEV\_4\_Canakkale yer almaktadır. İkinci filogenetik grupta ise daha önceden ülkemizden elde edilen MAN\_22, MAN\_2 ve IZM\_7 izolatları ile bu çalışma kapsamında elde edilen izolatlardan CmEV\_135\_Bursa izolatı yer almaktadır. Üçüncü filogenetik grupta ise sadece bu çalışma kapsamında elde edilen izolatlardan CmEV\_152\_Bursa ve CmEV\_65\_Balikesir izolatları yer almıştır. Son grupta ise yine ülkemizden daha önceden elde edilmiş olan IZM\_36 tek olarak yer almıştır (Şekil 4).



Şekil 4. Cucumis melo endornavirus izolatlarının nükleotit düzeyinde birbirleri ile göstermiş oldukları filogenetik ilişkiler

Gerçekleştirilen filogenetik analiz sonucunda da CmEV izolatlarının kullanılan kısmi polyprotein gen bölgesine (412 bç) göre net olmamakla birlikte dünyanın farklı bölgelerinden elde edilen izolatlardan farklı bir grup oluşturma eğiliminde olduğu görülmektedir. Ayrıca ülkemiz izolatlarının farklı konukçulardan elde edilmesine rağmen, konukçunun CmEV izolatlarının filogenetik ilişkilerinde rol oynamadığı düşünülmektedir. Ülkemizde CmEV enfeksiyonunun ilk bildirildiği çalışma izolatların coğrafik orijinlerinin filogenetik ilişkilerde rol oynamadığı düşünüldüğü bildirilmesine rağmen (Karanfil ve Korkmaz, 2020), ülkemizdeki izolat varlığının artması ile Türk izolatlarının ayrı bir gruplanma oluşturduğu görülmektedir (Şekil 4). Ancak kesin olgulara ulaşmak için daha fazla izolat ve daha büyük gen bölgesine ait sekans verileri kullanılarak popülasyon genetiği analizleri ile daha detaylı çalışmaların yapılması gerektiği düşünülmektedir.

## SONUÇ ve ÖNERİLER

Gerçekleştirilen bu çalışma ülkemizde CmEV enfeksiyonunun bugüne kadar tespit edilenden çok daha fazla yaygın olduğu belirlenmiştir. Etmenin enfeksiyonunun en çok kavunlarda görüldüğü tespit edilmesine rağmen, ülkemizdeki konukçu genişliğinin giderek arttığı görülmüştür. Nitekim bu çalışma ile ülkemizde ilk kez hiyar ve kabak bitkisinde, dünyada ise ilk kez karpuz bitkisinde etmenin enfeksiyonu tespit edilmiştir. Bundan sonra yapılacak çalışmalarda özellikle daha fazla izolat ve daha büyük gen bölgeleri kullanılarak biyoinformatik analizler ile etmenin ülkemizdeki popülasyon yapısının aydınlatılması gerektiğine inanılmaktadır. Ayrıca her ne kadar endornavirusların konukçularında asimptomatik olarak da bulunabileceği bilinmesine rağmen, karışık enfeksiyonlarda kabakgillerde ciddi verim kayıplarına neden olan diğer virüsler ile sinerjistik etkisinin olup olmadığı araştırılmalıdır.

**Çıkar Çatışması Beyanı:** Makale yazarları aralarında herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederler.

**Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti:** Yazarlar makaleye eşit oranda katkı sağlamış olduklarını beyan ederler.

## YAZAR ORCID NUMARALARI

Ali KARANFİL  <https://orcid.org/0000-0002-4503-6344>

Filiz RANDA-ZELYÜT  <http://orcid.org/0000-0002-1366-4389>

Savaş KORKMAZ  <http://orcid.org/0000-0001-8227-3800>

## KAYNAKLAR

- Adeleke, I. A., Kavalappara, S. R., McGregor, C., Srinivasan, R. ve Bag, S. 2022. Persistent, and asymptomatic viral infections and whitefly-transmitted viruses impacting cantaloupe and watermelon in Georgia, USA. *Viruses*, 14(6): 1310.
- Andres, T. C. 2004. Diversity in tropical pumpkin (*Cucurbitamoschata*): a review of infraspecific classifications. *Progress in Cucurbit Genetics and Breeding Research. Proc. of Cucurbitaceae*, 107-112.
- Çat, A., Yardımcı, N. ve Kılıç, H. Ç. 2016. Antalya İli ve İlçelerindeki Örtüaltı Hıyar (*Cucumissativus* L.) ve Kabak (*Cucurbitapepo* L.) Üretim Alanlarında Viral Etmenlerin Saptanması. *Süleyman Demirel Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 20(1): 129-132.
- Güller, A. ve Usta, M. 2020. Occurrence of Cucumber mosaic cucumovirus and watermelon mosaic potyvirus on melon exhibiting viral symptoms in Bingöl province of Turkey and their phylogenetic affinities. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 7(4): 948-958.
- Günay, A. 1993. Özel Sebze Yetiştiriciliği. Cilt V, Ankara-Türkiye.
- Kamberoglu, M. A., Caliskan, A. F. ve Desbiez, C. 2016. Current status of some cucurbit viruses in Çukurova region (Adana and Mersin provinces) of Turkey and molecular characterization of zucchini yellow mosaic virus isolates. *Romanian Biotechnological Letters*, 21(4), 11709.
- Karanfil, A. 2022. Marmara bölgesi kabak üretim alanlarında tobacco mosaic virus izolatlarının yaygınlığı ve moleküler karakterizasyonu. *Journal of Advanced Research in Natural and Applied Sciences*, 8(2): 163-170.
- Karanfil, A. ve Korkmaz, S. (2020). First Report of Cucumis Melo Endornavirus With a New Host, the Gherkin (*Cucumis Anguria* Linn.), in Turkey. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 21(1): 63-67.
- Karanfil, A. ve Korkmaz, S. 2021. Güney Marmara Bölgesi kabakgöl üretim alanlarında cucumber mosaic virus enfeksiyonunun tespiti ve kılıf protein gen diziliminin filogenetik analizi. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 58(2): 239-246.
- Köklü, G. ve Yılmaz, Ö. 2006. Occurrence of cucurbitviruses on field-grown melon and watermelon in the Thrace region of Turkey. *Phytoprotection*, 87(3); 123-130.
- Li, R., Mock, R., Huang, Q., Abad, J., Hartung, J. ve Kinard, G., 2008. A reliable and inexpensive method of nucleic acid extraction for the PCR-based detection of diverse plant pathogens. *Journal of Virological Methods*, 154(1-2): 48–55.
- Muhire, B.M., Varsani, A. ve Martin, D.P. 2014. SDT: A virus classification tool based on pairwise sequence alignment and identity calculation. *PLoSOne*, 9: 0108277.
- Tomašechová, J., Olmos, A., Ruiz-García, A. B., Canales, C., Mrkvová, M., ve Glasa, M. (2022). First report of Cucumis melo endornavirus infecting Cucurbitaceae plants in Slovakia. *Journal of Plant Pathology*, 104(3), 1179-1180.
- Topkaya, S., Desbiez, C. ve 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.
- Yeşil, S. (2021). Detection and molecular characterization of viruses infecting edible seed squash in Turkey. *Journal of Plant Diseases and Protection*, 128(5): 1341-1355.