

T. C.  
BİLECİK ŐEYH EDEBALI ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĐİTİM ENSTİTÜSÜ  
BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**FASULYE YETİŐTİRİLEN FARKLI TOPRAK ÖRNEKLERİNDE VİRAL  
ÇEŐİTLİLİĐİN ARAŐTIRILMASI VE BAKTERİYEL FASULYE  
HASTALIKLARINA KARŐI POTANSİYEL BAKTERİYOFAJLARIN  
TANIMLANMASI**

DOKTORA TEZİ

BURCU ÖZMEN

TEZ DANIŐMANI

PROF. DR. İSMAİL POYRAZ

BİLECİK, 2025

10733641

T. C.  
BİLECİK ŐEYH EDEBALI ÜNİVERSİTESİ  
LİSANSÜSTÜ EĐİTİM ENSTİTÜSÜ  
BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

**FASULYE YETİŐTİRİLEN FARKLI TOPRAK ÖRNEKLERİNDE VİRAL  
ÇEŐİTLİLİĐİN ARAŐTIRILMASI VE BAKTERİYEL FASULYE  
HASTALIKLARINA KARŐI POTANSİYEL BAKTERİYOFAJLARIN  
TANIMLANMASI**

DOKTORA TEZİ

BURCU ÖZMEN

TEZ DANIŐMANI

PROF. DR. İSMAİL POYRAZ

BİLECİK, 2025

10733641

## BEYAN

### “Fasulye Yetiştirilen Farklı Toprak Örneklerinde Viral Çeşitliliğin Araştırılması ve Bakteriye Fasulye Hastalıklarına Karşı Potansiyel Bakteriyofajların Tanımlanması”

adlı doktora tezi hazırlık ve yazımı sırasında bilimsel araştırma ve etik kurallarına uyduğumu, başkalarının eserlerinden yararlandığım bölümlerde bilimsel kurallara uygun olarak atıfta bulunduğumu, kullandığım verilerde herhangi bir tahrifat yapmadığımı, tezin herhangi bir kısmının Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi veya başka bir üniversitede başka bir tez çalışması olarak sunulmadığını, aksinin tespit edileceği muhtemel durumlarda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Bu çalışmanın, Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP), TÜBİTAK veya benzeri kuruluşlarca desteklenmesi durumunda; projenin ve destekleyen kurumun adı proje numarası ile birlikte, ETİK KURUL onayı alınması durumunda ise ETİK KURUL tarih karar ve sayı bilgilerinin beyan edilmesi gerekmektedir.			
<b>DESTEK ALINMIŞTIR</b>	X	<b>DESTEK ALINMAMIŞTIR</b>	
<b>Destek alındı ise;</b>			
<b>Destekleyen kurum; Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi-BAP</b>			
<b>Desteğin Türü</b>		<b>Proje Numarası</b>	
<b>1- BAP (Bilimsel Araştırma Projesi)</b>		2022-01.BŞEÜ.01-01	
Diğer;..... .....			
<b>ETİK KURUL onayı var ise;</b>			
<b>ETİK KURUL karar tarih/sayı:</b>		...../..... .....	

**Burcu Özmen**

**Tarih**

.....

**İmza**

.....

## ÖN SÖZ

Doktora çalışmamda ve derslerimde bana danışmanlık ederek, beni yönlendiren ve her türlü olanağı sağlayan, desteğini hiçbir zaman esirgemeyen saygıdeğer danışman Hocam Prof. Dr. İsmail POYRAZ 'a sonsuz teşekkürü bir borç bilirim.

Çalışmalarım esnasında kıymetli bilgi ve desteklerini esirgemeyen ve yolumu aydınlatan Sayın Hocam Prof. Dr. Emel SÖZEN' e, tez çalışmam boyunca bilgisi ve her daim pozitif yaklaşımı ile bana çalışma gücü veren Sayın Hocam Doç. Dr. Zerrin PAT'a teşekkürlerimi arz ederim.

Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi Biyoteknoloji laboratuvarındaki çalışmalarımda yardımcı olan Uzm. Burcu YANIK YILMAZ' a, Zeynep Selen SOYLU' ya teşekkürlerimi ve saygılarımı sunarım.

Hayatım boyunca ve tez çalışmamda yanımda olan ve bugünlere ulaşmamı sağlayan Annem Hanife BOZ, Babam Vedat BOZ ve Kardeşim Burak BOZ' a teşekkürlerimi sunarım. Çalışmamın her aşamasında fedakârca yanımda olan eşim Özgür ÖZMEN'e içten teşekkürlerimi sunarım.

Doktora çalışma sürecimde bana her türlü imkan ve olanaktan yararlanma fırsatı veren Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi hocalarına ve personeline, Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nde Dr. Evren ATMACA' ya, Zirai Mücadele Merkez Araştırma Enstitüsü'nde Dr. Kamil DUMAN' a ve tüm Enstitü çalışanlarına teşekkürlerimi sunarım.

**Burcu Özmen**

**2025**

## ÖZET

### FASULYE YETİŞTİRİLEN FARKLI TOPRAK ÖRNEKLERİNDE VİRAL ÇEŞİTLİLİĞİN ARAŞTIRILMASI VE BAKTERİYEL FASULYE HASTALIKLARINA KARŞI POTANSİYEL BAKTERİYOFAJLARIN TANIMLANMASI

Fasulye (*Phaseolus vulgaris*), tüm dünyada yaygın tüketilen önemli bir besin kaynağıdır. Ülkemizde de bakliyatlar arasında en fazla tercih edilen tarım ürünüdür. Tüm bitkilerde olduğu gibi fasulye üretiminde de farklı toprak, iklim ve çevre koşullarının etkisi önemlidir. Tarım ürünlerinin ortak sorunlarından biri olan bitki hastalıkları, üretimde ciddi kayıplara neden oldukları için hem ekonomik hem de sağlık açısından potansiyel bir tehdit olarak görülmektedirler. Bu hastalıklar içinde viral, bakteriyel ve fungal kökenli hastalıklar önde gelir. Toprakların farklı içerik ve yapılarına göre farklı viral çeşitliliğe sahip olduğu bilinmektedir. Bu çeşitlilik patojen virüsleri içerebildiği gibi, hastalıklara karşı mücadelede kullanılabilecek potansiyel bakteriyofajları da içerebilmektedir. Bu çalışmada, öncelikli olarak fasulye tarımı yapılan farklı bölgelere ait toprak örneklerindeki DNA ve RNA viral çeşitliliğin araştırılması amaçlanmıştır. Viral çeşitlilik potansiyelinin belirlenmesinin yanında, ülkemizde yaygın olarak görülen bakteriyel kökenli adi yaprak yanıklığı (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) ve hale yanıklığı (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*) hastalıklarına karşı potansiyel bakteriyofaj varlığının araştırılması hedeflenmiştir. Farklı coğrafi bölgelerdeki 44 lokasyondan 50 toprak örneği, 0.22 µm çaplı mikropor filtrelerden geçirilmiştir. Universal primerler kullanılarak PZR (polimeraz zincir reaksiyonu) yöntemiyle amplifiye edilen viral DNA ve RNA örnekleri agaroz jelde yürütülerek fotoğraflanmıştır. Örnekler, patojen virüsleri tanımlayan PZR markörleri ile de test edilmiştir. PZR bant sonuçları Phoretix 1D programı ile analiz edilmiş, elde edilen binary data'dan UPGMA yöntemiyle Jaccard benzerlik ve mesafe analizi yapılmıştır. Viral çeşitlilik ağacı MEGA 11.0 yazılımı ile oluşturulmuş ve GeneAlex programı ile PCoA (Principal Coordinates Analysis) ve BAPT (Band Pattern Across Population) verisi elde edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, fasulye tarımı yapılan topraklardaki DNA ve RNA virüs çeşitliliğinin yüksek oranda polimorfizm ve potansiyele sahip olduğunu göstermiştir. Filtre örneklerinde potansiyel bakteriyofaj taraması yapılmış ve bakteri üremesini azalttığı tespit edilen örnekler için TEM (Transmission Electron Microscope) analizi yapılmıştır. Boyut ve morfolojileri farklı olası dört bakteriyofaj tespit edilmiş olmasına rağmen genom analizi olmadan herhangi bir tür tayini yapılmamıştır.

**Anahtar Kelimeler:** *Phaseolus vulgaris*, Bakteriyofaj, Toprak, DNA, RNA.

## ABSTRACT

### INVESTIGATION OF VIRAL DIVERSITY IN DIFFERENT BEAN-CULTIVATED SOIL SAMPLES AND IDENTIFICATION OF POTENTIAL BACTERIOPHAGES AGAINST BACTERIAL BEAN DISEASES

Beans (*Phaseolus vulgaris*) are a vital food source widely consumed throughout the world. It is the most preferred agricultural product among legumes in our country. As in all plants, the effect of different soil, climate, and environmental conditions is important in bean production. Plant diseases, one of the common problems affecting agricultural products, pose a potential threat both economically and health-wise, as they cause significant production losses. Among these diseases, viral, bacterial, and fungal origins are prominent. It is known that soils have different viral diversity according to their different contents and structures. This diversity may include pathogenic viruses as well as potential bacteriophages that can be used in the fight against diseases. This study primarily aimed to investigate the diversity of DNA and RNA viruses in soil samples from various regions where bean cultivation is practiced. In addition to determining the viral diversity potential, the study aimed to investigate the potential presence of bacteriophages against bacterial diseases, including common leaf blight (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) and halo blight (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*), which are commonly observed in our country. Fifty soil samples from 44 locations in different geographical regions were passed through 0.22 µm diameter micropore filters. Viral DNA and RNA samples amplified by PCR (polymerase chain reaction) method using universal primers were photographed by running on agarose gel. Samples were also tested with PCR markers that define pathogenic viruses. PCR results were analyzed with Phoretix1D program, and Jaccard similarity and distance analysis was performed from the obtained binary data with UPGMA method. The genetic diversity tree was created with MEGA 11.0 software, and PCoA (Principal Coordinates Analysis) and BAPT (Band Pattern Across Population) data were obtained with the GeneAlex program. The results obtained showed that the diversity of DNA and RNA viruses in bean cultivation soils has a high rate of polymorphism and potential. Potential bacteriophage screening was performed on filter samples, and TEM (Transmission Electron Microscope) analysis was performed for samples that were found to reduce bacterial growth. Although four possible bacteriophages with different sizes and morphologies were detected, no species determination was made without genome analysis.

**Keywords:** *Phaseolus vulgaris*, Bacteriophage, Soil, DNA, RNA.

# İÇİNDEKİLER

	Sayfa
BEYAN .....	iii
ÖN SÖZ .....	i
ÖZET .....	ii
ABSTRACT .....	iii
İÇİNDEKİLER.....	iv
TABLolar LİSTESİ .....	vii
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	viii
KISALTMALAR VE SİMGELER LİSTESİ .....	xi
1. GİRİŞ .....	1
2. GENEL BİLGİLER.....	2
2.1. Fasulye Bitkisi.....	2
2.1.1. Besin Olarak Önemi .....	3
2.1.2. Ekonomik Önemi .....	4
2.1.2.1. Dünyadaki Ekonomik Değeri.....	4
2.1.2.2. Türkiye'deki Ekonomik Değeri .....	5
2.2. Fasulye Hastalıkları.....	6
2.2.1. Fasulye Adi Yaprak Yanıklığı ( <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i> ).....	7
2.2.2 Fasulye Hale Yanıklığı ( <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> ) .....	9
2.3. Fasulye Üretiminde Hastalıklarla Mücadele.....	11
2.3.1. Kimyasal Mücadele.....	11
2.3.2. Kültürel Mücadele .....	12
2.3.3. Biyolojik Mücadele .....	13
2.4. Virüsler .....	14
2.4.1. Morfoloji ve Sınıflandırma.....	14

2.4.2. Toprak virüsleri.....	18
2.4.2.1. Toprak DNA virüsleri.....	20
2.4.2.2. Toprak RNA Virüsleri.....	21
2.5. Viral Sınıflandırmada Kullanılan Moleküler Yöntemler .....	22
2.5.1. Dizileme Temelli Yöntemler .....	23
2.5.1.1. Yeni Nesil Dizileme .....	23
2.5.1.2. Metatranskriptomik ve Virom Dizileme .....	23
2.5.1.3. RdRp Gen Profillemesi .....	23
2.5.2 PZR Temelli Yöntemler .....	23
2.5.3. Diğer Yöntemler .....	24
3. MATERYAL METOT.....	26
3.1. Çalışma Materyali .....	26
3.1.1. Toprak Numunesi İçin Ön İşlem .....	30
3.1.2. Konakçı Bakteri Kültürünün Büyütülmesi .....	30
3.1.3. Bakteriyofaj Testleme Çalışmaları .....	30
3.2. TEM Analizi .....	31
3.3. PZR Yöntemi.....	31
3.3.1. PZR Hazırlığı ve Koşulları.....	31
3.3.2. Jel Elektroforezi ve Görüntülenmesi.....	35
3.4. Jel Görüntüleriyle Viral Çeşitlilik Analizi.....	35
4. BULGULAR .....	36
4.1. Bakteriyofaj Test Örnekleri.....	36
4.2. Viral Çeşitlilik Analizleri .....	38
4.2.1. DNA Viral Çeşitlilik Analizleri .....	38
4.2.2. RNA Viral Çeşitlilik Analizleri .....	57
4.2.3. Total DNA-RNA Viral Çeşitlilik Analizleri.....	74

<b>5. TARTIŞMA.....</b>	<b>89</b>
<b>6. ÖNERİLER.....</b>	<b>98</b>
<b>KAYNAKÇA.....</b>	<b>99</b>
<b>EKLER.....</b>	<b>118</b>

## TABLULAR LİSTESİ

	Sayfa
<b>Tablo 2.1.</b> Fasulye bitkisinde görülen yaygın hastalıklar .....	7
<b>Tablo 2.2.</b> Tek hücreli mikroorganizmalar arasındaki temel özelliklerin karşılaştırılması.....	15
<b>Tablo 2.3.</b> DNA ve RNA virüslerinin morfolojik özellikleri .....	18
<b>Tablo 2.4.</b> Toprak ortamlarında tanımlanan başlıca DNA virüs aileleri .....	20
<b>Tablo 3.1.</b> Fasulye yetiştirilen Türkiye'nin farklı bölge ve şehirlerine ait 50 toprak örneğinin lokalite bilgileri.....	27
<b>Tablo 3.2.</b> Çalışmada kullanılan primerler ve dizileri .....	33
<b>Tablo 4.1.</b> RAPD primer adları, dizileri, verimlilikleri ve amplifikasyon özellikleri.....	39
<b>Tablo 4.2.</b> RAPD primer adları, dizileri, verimlilikleri ve amplifikasyon özellikleri.....	57

## ŞEKİLLER LİSTESİ

	Sayfa
Şekil 2.1. <i>X. axonopodis</i> pv. <i>phaseoli</i> kolonilerinin LB' de görünümü .....	8
Şekil 2.2. Fasulye adi yaprak yanıklığının a-b: yapraklardaki görünümü c: tanelerdeki görünümü .....	9
Şekil 2.3. <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> 'nın a:LB besiyerinde görünümü b: ultraviyole ışık altında görünümü .....	10
Şekil 2.4. <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> 'nın a: yapraktaki ve b: kapsüldeki görüntüsü .....	10
Şekil 2.5. Zarflı bir virionun yapısı.....	15
Şekil 3.1. Toprak örneği lokasyonlarını ve coğrafi bölgeleri gösteren Türkiye haritası.....	26
Şekil 4.1. T2 toprak filtre örneğinin a: PSP14 ve b: PSPM3 bakterileri örneklerindeki uygulama sonuçları. c: zonların yakından görünümleri .....	37
Şekil 4.2. T6 toprak filtre örneğinin a: PSP14 ve b: PSPM3 bakterileri örneklerindeki uygulama sonuçları. c: zonların yakından görünümleri.....	37
Şekil 4.3. a: T2 b: T6 toprak filtre örneklerinin <i>Rhizobium sp.</i> bakterisi üzerindeki uygulama sonuçları. ....	37
Şekil 4.4. 1) <i>P. syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> M3 bakteri kültüründe filtre örneklerinin üreme üzerine etkisi. 2) <i>P. syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> 14 bakteri kültüründe filtre örneklerinin üreme üzerine etkisi. ....	37
Şekil 4.5. T6 örneği için yapılan TEM analizi sonucu farklı boyut ve formda bulunan faj görüntüleri .....	38
Şekil 4.6. DNA tabanlı viral çeşitlilik için yetersiz bant amplifikasyonunun gözleendiği P14 primerinin PZR jel fotoğrafı.....	40
Şekil 4.7. DNA tabanlı viral çeşitlilik için CRA22 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	41
Şekil 4.8. DNA tabanlı viral çeşitlilik için P13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	41

<b>Şekil 4.9.</b> DNA tabanlı viral çeşitlilik için OPA13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>42</b>
<b>Şekil 4.10.</b> DNA tabanlı viral çeşitlilik için P5 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>42</b>
<b>Şekil 4.11.</b> DNA tabanlı viral çeşitlilik için P11 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>43</b>
<b>Şekil 4.12.</b> DNA tabanlı viral çeşitlilik için P21 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>43</b>
<b>Şekil 4.13.</b> DNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Benzerlik Matrisi Analizi .....	<b>44</b>
<b>Şekil 4.14.</b> DNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi .....	<b>49</b>
<b>Şekil 4.15.</b> 50 toprak örneği arasında DNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram. ....	<b>54</b>
<b>Şekil 4.16.</b> 50 toprak örneğindeki DNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA) .....	<b>55</b>
<b>Şekil 4.17.</b> 50 toprak örneğindeki DNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi. ....	<b>56</b>
<b>Şekil 4.18.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için P5 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>58</b>
<b>Şekil 4.19.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için P11 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>58</b>
<b>Şekil 4.20.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için P13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>59</b>
<b>Şekil 4.21.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için P21 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>59</b>
<b>Şekil 4.22.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için OPA13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>60</b>
<b>Şekil 4.23.</b> RNA tabanlı viral çeşitlilik için CRA22 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	<b>60</b>

<b>Şekil 4.24.</b> RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Benzerlik Matrisi Analizi .....	<b>61</b>
<b>Şekil 4.25.</b> RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi .....	<b>66</b>
<b>Şekil 4.26.</b> 50 toprak örneği arasında RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram.....	<b>71</b>
<b>Şekil 4.27.</b> 50 toprak örneğindeki RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA). ....	<b>72</b>
<b>Şekil 4.28.</b> 50 toprak örneğindeki RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi. ....	<b>73</b>
<b>Şekil 4.29.</b> Total DNA- RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Benzerlik Matrisi Analizi.....	<b>75</b>
<b>Şekil 4.30.</b> Total DNA- RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi.....	<b>80</b>
<b>Şekil 4.31.</b> 50 toprak örneği arasında Total DNA- RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram .....	<b>85</b>
<b>Şekil 4.32.</b> 50 toprak örneği arasında Total DNA- RNA virüs çeşitliliğini gösteren bölgeler arası dendrogram.....	<b>86</b>
<b>Şekil 4.33.</b> 50 toprak örneğindeki total DNA- RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA). ....	<b>87</b>
<b>Şekil 4.34.</b> 50 toprak örneğindeki total DNA-RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi. .....	<b>88</b>

## KISALTMALAR VE SİMGELER LİSTESİ

<b>%</b>	: Yüzde
<b>°C</b>	: Santigrat derece
<b>µg</b>	: Mikrogram
<b>µl</b>	: Mikrolitre
<b>µm</b>	: Mikrometre
<b>AB</b>	: Avrupa Birliği
<b>cDNA</b>	: Komplementer DNA
<b>CRISPR</b>	: Düzenli Aralıklı Kısa Palindromik Tekrarlar
<b>DNA</b>	: Deoksiriboz nükleik asit
<b>ha</b>	: Hektar alan
<b>ICTV</b>	: Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi
<b>Kb</b>	: Kilobaz
<b>kg</b>	: Kilogram
<b>LB</b>	: Luria-Bertani
<b>Mb</b>	: Megabaz
<b>NGS</b>	: yeni nesil dizileme- next generation sequencing
<b>nm</b>	: Nanometre
<b>ORF</b>	: Açık Okuma Çerçevesi
<b>PABRA</b>	: Pan-Afrika Fasulye Araştırma İttifakı
<b>Pv</b>	: Pathovar
<b>PZR</b>	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<b>RdRp</b>	: RNA'ya bağımlı RNA polimeraz
<b>RNA</b>	: Ribo nükleik asit
<b>TÜİK</b>	: Türkiye İstatistik Kurumu

## 1. GİRİŞ

Fasulye hem ülkemizde hem de dünyanın farklı ülkelerinde tüketilen, ekonomik ve besin değeri yüksek olan bir tarım ürünüdür. Tüm tarım ürünlerinin ortak sıkıntısı olan bitki hastalıkları fasulye için de önemli bir sorundur. Viral, fungal ve bakteriyel kökenli olan bu hastalıklar, fasulye üretimini sınırlandıran ve verimini azaltan faktörler olarak öne çıkmaktadır (Saraçoğlu ve Erkan, 2016). Hastalıkları önlemede, diğer bitkilerde olduğu gibi fasulye de geleneksel ve zirai mücadeleler yapılmaktadır. Bu uygulamaların süreklilik ve etkinlik açısından yeterli olmadığı görülmektedir. Özellikle, uygulanan kimyasal mücadele yöntemlerin, maliyet açısından yüksek olması ve çevreye karşı olumsuz etkileri nedeniyle fasulye üretiminde ciddi bir sorun olabilmektedir. Bu soruna karşı alternatif mücadele yöntemlerinden bakteriyofajla mücadele yolu özellikle bakteriyel kökenli hastalıklara karşı mücadelede öne çıkmaktadır. Bu yöntem patojen bakterileri hedeflemesi açısından diğerlerine göre daha etkili, sağlıklı ve ekonomiktir. (Lamichhane vd., 2016; Buttimer vd., 2017; Jones vd., 2012).

Dört iklimin aynı anda görülebildiği ülkemizde çok farklı özellik ve içeriğe sahip bölgelerde farklı toprak yapıları bulunmaktadır. Bu toprak örneklerinde de birbirinden farklı potansiyel bakteriyofajların bulunma ihtimali ve tespit edilebilmesi, özellikle bakteriyel hastalıklarla mücadelede büyük bir önem arz etmektedir (Gedük vd., 2020). Bu çalışmalar için ilk aşama, farklı toprak örneklerindeki potansiyel viral çeşitliliğin belirlenmesidir. Sonrasında yüksek viral çeşitliliğe sahip toprak örneklerinde mevcut bakteriyofajların tespit edilmesi gerekmektedir. Bu çalışmalar aynı zamanda fasulye tarımı yapılan toprak örneklerindeki viral fasulye patojenlerinin tespitine de imkan sağlar (Saraçoğlu ve Erkan, 2016).

Bu çalışma, Türkiye’de fasulye yetiştiriciliği yapılan farklı bölge ve lokasyonlara ait toprak örneklerindeki viral çeşitliliğin PZR tabanlı moleküler yöntemlerle karşılaştırmalı olarak araştırılmasını kapsamaktadır. Farklı 44 lokasyondan toplanan 50 toprak örneğinde mevcut viral çeşitlilik içinde hem DNA hem de RNA virüsleri bakımından çeşitlilik analizi gerçekleştirilmiştir. Aynı zamanda Türkiye’de yaygın görülen viral fasulye patojenlerinin tespitinde kullanılan moleküler markörlerle, toprak örneklerindeki viral patojen durumunu araştırılmıştır. Viral çeşitliliği araştırılan toprak örneklerinde bakteriyel fasulye hastalık etmenlerine karşı potansiyel bakteriyofajların taranması hedeflenmiştir. Türkiye’de fasulye tarımında yaygın görülen ve ciddi ekonomik kayıplara neden olan iki bakteriyel patojene (*P. syringae* pv. *phaseolicola* ve *X. axonopodis* pv. *phaseoli*) karşı etkili bakteriyofajlar için tarama çalışması yapılmıştır.

## 2. GENEL BİLGİLER

### 2.1. Fasulye Bitkisi

Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) ülkemizde ve dünyada baklaları ve yenilebilir tohumları nedeniyle kullanılan önemli bir baklagil ürünüdür (Lisciani vd., 2024). 50 farklı *Phaseolus* türü mevcuttur. Bunların yalnızca 5 tanesi *P. vulgaris*, *P. lunatus*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* ve *P. polyanthus* insan gıdası olarak kullanılabilir. Bu türler arasında en yaygın olanı ise *P. vulgaris* türüdür (Broughton vd., 2003). *P. vulgaris* Fabaceae ailesinin 3 alt ailesinden Polygalaceae, Surianaceae ve Papilionoideae biri olan, Papilionoideae alt ailesinin bir üyesidir (Lewis vd., 2005).

Papilionoideae alt ailesinin ortaya çıkışının 50 milyon yıl öncesine dayandığı düşünülmektedir (Wojciechowski, 2003). Ancak monofiletik olarak ayrışması yaklaşık 19,2 milyon yıl önce meydana gelmiştir (Schmutz vd., 2014). Papilionoideae alt familyası dört ana grup bulunur. Bunlardan ikisi, Hologalegina ve Phaseoloid/Millettoideae grupları, Papilionoideae alt familyasına ait gruplardan biridir. Yaklaşık 35-40 milyon yıl önce oluştuğu düşünülmektedir ve ortaya çıkış süreçlerine göre kardeş taksonlar gibi görünmektedirler. Phaseoloid/Millettoideae grubu; ekonomik olarak önemli olan *Phaseolus*, *vigna* ve *glycine* cinslerini içeren Phaseoleae ve Millettieae kabilelerini içerir (Delgado-Salinas vd., 1999).

Yabani *P. vulgaris*, Orta Amerika kökenlidir ve yayılmasından bu yana, kuzey Meksika'dan kuzeybatı Arjantin'e kadar dağılmıştır; bu da coğrafi bölgelerde iki büyük gen havuzunun oluşmasına yol açmıştır. Mezoamerika olarak da bilinen Meksika'dan Kolombiya'ya kadar uzanan koridorda olan gen havuzu mesoamerikadır. Güney Amerika'daki And dağlarının olduğu koridorda gelişen gen havuzu ise Andean olarak adlandırılmaktadır (Bellucci vd., 2014).

*P. vulgaris* L. , 587 Mb genom büyüklüğüne sahip gerçek bir diploiddir ve tek yıllık bir bitkidir (Schmutz vd., 2014). 119 genle *phaseolus*, yakın zamanda incelenen model baklagiller *M. Truncatula* 74 gen ve *I. Corniculatus*'tan 45 gen daha fazla deneysel olarak tanımlanmış tam gen içerir. Bu özelliğinden dolayı genomik çalışmalarda bir model ürün olarak kabul edilebilmektedir. Örneğin *P. vulgaris*' te bulunan phaseolin; başlıca tohum depolama proteini genidir. Bu gen içerik olarak incelendiğinde ise intron içerdiği bilinen ilk bitki geni olarak geçmektedir (Sun vd., 1981). Bu gen ailesiyle ilgili yapılan çalışmalar neticesinde bitkilerde gen ifadesi ile ilgili önemli bilgiler de elde edilebilmiştir (Hall vd., 1999).

### 2.1.1. Besin Olarak Önemi

Fasulye besin kaynağı olarak oldukça önemli bir bitkidir. Fasulyenin ana bileşenlerinden biri olan karbonhidratlar arasında olan nişasta fasulyenin yüzdelik olarak çoğunda bulunan ana karbonhidrattır (Bravo vd., 1998; Reynoso-Camacho vd., 2006). Nişastada amiloz ve amilopektin denilen 2 ana form bulunmaktadır (Dona vd., 2010; Hoover vd., 2010). Nişastalar amiloza karşı duyarlılıklarına ve sindirim sisteminde glikoz salınım-emilimlerine göre hızlı sindirilebilen, yavaş sindirilebilen, sindirilemeyen ve dirençli nişastalar olarak ayrılabilir (Zhang vd., 2006). Hızlı sindirilebilen nişasta kandaki glikoz seviyesini birden yükseltebilmektedir. Bu da diyabet ve obezite gibi hastalıklarda sorunlara neden olabilmektedir. Fasulyede nişasta, dirençli nişasta formundadır. Yani bu yapı ince bağırsakta hidrolize direnç gösteren ancak kalın bağırsak kolon mikroflorası tarafından çözünen ve çözünmeyen diyet lifleri ile sindirilemeyen oligosakkaritlerden oluşur. Dirençli nişasta sayesinde ince bağırsakta çözülmeden kalın bağırsağa ulaşan yapı burada prebiyotik etki göstererek bağırsak sağlığı üzerinde olumlu etki gösterir ve orada bulunan mikrobiyotayı destekler (Hoover ve Ratnayake, 2002; Hoover vd., 2010). Fasulyelerde ayrıca önemli miktarda diyet lifleri bulunmaktadır. Bu lifler laksasyonu iyileştirir, karbonhidrat salınımı kontrol eder, kan glikoz seviyelerini düzenler ve kan kolesterolünü düşürebilmektedir (Rodríguez vd., 2006).

Fasulye protein kaynağı olarak tahıllarla birlikte de kullanıldığında insan beslenmesi açısından mükemmel bir kaynak sağlamaktadır (Butt ve Rizwana Batool, 2010; Batista vd., 2011). Fasulyede bulunan protein içeriği ette bulunan protein içeriğine benzerdir (de Almeida Costa vd., 2006). Ayrıca fasulye proteinleri globulin ve albümin fraksiyonları bakımından zengindir (Hall vd., 1999). Ek olarak içerdikleri yüksek esansiyel aminoasitlerden dolayı besinsel olarak tamamlayıcı bir rol oynarlar (Broughton vd., 2003; Iqbal vd., 2006).

Fasulye mineral ve vitamin gibi mikro besin kaynaklarından biri olarak tahıllardan üstün kabul edilmektedir (Welch vd., 2000). Diğer baklagiller ile karşılaştırıldığında daha yüksek mineral içeriği bulunmaktadır. Yüksek mineral içeriğinin yanı sıra folat, tiamin, riboflavin, biotin, pridoksimin ve niasin açısından da iyi bir kaynaktır (Broughton vd., 2003; Campos-Vega vd., 2010). İçeriğinde bulunan folat miktarı 400-600 µg ile günlük alınması gereken miktarın %95'ini karşılayabilmektedir (Salunkhe ve Kadam, 1998). Vitamin ve mineral açısından önemine ek olarak; antioksidan ve antikarsenojik özelliklere sahip olan fitokimyasallar; nutrasötik bir bileşik olmaları açısından fasulyede önemli bir yere sahiptirler. Fasulyedeki fenolik bileşikler, antosiyaninler, flavonol, proantosiyanoitler, tanenler, glikozitler ve çeşitli flavonoidleri içerebilir (Beninger ve Hosfield, 2003; Aparicio-Fernandez vd., 2005). Aynı

zamanda bu fenolik bileşikler antioksidan olarak görev alırlar ve bununla beraber serbest radikal türlerinin gelişiminde engelleyici rol oynayarak reaktif oksijen türlerinin üretimini engellerler. Bunlara ek olarak antimutajenik özelliği aflatoksin ve nitroarenler gibi potansiyel mutajenleri inhibe etmesi ile ortaya çıkmaktadır (Hayat vd., 2014).

### **2.1.2. Ekonomik Önemi**

*P. vulgaris L.* dünya çapında bilinen en önemli baklagillerden biridir. İnsanlar için çok önemli protein ve besin kaynağı olarak yer almaktadır. Besin değerinin ardında fasulye, ekonomik sistemlerde gıda güvenliği, istihdam, ticareti ve kırsal alanda kalkınma konularında önemli bir etken olduğu için özellikle düşük ve orta gelirli ülkelerde hayatı bir role sahiptir (Wortmann, 1998; Broughton vd., 2003; Blair vd., 2010).

#### **2.1.2.1. Dünyadaki Ekonomik Değeri**

Kuru fasulye üretim alanı FAO verilerine göre yaklaşık olarak 36,8 ha olarak belirlenmiştir. Kuru fasulye ekim alanlarında Hindistan %43,1 ile listenin en başında yer alırken onu Myanmar ve Brezilya takip etmiştir (FAO, 2023). Başlıca fasulye üreticileri arasında Hindistan, Brezilya, Myanmar, Meksika ve Çin yer almaktadır. Bu ülkelerde üretilen fasulye miktarı dünyadaki üretimin %60'ından fazlasını oluşturmaktadır. Kanada, Amerika Birleşik Devletleri, Çin ve Arjantin önde gelen ihracatçılar iken, ithalatçılar arasında Hindistan, Pakistan, Mısır, Türkiye ve AB ülkeleri yer almaktadır (FAO, 2023; Uebersax vd., 2023).

Fasulye üretiminde ticaretin başarı oranı sürekli sabit kalmaz ve değişkenlik gösterebilmektedir. Fasulye üretilen alandaki iklimsel değişikliklere bağlı olarak değişen hava koşulları, bitkisel bazlı protein desteğine bağlı olarak gelişen diyet eğilimleri, ticaret politikaları, küresel lojistik ve artan ulaşım maliyetleri fiyatta dalgalanmalara neden olmaktadır. Özellikle 2019-2022 yılları arasında pandemi kaynaklı kesintiler ve üretim maliyetlerinin artmasından dolayı fasulye fiyatlarında artış meydana gelmiştir (Béné, 2020; Roubík vd., 2022; FAO, 2023).

Ağırlıklı olarak Afrika, Latin Amerika ve Asya'daki küçük ölçekli çiftçilerin yoğunluklu olarak yetiştirdiği fasulye bu alanlardaki insanlar için sadece besin kaynağı değildir. Tohum üretiminden toptan ve perakende pazarlara kadar olan aşamalarda gerçekleşen faaliyetler sayesinde kırsal alanda ekonomik çeşitlilik artmıştır ve cinsiyet ayrımı olmaksızın istihdam sağlanmıştır (Rapsomanikis, 2015; Maereka vd., 2023).

Fasulyenin ekonomik önemi gıda güvenliğindeki rolü ile bağlantılı bir şekildedir. Fasulye; bitki bazlı protein, demir, folat, Mg<sup>+2</sup> gibi içerikler yönünden zengin olduğu için; gıda

güvensizliği olan bölgelerde bile düşük maliyetli bir beslenme yolu olarak görülebilmektedir. Angola, Benin, Botsvana, Burundi ve Kamerun gibi sahra altı Afrika bölgelerinde fasulye günlük alınması gereken protein miktarının yaklaşık %20'lik bir kısmını karşılamaktadır. Bu sayede sağlıkta iyileşmeye katkıda bulunmaktadır. Bir bölgedeki halk eğer sağlık alanında iyileşmeye başlarsa sağlık bakım maliyetleri azalır ve iyileşmeye bağlı olarak iş gücü verimliliği artar. Sağlıklı bir insandan işgücü olarak alınan verim sağlık olarak kötü durumda olan bireyden alınan verimden fazla olacağından bu durum direk olarak ekonomiyi olumlu yönde etkilemektedir. Bu sebepten dolayı fasulyeyi biyolojik olarak zenginleştirerek içerisindeki mikro besin eksiklikleri giderme yolunda programlar düzenlenmiştir (S. Beebe vd., 2000; Petry vd., 2015; Rawal vd., 2024).

Fasulyeyi çevre ekonomisi açısından ele alırsak sürdürülebilir tarıma katkısı öne çıkmaktadır. Atmosferik azotu toprağa bağlayarak kimyasal olan gübrelere ihtiyacı azaltmıştır (Peoples vd., 1995; Zahran, 1999). Bu sayede organik tarımın gelişmesine de katkıda bulunmuştur. Ayrıca çeşitli iklim bölgelerine sağladığı uyumdan ve düşük su gereksinimi ile kuraklığa dayanıklı yapısından dolayı ekonomik olarak uygulanabilir ve tercih edilen bir ürün konumundadır (S. E. Beebe vd., 2013; Singh, 2013). Bazı uluslararası kuruluşlar uyguladıkları politika girişimleri sayesinde fasulyenin ekonomik, ekolojik ve beslenme açısından faydalarını bilinçli bir şekilde dünyaya duyurarak insanları teşvik etmeye odaklanmaktadır. Pan-Afrika Fasulye Araştırma İttifakı (PABRA) gibi programlar, verimi ve pazar erişimini artırmak için iyileştirilmiş fasulye çeşitlerini başarıyla tanıtmışlardır (Buruchara vd., 2011; Bouis ve Saltzman, 2017).

#### **2.1.2.2. Türkiye'deki Ekonomik Değeri**

Türkiye'de fasulye hem tarımda hem de mutfakta önemli bir yere sahiptir. Türk evlerinde geleneksel bir gıda olarak bulunur (Ertaş ve Gezmen-Karadağ, 2013). Ekonomik açıdan bakıldığında ise tarımsal gelirlere, gıda güvenilirliğine ve ticarete oluşan dengelere fayda sağladığı görülmektedir (Uebersax vd., 2023).

Türkiye'de fasulye üretimi çok uzun zamandır yapılmaktadır. Yemeklik baklagiller arasında hem ekim alanı hem de üretim bakımından nohut ve mercimekten sonra gelmektedir. Niğde, Nevşehir, Konya, Karaman, Erzincan, Samsun gibi iller fasulye üretiminde başlıca önemli illerendir. Kolay üretilmesi ve yaygın tüketimi nedeniyle fasulye yetiştiriciliği ülkemizin her bölgesinde yapılmaktadır. Ekim alanı olarak sıralarsak, İç Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Karadeniz Bölgesi şeklinde bir sıralama olmaktadır (Burucu, 2024).

Kuru fasulyenin 2023/24 sezonundaki yıllık üretimi yaklaşık 240.000 ton olup 885.000 da alandan fazla arazide yetiştirilmiştir. Kentleşmeden ve kar getirisi yüksek olan gıda üretimine geçilmesinden kaynaklı ekili alan miktarı azalsa da iyileştirilmiş tohumlar ve tarımdaki mekanik iyileştirmeler neticesinde hektar başına düşen verimlilik oranı artmıştır. Fasulye ülkemizde bakliyat mahsulünden elde edilen gelirin büyük bir çoğunluğunu oluşturmaktadır. Ayrıca hem iç pazar ve tüketim hem de ihracat için paketleme ve markalama da dahil olmak üzere köklü bir işletme endüstrisine sahiptir. Bu da ulusal ekonominin kalkınmasında ve istihdamın artmasında önemli rol oynamaktadır (Burucu, 2024).

Fasulye özellikle Türk diyetlerinde de önemli bir oynar. Bunun en önemli ana etmeni uygun maliyetli protein ve besin kaynağı olmasıdır. TÜİK verilerine göre fasulye tüketimi kişi başına 2022/23 sezonunda 3.2 kg civarındadır (TÜİK, 2024). Yetersiz beslenme ile mücadelede alternatif olması ve gıda güvenliği açısından uygun olması fasulyenin tüketim oranını destekleyen bileşenlerdir (Siddiq vd., 2011).

Fasulye üretimi, özellikle İç Anadolu'da kırsal istihdamı desteklemektedir. Özellikle kadınlar ve yaşlı kesim yoğun bir şekilde yetiştirme aşamalarında yer almaktadır. Bu sayede bu sektörde ekonomik katılım oranı artmış olarak görülmektedir. Ayrıca üretici kooperatif ve sendikalar da çiftçilere yönelik pazar gücünü artırmada, erişimi kolaylaştırmada ve toplu pazarlama süreçlerini organize ederek önemli bir rol oynamaktadır (Katungi vd., 2017; Mevlüt ve Parlak, 2017; Burucu, 2024). Ülkemizde fasulye yetiştiriciliği alan bazlı gelir desteği, sertifikalı tohum kullanımı, düşük faizli tarım kredileri ve TAGEM kurumları aracılığı ile desteklenmektedir. Gelecek hedefleri arasında ithal ürüne olan ihtiyacın azalması ve iklimsel değişiklikler açısından akıllı tarım girişimleri ile ekimi geniş alanlara yaymak bulunmaktadır (Burucu, 2024).

## **2.2. Fasulye Hastalıkları**

Fasulye ekonomik ve besinsel olarak çok önemli bir bitki olmasına rağmen birçok biyolojik stres ve hastalıktan dolayı verimliliği ve kalitesinde düşüşler meydana gelmektedir. Çok sayıda mantar, bakteri ve virüs patojeni fasulyenin büyümesini belirli aşamalarda engeller ve enfekte ederek önemli kayıpların yaşanmasına sebep olur (Tablo 2.1). Bu patojenlere karşı duyarlılığı iklimsel değişiklikler, yoğun ekim sistemleri ve ticari çeşitlerde sınırlı olan genetik direnç sebebiyle kötüleşmektedir. Bu hastalıkların kontrol altına alınması küçük çiftçiler için oldukça güçtür. Bunun nedeni kimyasal kontrol yöntemlerine ve dirençli çeşitlere erişimlerinin zorluğu gibi faktörlerdir (Madakbaş ve Ellialtıoğlu, 2012; Gedük vd., 2020; Palacıoğlu vd., 2021).

Fasulye hastalıklarının belirtileri hastalığa sebep olan patojene göre farklılık göstermektedir. Bazı durumlarda ortam şartları, sıcaklık, nem gibi etkenler hastalık belirtileri ile karıştırıldığında tespit edilmesi oldukça zahmetli ve zor olabilmektedir (Madakbaş ve Ellialtıoğlu, 2012; Gedük vd., 2020) Kimyasal yöntemlerle kontrol altına alınmak istenildiğinde ise küçük ölçekli çiftçilerin oldukça zorlandığı gözlenmektedir (Mongi vd., 2016).

**Tablo 2. 1.** Fasulye bitkisinde görülen yaygın hastalıklar

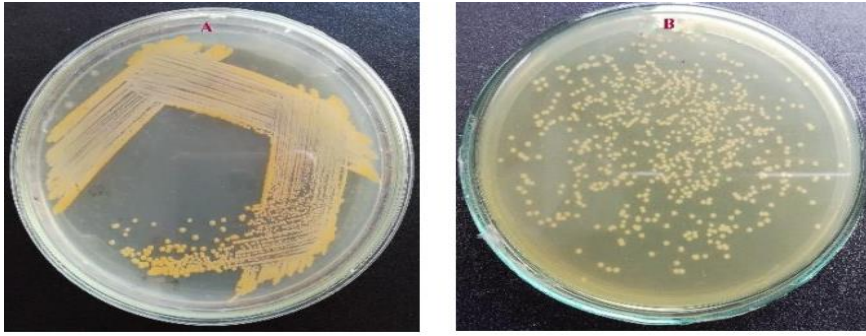
Köken	Hastalık	Etmen
<b>Fungi</b>	Fasulye Antraknozu Hastalığı	<i>Colletotrichum lindemuthianum</i> (O'connell vd., 1985)
	Fasulye Kök Çürüklüğü Hastalığı	<i>Fusarium spp. - Fusarium solani f. sp. phaseoli, Rhizoctonia solani, Macrophomina phaseoli</i> (Osorio vd., 2010)
	Fasulye Pası Hastalığı	<i>Uromyces appendiculatus, Uromyces phaseoli</i> (Chung vd., 2004)
	Ani Solgunluk Çökerten	<i>Pythium ultimum</i> Trow (Osorio vd., 2010)
	Beyaz Çürüklük hastalığı	<i>Sclerotinia sclerotiorum</i> Lib. de Bary (Marinelli vd.i 1998)
	Güney Yanıklığı	<i>Sclerotium rolfsii</i> Sacc (Marinelli vd., 1998)
	Alternaria Yaprak Lekesi	<i>Alternaria alternata</i> Keissler (Osorio vd., 2010)
	Köseli Yaprak Lekesi	<i>Phaeoisariopsis griseola</i> Sacc. Ferraris (Vural ve Soylu, 2012)
<b>Viral</b>	Külleme Hastalığı	<i>Podosphaera phaseoli</i> Zhao U. Braun (Vural ve Soylu, 2012)
	Fasulye Adi Mozaik Virüsü	<i>Bean common mosaic -BCMV</i> (Jha vd., 2023)
	Fasulye Adi Mozaik Nekroz Virüsü	<i>Bean common mosaic necrosis potyvirus -BCMNV</i> (Jha vd., 2023)
	Fasulye Sarı Mozaik Virüsü	<i>Bean yellow mosaic potyvirus -BYMV</i> (Jha vd., 2023)
	Fasulye Altın Sarısı Mozaik Virüsü	<i>Bean golden yellow mosaic virus -BGYMV</i> (Jha vd., 2023)
	Alfalfa Mozaik Virüsü	<i>Alfalfa Mosaic Virus -AMV</i> (Jha vd., 2023)
	Hıyar Mozaik Virüsü	<i>Cucumber Mosaic Virus -CMV</i> (Jha vd., 2023)
	Fasulye Altın Mozaik Virüsü	<i>Bean golden mosaic virüs- BGMV</i> (Jha vd., 2023)
Güney Fasulyesi Mozaik Virüsü	<i>Southern Bean Mosaic Virus -SBMV</i> (Jha vd., 2023)	
<b>Bakteriyel</b>	Fasulye Adi Yaprak Yanıklığı	<i>Xanthomonas axonopodis</i> pv. <i>Phaseoli</i> , <i>X. campestris</i> pv. <i>Phaseoli</i> (Cuervo vd., 2016)
	Fasulye Hale Yanıklığı	<i>Pseudomonas savastanoi</i> pv. <i>Phaseolicola</i> , <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>phaseolicola</i> (Cuervo vd., 2016)
	Bakteriyel kahverengi leke	<i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>Syringae</i> (Cuervo vd., 2016)
	Bakteriyel Solgunluk	<i>Curtobacterium flaccumfasciens</i> pv. <i>Flaccumfasciens</i> (Cuervo vd., 2016)
<b>Nematod</b>	Kök lezyon nematodları	<i>Pratylenchus brachyurus</i> (Singh vd., 2020)
	Kök ucu nematodları	<i>Belonolaimus</i> spp. (Gitonga, 2020)
	Kök- ur nematodları	<i>Meloidogyne</i> spp. (Singh vd., 2020)
	Spiral nematodlar	<i>Helicotylenchus</i> spp. (Singh vd., 2020)
	İğne nematodları	<i>Paratylenchus</i> spp. (Gitonga, 2020)

### 2.2.1. Fasulye Adi Yaprak Yanıklığı (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*)

*Xanthomonas* cinsi Pseudomonadaceae familyasında yer almaktadır ve bu familyada olanların çoğu bitki patojenlerinden oluşur. Bunlar dünya çapında geniş bir yayılım gösterirler. Ürün üretimi ve kalitesi üzerinde ise olumsuz etkilere sahiptirler (Arnold vd., 2011). *X. axonopodis* pv. *phaseoli*, *X. campestris* pv. *phaseoli* olarak da bilinir. Bu bakterinin melanin üreten bir varyantı olan *X.s fuscans*, *Phaseolus vulgaris'* te (Gilbertson ve Maxwell, 1992) *X.*

*axonopodis* pv. *phaseoli* ile birlikte adi yaprak yanıklığına neden olmaktadır. Bu iki suşun neden olduğu hastalık etkilerini yaprak dokusunda ayırt etmek çok zordur. Ancak fuscans varyantı bazı durumlarda şiddetli hastalık semptomlarına neden olabilirler (Chan ve Goodwin, 1999). Bununla birlikte, *X. axonopodis* pv. *phaseoli* ve *X. fuscans* subsp. *fuscans*'ın suşları, önemli bir coğrafi dağılımdan yoksun görünmektedirler. Yani suş virülansı coğrafi dağılımla ilişkili değildir; bu da patojen ve *P. vulgaris* arasında yalnızca geniş seçici baskıların etkili olduğunu göstermektedir (Mutlu vd., 2005).

*X. axonopodis* pv. *phaseoli*, tek kutuplu kamçıya sahip, 0,4-0,9x0,6-2,6 µm boyutlarında, hareketli, aerobik, gram negatif bir çubuktur. Agar kolonileri dışbükey, sarı ve ıslak parlaktır (Şekil 2.1) (Health, 2014). Patojenin genomu, 3938±68Kb'lik tek bir dairesel kromozomdan oluşmaktadır (Chan ve Goodwin, 1999).



Şekil 2.1. *X. axonopodis* pv. *phaseoli* kolonilerinin LB' de görünümü

**Kaynak:** (Sultana vd., 2018)

*X. axonopodis* pv. *phaseoli*'nin esas konağı *P. vulgaris* olmasına rağmen, bu patojen *P. lunatus*, *Vigna aconitifolia* ve *V. radiata*, *Lablab purpureus* ve *Mucuna deeringiana* da dahil diğer baklagil türlerini de enfekte edebilmektedir (Bradbury, 1986; Saettler, 1989).

*X. axonopodis* pv. *phaseoli*'nin genetik çeşitliliğine ilişkin çalışmalar sonucunda patojene ait 4 genetik soy olabileceği düşünülmüştür. Bunlardan üç tanesi *X. axonopodis* pv. *phaseoli*'den oluşurken, sonuncusu *X. fuscans* subsp. *fuscans* suşlarını içerir (Alavi vd., 2008).

Fasulye adi yaprak yanıklığı dünyada fasulye üreten bölgelere özgüdür. Bu patojen özellikle sıcak, ıslak veya nemli ortamlara sahip olan bölgelerde en yaygın halini gösterir. Bakteriler tohumlar ile taşınabilmektedir ve tarla şartlarında yayılımlarını rüzgar veya böcekler yoluyla yapabilmektedirler. *X. axonopodis* pv. *phaseoli* enfeksiyonu çevre koşullarının uygunluğuna bağlıdır. 28- 30°C ve üzerindeki sıcaklıklar ile %80'in üzerindeki nem seviyeleri, patojenin büyümesi için idealdir. Sürekli yağın sağanaklar ve yağmurlama şeklinde sulama tekniği patojenin enfeksiyonunu ve yayılmasını kolaylaştırabilir (Schwartz vd., 2003).

Enfekte olmuş bitkilerde belirtiler ilk yapraklarda görülür. Enfeksiyonu takiben 4-10 gün içerisinde yapraklarda küçük sulu lezyonlar görülmeye başlanır. Süre geçtikçe lezyonlar büyür. Büyüdükçe etrafındaki diğer lezyonlarla birleşir ve nekrotik lekeler dönüşürler. Bu lekeler sarı bir renk şeklinde görülebilmektedir (Şekil 2.2 a-b) Bu sarılık lekelerin nedeni etrafında bulunan yaprak dokusundaki lokalize klorozdandır. Tüm bitkilerde belirgin sarı bölge oluşmaz. Çünkü bireysel patovarylar, konakçıların durumları ve çevre koşulları oluşan lezyonların karakteristik özelliklerini etkileyebilmektedir. Zamanla lezyonlar tekrar renk değiştirir ve kahverengi rengini alır. Bakıldığında kahverengi ama yanık oluşmuş gibi bir izlenim vermektedirler. Sonraki evrelerde ise büyük miktarda yaprak dökülmesi gerçekleşir (Coyne ve Schuster, 1974).



Şekil 2.2. Fasulye adi yaprak yanıklığının a-b: yapraklardaki görünümü c: tanelerdeki görünümü

Kaynak: (Aydemir, 2008)

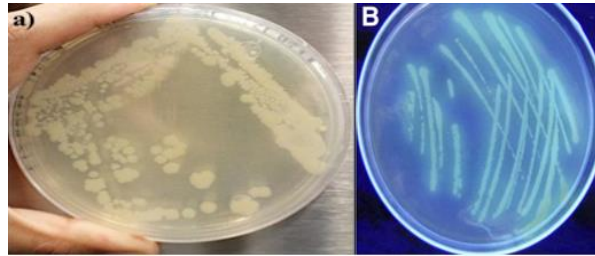
Enfeksiyon gövdede oluşmuş ise boyuna kırmızı çizgiler görülebilmektedir. Sonraki evresinde gövde yüzeyi çatlar ve boğumlar üzerinde kuşaklanmalar meydana gelir. Bu kuşaklanmalar boğumların olduğu kısımları zayıflatır ve bitkide kırılmalara neden olabilmektedir (Coyne ve Schuster, 1974). Eğer bakteri pedicel ve funikulus yoluyla girerse tohumu enfekte edebilmektedir. Enfeksiyon gerçekleştiğinde genç baklalarda tohumlar tamamen yok edilebilir. Ancak baklalar yaşlı ise tohumlarda da yapraklarda olduğu gibi buruşukluk meydana gelebilir ve tohum kabuğu renk değişimine uğrar (Şekil 2.2. a-b) (Coyne ve Schuster, 1974).

### 2.2.2 Fasulye Hale Yanıklığı (*Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*)

*Pseudomonas syringae* pathovar *phaseolicola*, *P. vulgaris* L.'de hale yanıklığı hastalığına neden olan tohum kökenli bir patojendir. *P. syringae* pv. *phaseolicola* kuru fasulye tohumlarında varlık gösterir ve fasulyelerin çimlenme aşamalarından sonra aktifleşir (Arnold vd., 2011). *P. syringae* pv. *phaseolicola*, gram-negatif, aerobik, hareketli, çubuk şeklinde, 1,5 µm uzunluğunda, 0,7-1,2 µm çapında, en az bir polar flagelluma sahip olan bir bakteridir. Optimum büyüme sıcaklığı 25-30°C olup, oksidaz ve dihidrolaz negatif, levan pozitif ve tütünde aşırı duyarlılık göstermektedir. Pseudomonaslar genellikle 24-48 saat içinde besiyeri

ortamında üreme gösterebilmektedirler. Genellikle ılıman ve tropikal bölgelerde orta seviyelerdeki rakımın üzerindeki rakımlarda görülmektedir (Arnold vd., 2011).

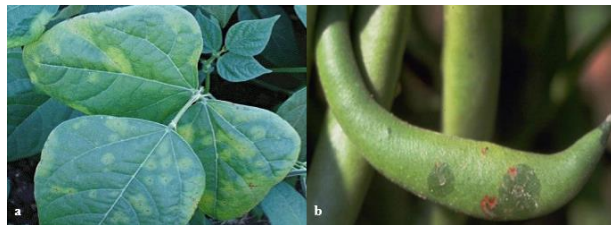
*P. syringae* pv. *phaseolicola*, LB (Luria-Bertani) agar ortamında genellikle düzgün kenarlı, yuvarlak biçimli ve parlak yüzeye sahip koloniler meydana getirir. Bu koloniler çoğunlukla açık krem rengindedir. Bazı suşlar, ultraviyole ışık altında parlaklık gösteren sarımsı-yeşil renkli fluoresan bir pigment olan pyoverdin üretme yeteneğine sahiptir (Şekil 2.3). Koloni özellikleri; genetik yapılarındaki çeşitlilik ve çevresel faktörlerin etkisiyle farklılık gösterebilir. Özellikle King's B agar gibi ortamlarda kültürlendiğinde, bu pigment üretimi daha belirgin hale gelir ve ultraviyole ışık altında kolaylıkla gözlemlenebilir (Lelliott ve Stead, 1987).



**Şekil 2.3.** *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*'nın a:LB besiyerinde görünümü b: ultraviyole ışık altında görünümü

**Kaynak:** (Suli Sun vd., 2017; A. Sharma vd., 2018)

Yapraklarda, baklalarda, gövdelerde veya yaprak saplarında suyla ıslanmış lezyonlar, 23°C'nin altındaki sıcaklıklarda yapraklarda hızla yeşilimsi-sarı haleler gelişir. Enfekte tohumlar semptom göstermeyebilir veya tohum kabuğunda buruşuk veya tereyağı sarısı lekeler olabilir. Fide enfeksiyonu genel kloroz, bodurluk ve büyümenin bozulması ile tanınır (Şekil 2.4). Tohumdan taşınır ve yağmur sırasında oluşan su sıçraması ve rüzgarla eksüdat yoluyla yayılır. Bakteriler yaralardan ve doğal açıklıklardan özellikle stomalar istila eder. Yabancı ot ve ekili alternatif konakçılar da bakteriyeye ev sahipliği yapabilir (Arnold vd., 2011).



**Şekil 2.4.** *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*'nın a: yapraktaki ve b: kapsüldeki görüntüsü

**Kaynak:** (Aydemir, 2008; Arnold vd., 2011)

*P. syringae* pv. *phaseolicola* 1448A suşuna ait genom dizisi ilk kez 2005 yılında yayımlanmıştır. Yaklaşık 6,5 Mbp büyüklüğündeki bu genom, bir dairesel kromozom ile iki

ayrı plazmitten oluşmakta olup, toplamda 5353 açık okuma çerçevesi (ORF) içerdiği öngörülmektedir (O'Brien vd., 2011).

### **2.3. Fasulye Üretiminde Hastalıklarla Mücadele**

*P. vulgaris* küresel olarak hayati bir baklagil ürünüdür, ancak verimliliği çeşitli hastalıklar tarafından önemli ölçüde engellenmektedir. Bakteri, mantar ve virüsler de dahil olmak üzere çok sayıda patojenden kaynaklanan zorluklarla karşı karşıyadır. Bu hastalıklar önemli verim kayıplarına yol açabilir ve gıda güvenliğini tehlikeye atabilir. Birden fazla kontrol stratejisini birleştiren entegre bir hastalık yönetimi (IDM) yaklaşımı, sürdürülebilir fasulye üretimi için olmazsa olmazdır. Etkili hastalık yönetimi, biyolojik, kimyasal ve kültürel stratejileri birleştiren entegre bir yaklaşımı gerektirir (Birişik vd., 2015; Abueleiwa vd., 2022).

#### **2.3.1. Kimyasal Mücadele**

Fasulye, özellikle gelişmekte olan ülkelerde temel protein ve besin maddesi kaynağı olarak önemli bir rol oynamaktadır (Akibode ve Maredia, 2012). Ancak yüksek agronomik değerine karşın, yetiştirme dönemi boyunca çeşitli patojenlerin neden olduğu hastalıklarla karşı karşıya kalabilmektedir (Oerke, 2006). Kimyasal mücadele yöntemleri, çevresel etkileri ve direnç gelişimi gibi endişeler nedeniyle tartışmalı olmakla birlikte, hastalık yönetimi kapsamında hâlâ yaygın şekilde başvurulan stratejiler arasındadır (Lamichhane vd., 2016).

Geleneksel bakterisitlerden olan bakır hidroksit ve bakır oksiklorür, özellikle bakteriyel yanıklıkların kontrolünde sıklıkla kullanılmaktadır (Lamichhane vd., 2016). Bu bileşikler, bakır iyonlarının serbest kalması yoluyla bakteri hücre zarlarına zarar vererek hayati hücresel süreçleri bozar. Ayrıca, streptomisin ve oksitetrasiklin gibi antibiyotikler de zaman zaman uygulansa da tarımsal kullanımları artan antibiyotik direnci ve insan sağlığı üzerindeki potansiyel etkiler nedeniyle yoğun şekilde denetlenmektedir (McManus vd., 2002; Sundin ve Wang, 2018).

Bu kimyasalların düzenli kullanımı, yaprak dokularında meydana gelen nekrozların ve yanıklık semptomlarının yayılımını azaltmada etkili olmuştur. Ancak, bilinçsiz ve aşırı kullanım, fitotoksik etkilerin yanı sıra çevrede birikim riski oluşturarak ekolojik sürdürülebilirliği tehdit edebilmektedir (Lamichhane vd., 2016). Bunlara ek olarak tohumda işlemler yapılabilir. Tohumlara zararlı hastalık etmeni ulaşmadan yapılacak kimyasal işlem ile patojenlerin tarlaya girmesi önlenir ve erken büyüme aşamalarında fideler korunur (Carvalho vd., 2014).

Kimyasal mücadele yöntemleri kısa vadede etkili sonuçlar sağlasa da bu uygulamalara aşırı derecede bağımlı olunması, uzun vadede çeşitli olumsuz etkilere yol açabilmektedir. Bu etkiler arasında, patojen popülasyonlarında direnç gelişimi, hassas bitki çeşitlerinde fitotoksisite artışı, çevresel kirlenme ve yararlı organizmalar üzerindeki istenmeyen etkiler yer almaktadır (Lamichhane vd., 2016; Sundin ve Wang, 2018). Bu tür zararları en aza indirebilmek amacıyla, farklı kimyasal grupların rotasyonlu şekilde kullanılması, kalıntı riski düşük olan biyolojik kökenli preparatların tercih edilmesi ve hassas uygulamalar için uzaktan algılama sistemleri, sensörler ve drone teknolojilerinden faydalanılması önerilmektedir (McManus vd., 2002; Oerke, 2006). Bu entegre yaklaşımlar, hem patojen baskısının etkin kontrolünü sağlamakta hem de çevresel sürdürülebilirliğe katkı sunmaktadır.

### **2.3.2. Kültürel Mücadele**

Kültürel uygulamalar, fasulye yetiştiriciliğinde entegre hastalık yönetim stratejilerinin temel unsurlarındandır. Bu yöntemler, patojenlerin yaşam döngüsünü sekteye uğratarak ve çevresel koşulları hastalık etmenlerinin gelişimi açısından elverişsiz hale getirerek hem hastalık görülme sıklığını hem de şiddetini azaltmayı amaçlar. En yaygın uygulamalardan biri olan ürün rotasyonu, özellikle fasulyenin birkaç sezon boyunca tahıl grubu bitkiler örneğin mısır, buğday veya sorgum gibi konukçu olmayan türler ile dönüşümlü olarak yetiştirilmesi şeklinde gerçekleştirilir. Bu strateji, toprak kökenli patojenlerin yaşam döngüsünü kesintiye uğratarak toprakta inokulum birikiminin önlenmesine katkı sağlar (Birişik vd., 2015).

Tohum kökenli hastalıkların kontrolünde, özellikle antraknoz ve bakteriyel yanıklık gibi önemli patojenlere karşı, sertifikalı ve sağlıklı tohum materyali kullanımı temel bir önleme stratejisi olarak değerlendirilmektedir. Enfekte tohumlar, bu hastalık etmenlerinin tarlaya taşınmasında ve yayılmasında başlıca inokulum kaynağı görevini görmektedir. Bu nedenle, hastalıksız tohum temini, enfeksiyonun başlangıç aşamasında engellenmesi açısından kritik bir adımdır (Gupta ve Kumar, 2020). Ayrıca, enfekte bitki artıklarının tarla ortamından uzaklaştırılması ve uygun yöntemlerle imha edilmesi, bitki artıkları üzerinde canlılığını sürdürebilen patojenlerin popülasyonunu azaltmak açısından büyük önem taşımaktadır (Schwartz vd., 2003; Agrios, 2005). Bu uygulama, patojenin çevredeki inokulum seviyesini düşürerek bir sonraki üretim sezonunda hastalık oluşum riskini azaltır (Oerke, 2006).

Ekim zamanlaması, hastalık salgınlarının yoğunluğunu ve şiddetini etkileyen önemli bir faktördür. Erken ekim, özellikle yüksek nem oranlarına sahip koşullarda gelişen patojenlerin etkisini azaltarak fasulyelerin en yüksek patojen aktivitesinden korunmasına yardımcı olabilir

(Agrios, 2005). Öte yandan, geç ekim, daha uygun çevresel koşulların patojenler için avantaj sağlaması nedeniyle hastalık baskısının artmasına yol açabilir (Lamichhane vd., 2016).

Kültürel mücadele kapsamında, uygun bitki aralığının sağlanması, aşırı sulamadan ve hatalı sulama tekniklerinden kaçınılması, organik madde ilavesi, fasulye ekimi yapılan alanlarda ara ekimlerin yapılması ve hastalıklara karşı dirençli tohum kullanımı gibi önlemler, hastalık yönetiminde önemli stratejilerdir (Oerke, 2006; Sundin ve Wang, 2018).

### **2.3.3. Biyolojik Mücadele**

Fasulye, tarımsal üretimde önemli bir ürün olup, çeşitli patojenler tarafından neden olunan hastalıklar nedeniyle ciddi verim kayıplarına yol açabilmektedir. Özellikle *X. axonopodis* pv. *phaseoli*, *P. syringae* pathovar *phaseolicola* ve *Fusarium spp.* gibi etmenler, fasulye bitkilerinde yaygın hastalıklara neden olmaktadır (Schwartz ve Corrales, 1989; Oerke, 2006; Lamichhane vd., 2016). Bu hastalıkların yönetimi, geleneksel kimyasal yöntemler yerine, çevresel etkileri azaltmak ve ekosistemin sürdürülebilirliğini korumak için biyolojik mücadele yöntemlerinin kullanılmasını gerektirmektedir (Schwartz ve Corrales, 1989; Sundin ve Wang, 2018). Biyolojik mücadele, patojenlerin kontrolünü sağlarken, çevre üzerinde minimum olumsuz etki bırakarak daha sürdürülebilir bir çözüm sunmaktadır (Agrios, 2005). Günümüzde biyolojik mücadele alanında kullanılan farklı canlılar şunlardır:

#### ***Bakteriyel Ajanlar:***

*Bacillus subtilis*, *B. amyloliquefaciens*: Bu bakteriler antifungal lipopeptitler üretir. Bitkilerde sistematik direnç sağlarlar. Hedef hastalıkları; kök çürüklüğü, yaprak lekeleri, solgunluk etmenleridir (Kimura ve Yokoyama, 2019; Luo vd., 2022).

*Pseudomonas fluorescens*: Siderofor üretimi ve antibiyotiklerle kök bölgesindeki patojenleri baskılar (Fravel, 2005).

#### ***Fungal Ajanlar:***

*Trichoderma spp.* : Özellikle *T. harzianum*, mikoparazitizm, antibiyotik üretimi ve bitki büyümesini teşvik edici etkileriyle bilinmektedir. Kök ve kök boğazı çürüklüğünde etkisi bulunmaktadır (Harman vd., 2004).

*Gliocladium spp.* : Antagonistik etki gösterir. *Rhizoctonia solani*, *Fusarium spp.* de etkili olabilmektedir (Yıldız ve Çoşkun, 2017).

### ***Entomopatojen Nematodlar ve Böcekler:***

Dolaylı yoldan etki gösterirler. Fasulyeye zarar veren zararlıları baskılayarak dolaylı olarak hastalık baskısını azaltabilirler (Ağım ve Kepenekçi, 2021).

### ***Bakteriyofajlar:***

Bakteriyofajlar, yalnızca bakterileri enfekte eden virüsler olup, tarımda zararlı bakteriyel patojenlere karşı yüksek özgülükte bir mücadele olanağı sunmaktadır (Jones vd., 2012). Özellikle *Xanthomonas axonopodis* gibi patojenlere karşı kullanılan bazı fajlar, hücre duvarını parçalayan endolizinler aracılığıyla enfeksiyonu etkili bir şekilde ortadan kaldırmaktadır (Balogh vd., 2010). Fajların kullanımında, farklı bakteri türlerine karşı çeşitli fajların karışımının kullanılması, patojenlerin direnç geliştirmesini engellemeye yardımcı olmaktadır (Buttimer vd., 2017).

Fajların, UV ışınları ve dış ortam koşullarından korunabilmesi amacıyla, çeşitli polimerik maddelerle kapsüllenmesi gibi yöntemler geliştirilmiştir (Svircev vd., 2018). Fajlar, doğrudan güneş ışığı ve yüksek sıcaklığa karşı duyarlı olduklarından, çevresel faktörlerin etkisi göz önünde bulundurularak uygun koşullarda uygulanmaları önemlidir. Ayrıca, bakteriyofajların ev sahibi bakterilere karşı olan dar biyolojik aralığı, uygulama esnasında dikkatli bir seçim yapılmasını gerektirir (Jones vd., 2012). Fajlar, *Bacillus* ve *Trichoderma* gibi diğer biyolojik kontrol ajanlarıyla entegre kullanılarak çok yönlü bir koruma sağlanabilir. Bu tür bir entegre yaklaşım, kimyasal pestisitlerin kullanımını azaltarak, sürdürülebilir tarım uygulamalarına katkı sağlamaktadır (Fravel, 2005).

## **2.4. Virüsler**

### **2.4.1. Morfoloji ve Sınıflandırma**

Virüsler, diğer mikroorganizmalardan belirgin bir şekilde farklı olan zorunlu hücre içi parazitlerdir. Bazı literatürlerde, bu organizmalar filtrenebilir ajanlar olarak tanımlanmıştır (Hughes, 1979) çünkü filtrasyon < 300 nm gözenek boyutu işlemi ile çoğu bakteri ve diğer mikroorganizmalardan ayrılabilirler. Ancak, bazı mikoplazmalar ve klamidyalar da 300 nm çapına kadar küçülerek bu filtreleme işleminden geçebilirler (Maclachlan ve Dubovi, 2010). Diğer taraftan, 750 nm çapında olan ve mimivirüs olarak bilinen, hatta 1000 nm'ye kadar büyüeyebilen pandora virüsleri de mevcuttur (MacLachlan ve Dubovi, 2017). Virüslerin, yalnızca canlı hücrelerde çoğalabilmeleri nedeniyle, canlı olmayan ortamlarda üretilmeleri mümkün değildir. Çoğalmaları için gereken çoğu kaynağı konak hücreden temin ederler. Ayrıca, virüslerin bazı diğer benzersiz özellikleri de vardır: İkili bölünme ile çoğalmazlar,

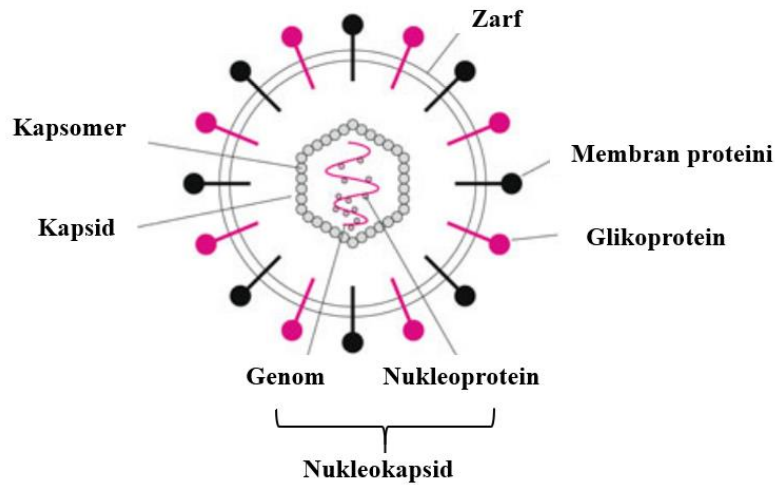
yalnızca DNA veya RNA genomları içerirler ancak her ikisini birden içermezler ve antibiyotiklere karşı duyarsızdırlar; bunun yerine interferonlara karşı duyarlıdırlar (Tablo 2.2) (Murphy vd., 1999).

**Tablo 2.2.** Tek hücreli mikroorganizmalar arasındaki temel özelliklerin karşılaştırılması

Özellik	Bakteriler	Mikoplazma	Rickettsia	Klamidya	Virüs
Boyut >300 nm	Evet	Evet	Evet	Evet	Hayır
Yapay ortamlarda büyür	Evet	Evet	Hayır	Hayır	Hayır
İkili fisyonla bölünür	Evet	Evet	Evet	Evet	Hayır
Hem DNA hem de RNA içerir	Evet	Evet	Evet	Evet	Hayır
Antibiyotiklere duyarlıdır	Evet	Evet	Evet	Evet	Hayır

**Kaynak:** (Murphy vd., 1999)

Virion, genomik RNA veya DNA'nın bir protein kılıfı ile çevrelendiği, virüs partikülünün enfeksiyöz formunu temsil eder (Şekil 2.5). Virüslerin genomu, tek sarmallı veya çift sarmallı olabilir ve doğrusal ya da dairesel yapıya sahip olabilir. Tek sarmallı genomlar, pozitif anlamlı, negatif anlamlı ya da ambisens olabilir. Bu yapılar, virüslerin enfeksiyöz süreçlerini yönlendiren temel genetik bilgilerdir (Burrell vd., 2016). Virüsler, genomları doğrusal ya da dairesel formlarda taşıyabilir ve bazıları birden fazla segment içerebilir. Özellikle tek sarmallı virüslerin genomu, pozitif anlamlı, negatif anlamlı ya da ambisens olabilir; bu durum, virüsün replikasyon sürecini ve konak hücreye zarar verme biçimini belirler (Gelderblom, 1996).



**Şekil 2.5.** Zarflı bir virionun yapısı

**Kaynak:** (Modrow vd., 2013)

Virüslerin genom yapısı, onların biyolojik özelliklerini ve evrimsel süreçlerini doğrudan etkileyen önemli bir faktördür. Virionun yapısı, hem virüsün konak hücreye girişi hem de çoğalma yeteneği üzerinde etkili olan bir dizi moleküler etkileşime sahiptir. Bu nedenle, virüslerin genom yapıları, sağlık ve tarım gibi alanlarda hastalık yönetimi stratejilerini şekillendiren temel unsurlardır (LaTourrette ve Garcia-Ruiz, 2022).

Virüslerin genomik RNA veya DNA'sı, çeşitli viral proteinlerin kodlanmasını sağlar. Virion içerisinde yer alan bu viral proteinler, yapısal olmayan proteinler olarak sınıflandırılabilir. Yapısal olmayan proteinler, virüsün yaşam döngüsünde üretilen, ancak fiziksel olarak virionun yapısına dahil olmayan proteinlerdir (Gupta, 2018). Bununla birlikte, bazı virionlar, bir sonraki replikasyon döngüsünün başlangıcında kullanılan, az miktarda olsa da yapısal olmayan proteinleri içerebilirler. Örneğin, viral polimeraz gibi proteinler, bu grup altında yer alır. Viral polimerazların virionlar içinde paketlenme durumu, virüsün replikasyon stratejilerine ve viral replikasyonun gerçekleştiği hücre içi bölgelere sitoplazma ve/veya çekirdek bağlı olarak değişir (Choi, 2011; Gupta, 2018).

Virionun yapısını inceleyecek olursak içerisinde viral genom, viral protein alt birimlerinden kapsomer oluşan bir protein kılıfı kapsid ile çevrilidir. Viral genom, kapsid ile birleştiğinde nükleokapsidi oluşturur. Zarfsız virüs olarak adlandırılan virüslerde nükleokapsid dış bir yapı ile kaplanmamıştır. Bazı virüslerde ise nükleokapsid, nükleokapsid hücre zarından geçerken edinilmiş bir zarf yani sitoplazmik, intrasitoplazmik veya nükleer zar ile kaplıdır. Hücre zarından geçme yani tomurcuklanma sürecinde, viral zarfın temel bileşeni olan lipid çift tabakası tomurcuklandığı hücre zarıyla aynı yapıda olabilmektedir. Zarflı bir virionun yüzeyinde ek olarak virüs kodlu proteinler bulunmaktadır. Bu proteinler zarf ile nükleokapsid arasında bulunan matris proteinine bağlıdır. Bu zarf proteinleri virüs bağlanmasında ve salınımı gibi rollerde önemli rol oynar (Gelderblom, 1996). Ek olarak zarflı virüsler, dış ortam koşullarına karşı daha hassastır. Zarfsız virüsler ise çevreye daha dayanıklıdır (Kotwal ve Cannon, 2014; Wigginton ve Boehm, 2020).

Virüsler, boyut ve morfoloji bakımından geniş bir çeşitlilik sergiler (Tablo 2.3). Viral morfolojinin iki temel unsuru, nükleokapsid simetrisi ve virion morfolojisidir. Nükleokapsid simetrisi genellikle ikosahedral izometrik, helezoni veya kompleks yapılar olarak sınıflandırılır (Condit, 2007; Maclachlan ve Dubovi, 2010).

Virüsler ilk kez; ilişkili oldukları hastalıklar, buldukları coğrafi bölgeler, bulaşma vektörleri ve diğer belirgin özellikleri temel alınarak dört ana sınıfa ayrılmıştır. Ancak, virüslerin keşfi ilerledikçe, bu dört sınıfın virüslerin tüm çeşitliliğini yansıtmadığı anlaşılmıştır.

Bu eksikliği giderebilmek amacıyla uluslararası bir taksonomi sistemi geliştirilmiş ve 1966 yılında Uluslararası Virüs Taksonomisi Komitesi (ICTV) kurulmuştur (Adams vd., 2015). Virüslerin sınıflandırılması, genetik materyallerinin RNA veya DNA içermesi, virion yapısının dairesel veya doğrusal olması, morfolojik özellikleri, hastalık etkileşimleri, çoğalma yöntemleri, konukçu ilişkileri ve daha birçok faktöre göre yapılmaktadır (Kabil ve Onat, 2020). Bugün, bu sınıflandırmalarda iki ana sistem yaygın olarak kullanılmaktadır: Baltimore sınıflandırması ve ICTV sınıflandırması (Baltimore, 1971; Uzunoğulları ve Gümüş, 2017).

*Baltimore sınıflandırma:*

I- ds DNA virüsleri (Çift iplikli DNA virüsleri); Adenoviruses, Herpesviruses, Poxviruses vs.

II- ss DNA virüsleri (+) sense (Tek iplikli DNA virüsleri); Parvoviruses vs.

III-ds RNA virüsleri (Çift iplikli RNAvirüsleri); Reoviruses vs.

IV-ss RNA virüsleri (+) sense (Pozitif polariteli tek iplikli RNA virüsleri); Picornaviruses, Togaviruses vs.

V- (-) ss RNA virüsleri (Negatif polariteli tek iplikli RNA virüsleri); Orthomyxoviruses, Rhabdoviruses

VI- ss RNA-RT virüsleri; Retroviruses vs.

VII- ds DNA-RT virüsleri; Hepadnaviruses vs.

*ICTV sınıflandırması:*

Takım (virales), familya (viridae), alt familya (virinae), cins (virüs), tür (virüs)

It familya--virinae

Cins--virus

Tür--virus

Virüs familyası	Çap(nm)	Zarf	Simetri	Kapsomer	Etere duyarlılık
DNA virüsleri (familyalar)					
<b>Adenoviridae</b>	70-90	-	İkosahedral	252	Duyarsız-Ölmez
<b>Hepadnaviridae</b>	42	+	İkosahedral	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Herpesviridae</b>	150	+	İkosahedral	162	Duyarlı-Ölür
<b>Iridoviridae</b>	125-300	+	İkosahedral	1892	Duyarlı-Ölür
<b>Papovaviridae</b>	45-55	-	İkosahedral	72	Duyarsız-Ölmez
<b>Parvoviridae</b>	18-26	-	İkosahedral	32	Duyarlı/Duyarsız
<b>Poxviridae</b>	230x400	+	Kompleks	Bilinmiyor	Duyarsız-Ölmez
RNA virüsleri (familyalar)					
<b>Arenaviridae</b>	110-130	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Birnaviridae</b>	60	-	İkosahedral	92	Duyarsız-Ölmez
<b>Bunyaviridae</b>	90-120	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Caliciviridae</b>	35-40	-	İkosahedral	32	Duyarsız-Ölmez
<b>Coronaviridae</b>	75-160	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Filoviridae</b>	790-970x80	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Flaviviridae</b>	40-50	+	İkosahedral	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Orthomyxoviridae</b>	80-120	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Paramyxoviridae</b>	150-300	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Picornaviridae</b>	25-30	-	İkosahedral	32	Duyarsız-Ölmez
<b>Reoviridae</b>	60-80	-	İkosahedral	Bilinmiyor	Duyarsız-Ölmez
<b>Retroviridae</b>	80-100	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Rhabdoviridae</b>	75x180	+	Helikal	Bilinmiyor	Duyarlı-Ölür
<b>Togaviridae</b>	50-70	+	İkosahedral	60	Duyarlı-Ölür

**Tablo 2.3.** DNA ve RNA virüslerinin morfolojik özellikleri

**Kaynak:** (İ.Ü., 2014)

## 2.4.2. Toprak virüsleri

Virüsler, Dünya üzerindeki en yaygın biyolojik varlıklardır ve topraklarda yaklaşık  $4,88 \times 10^{30}$  virüs benzeri partikül bulunduğu, bu partiküllerin küresel viral bolluğun yaklaşık %10'unu oluşturduğu belirtilmektedir (Han vd., 2022). Her ne kadar yaygın olsalar da toprak virüsleri mikrobiome ekolojisinde uzun süre boyunca genellikle göz ardı edilmiştir. Bunun başlıca nedeni, bu virüslerin izolasyonu ve karakterizasyonundaki metodolojik zorluklardır (Emerson vd., 2018). Ancak son yıllarda yapılan araştırmalar, toprak virüslerinin mikrobiyal toplulukları düzenleme ve biyojeokimyasal süreçlere etki etmedeki önemli rollerini ortaya

koymaktadır. Toprak virüsleri, konakçıları kadar bol miktarda bulunmakta olup, hatta bazı arařtırmalara göre konakçılarından daha fazla sayıda oldukları öne sürölmektedir. Bu sebeplerden dolayı daha önce dizilenmiř 2.953 toprak metagenomundan derlenen, 616.935 ekilmemiř viral genom ve 38.508 benzersiz viral operasyonel taksonomik birimden oluřan kapsamlı bir veri seti olan Küresel Toprak Virüsü Atlası oluřturulmuřtur (Graham vd., 2024).

Toprakların genellikle her gramında  $10^7$  ile  $10^{10}$  arasında virüs barındırdığı tahmin edilmektedir (Ashelford vd., 2003; Gonzalez-Martin vd., 2013; Helsley vd., 2014). Toprak virüsleri toprakta oldukça yaygındır, ancak toprak matrisinin fiziksel karmařıklığı, habitatlara özgü virüs çeřitliliğı ve genetik bilgi eksiklikleri nedeniyle bu virüslerin incelenmesi oldukça zordur. Ayrıca, farklı yařam döngülerindeki virüslerin tespiti, DNA ve RNA virüslerine yönelik mevcut biyoinformatik yöntemlerin sınırlamaları da bu çalıřmaları zorlařtırmaktadır. Toprak türleri değıřtikçe, farklı virüs türlerinin tipleri ve yoğunluklarında da değıřkenlik gözlemlenmektedir (Williamson vd., 2005). Virüslerin bakteri oranları, toprağın türüne, derinliğıne ve çevresel kořullara baėlı olarak farklılık göstermektedir. Toprağın nem oranı, pH deėeri, biyotik ve abiyotik faktörler, virüslerin topluluk yapısını ve aktivitelerini etkileyebilir (Fierer ve Jackson, 2006; Jansson ve Hofmockel, 2020). Özellikle bitkilerin varlığı, rizosfer topraklarında farklı viral toplulukların gözlemlenmesine yol açmaktadır (Starr vd., 2019; Bi vd., 2021). Toprak heterojenitesi de viral aktiviteyi ve virüs türlerini etkileyen önemli bir faktördür. Toprak agregatları içindeki mikroniřler, virüs-toprak iliřkisini önemli ölçüde şekillendirmektedir (Jansson ve Hofmockel, 2020).

Virüsler, mikrobiyal hücreleri parçalayarak organik madde ve besin maddelerini serbest bırakır. Bu süreç, toprakta karbon ve azot döngüsünde yer alan mikrobiyal süreçleri düzenleyerek sera gazı emisyonlarını etkileyebilir. Ayrıca, bazı virüsler, konak organizmaların metabolik yollarını modüle edebilecek ve ekosistem içerisindeki besin dönüşümlerini ile enerji akıřını daha da etkileme potansiyeline sahip yardımcı metabolik genler tařır (Trubl vd., 2018). Virüsler, toprak mikroorganizmaları arasında yatay gen transferini teřvik ederek genetik çeřitliliğı ve adaptasyonu artırır. Bu genetik deėiřim, mikrobiyal iřlevler ve çevresel deėiřimlere karřı dayanıklılığı etkileyebilir, böylece ekosistemlerin bozulmalara karřı verdikleri tepkileri şekillendirebilir (Paez-Espino vd., 2016).

Toprak virüslerinin tespitine yönelik çeřitli yöntemler geliřtirilmiřtir, bunlar arasında özellikle bakteriyofajlar üzerinde yoğunlařılmaktadır (Hurst vd., 1980). Bakteriyofajlar, litik enfeksiyonlar aracılıėıyla bakteri popölyasyonlarını düzenleyerek mikrobiyal topluluk yapısını ve dinamiklerini etkiler (Emerson vd., 2018). Toprak fajlarının tespiti için kullanılan bir

yöntem, mikroskopla doğrudan sayım yapmaktır (Ashelford vd., 2003). Ayrıca, toprak metagenomlarından fajlar ve diğer viral dizilerin tespiti dizileme teknikleriyle gerçekleştirilebilmektedir. Viral fraksiyonun zenginleştirilmesi, dizileme öncesinde yapılan bir adım olup, bu süreç tespiti daha verimli hale getirmektedir (Santos-Medellin vd., 2021).

#### 2.4.2.1. Toprak DNA virüsleri

Topraklar, bakteriler, arkeler, mantarlar ve virüsler gibi birçok mikroorganizmaya ev sahipliği yapan, Dünya'nın en karmaşık ve biyolojik çeşitliliğe sahip yaşam alanlarından biridir. Bugüne kadar toprakta tespit edilen virüslerin büyük bir kısmı, bakteriyel konakçılara sahip çift sarmallı DNA (dsDNA) virüsleri olan bakteriyofajlardır (Williamson vd., 2005; Williamson vd., 2017). Bu dsDNA virüslerinin genom büyüklükleri, birkaç kilobazdan birkaç megabaza kadar değişiklik gösterebilmektedir. Örneğin, çayır topraklarında bulunan ve 636 kilobazlık dairesel genoma sahip bir bakteriyofaj, toprakta bulunan konağın hayatta kalmasını etkileyen sporülasyon proteinini kodlayan genler içermektedir (Al-Shayeb vd., 2020). En büyük bilinen dsDNA virüsleri, nükleositoplazmik büyük DNA virüsleri olarak bilinen dev virüslerdir (Raoult vd., 2004; Fischer, 2016). Bu dev virüsler, 30. 000 yıl öncesine tarihlenen eski permafrost topraklarından izole edilmiştir (Legendre vd., 2015).

Toprakta bulunan dsDNA virüsleri, çeşitli morfolojilere sahip olup, virion boyutlarında da farklılık göstermektedir (Tablo 2.4). Myoviridae, Podoviridae ve Siphoviridae ailelerine ait kuyruklu fajlar, en çeşitli olanlardandır ve birden fazla konakçı türünü enfekte etme potansiyeline sahiptirler. Bu fajlar, toprakta yaygın olarak bulunmakta olup (Adriaenssens vd., 2017; Liang vd., 2019) bakteriyel çeşitlilikle istatistiksel olarak anlamlı bir şekilde pozitif ilişki göstermektedir.

**Tablo 2.4.** Toprak ortamlarında tanımlanan başlıca DNA virüs aileleri

Aile	Genom Tipi	Konak Aralığı	Önemli Özellikler	Ekolojik rol
<i>Siphoviridae</i>	dsDNA	Bakteri	Uzun, kontraktıl olmayan kuyruklar	Litik ve lizojenik döngüler; besin salınımı
<i>Myoviridae</i>	dsDNA	Bakteri	Kontraktıl kuyruklar, geniş konak aralığı	Geniş konak aralığı; yapısal çeşitlilik
<i>Podoviridae</i>	dsDNA	Bakteri	Kısa, kontraktıl olmayan kuyruklar	Hızlı enfeksiyon kinetiği
<i>Mimiviridae</i>	dsDNA	Amip	Büyük genomlar, karmaşık replikasyon döngüleri	Karmaşık replikasyon; gen rezervuarı
Sınıflandırılmamış	dsDNA/ssDNA	Çeşitli	Bilinmeyen, genellikle yeni diziler	Bilinmiyor; potansiyel genetik

**Kaynak:** (Adriaenssens vd., 2017).

Toprak DNA virüslerinin tespiti ve analizi, toprak matrislerinin karmaşık yapısı ve viral partiküllerin diğer mikroorganizmalara kıyasla düşük bolluğu gibi önemli teknik zorluklarla karşılaşmaktadır. Günümüzde, bu zorlukları aşmak amacıyla filtrasyon, ultra santrifüjleme ve nükleaz işlemleri gibi fiziksel ve enzimatik zenginleştirme teknikleri kullanılmaktadır. Zenginleştirme işlemi sonrasında DNA çıkarılır ve ardından yeni nesil dizileme (NGS) yöntemleriyle analiz edilir (Parreira, 2018).

Litik döngüde, virüsler bakteriyel konakçıları enfekte ederek, hücresel çoğalma mekanizmalarını ele geçirir ve ardından konak hücrelerini lize ederek yeni virionlar ve hücresel içerikleri toprak matrisine salıverir. Bu süreç, besin geri dönüşümüne katkı sağlar ve organik maddelerin daha yüksek trofik seviyelerden mikrobiyal besin ağlarına yeniden yönlendirilmesini sağlayan "viral şant" etkisini tetikler. Lizojenik döngüde ise, viral genomlar konakçı DNA'sına entegre olur ve profajlar olarak uykuda kalır, konakçı ile pasif olarak çoğalırlar. Ancak, stres koşulları veya çevresel sinyaller altında, bu profajlar yeniden aktive olarak litik döngüye geçebilirler. Lizojenik dönemde, viral genler konakçı metabolizmasını değiştirebilir, abiyotik strese karşı toleransı artırabilir veya genetik çeşitliliği sağlayarak gen değişimi süreçlerini destekleyebilir (Evans vd., 2021; Tong vd., 2023). Virüsler, mikrobiyal evrim ve adaptasyon üzerinde önemli bir etki yaratarak güçlü bir yatay gen transferi HGT aracı olarak işlev görür. Bu virüsler, transdüksiyon ve gen paketleme hataları gibi mekanizmalarla, antibiyotik direnci, metabolik esneklik ve virülans gibi özellikleri etkileyerek mikrobiyal taksonlar arasında işlevsel gen aktarımına katkı sağlar (Koonin ve Krupovic, 2018).

Tek sarmallı DNA (ssDNA) virüslerinin incelenmesi, çift sarmallı DNA (dsDNA) virüslerine kıyasla daha zordur, çünkü dsDNA virüslerinin DNA dizileme tekniklerine yönelik araştırmalar daha yoğun bir şekilde yapılmaktadır. ssDNA virüsleri, farklı toprak örneklerine bağlı olarak çeşitlilik göstermektedir. Microviridae, Circoviridae ve Genomoviridae gibi aileler, toprakta yaygın olarak tespit edilen ssDNA virüsleri arasında yer alır (Han vd., 2022). Microviridae ailesi, özellikle enterobakterileri enfekte eden virüsleri içerir. Diğer ssDNA virüs aileleri ise ökaryot organizmalarda enfeksiyona yol açar (Trubl vd., 2018). Ayrıca, ssDNA virüslerinin genetik yapıları, yüksek mutasyon oranları ile tanınır ve bu özellikleri, onların evrimsel çeşitliliğine katkıda bulunur (Malathi ve Renuka Devi, 2019).

#### **2.4.2.2. Toprak RNA Virüsleri**

Toprak RNA virüslerinin izole edilmesi, DNA virüslerine kıyasla daha zor olduğu için bu tür virüsler, dsDNA virüslerine oranla daha az araştırılmıştır. Bu virüsler genellikle ökaryotik mikroorganizmaları, örneğin mantarları ve protozoaları hedef alırken, aynı zamanda bitkiler ve

nematodlar üzerinde de enfeksiyon oluşturabilirler. Ekolojik rollerine bakıldığında, bu virüslerin konak fizyolojisini düzenleme, yatay gen transferine katılma ve dolaylı olarak besin döngülerini etkileme gibi önemli işlevleri olduğu görülmektedir (Wolf vd., 2020).

Çayır toprakları incelendiğinde, bu ortamda yüksek miktarda RNA fajının bulunduğu gözlemlenmiştir. Farklı çayır lokasyonları, o bölgedeki RNA virüslerinin çeşitliliğini yansıtmaktadır. Örneğin, Reoviridae ailesine ait virüsler Kansas, ABD'de yaygın olarak bulunurken, Kaliforniya'da tespit edilememiştir (Wu vd., 2021). RNA virüslerinin yüksek mutasyon hızlarına sahip olmaları ve hızlı çoğalma kapasiteleri, viral evrim ve çeşitlenme süreçlerini yönlendirir. Özellikle segmentli RNA virüslerinde, rekombinasyon ve yeniden çeşitlenme olayları yaygın olarak meydana gelir. Bunun yanı sıra, bazı RNA virüsleri, konakçıları aynı anda enfekte ederek ve konakçıların gen düzenleyici sistemleriyle etkileşime girerek yatay gen transferini kolaylaştırabilirler (Dolja ve Koonin, 2018).

RNA virüslerinin tamamında bulunan RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (RdRP) enzimi, filogenetik analizlerde güvenilir bir sınıflandırma belirteci haline getirmektedir (Koonin ve Krupovic, 2018; Venkataraman vd., 2018). Bu belirteç kullanılarak yapılan sınıflandırmalarla, toprak kökenli RNA virüslerinin büyük çoğunluğu tanımlanabilmiş, yalnızca yaklaşık %10'u sınıflandırılmamıştır. Morfolojik olarak DNA virüslerine benzemekle birlikte, RNA virüsleri genellikle daha küçük yapıya sahiptir. *Lenarviricota* şubesi, özellikle *Leviviridae* familyasına sahip virüsleri içermesiyle çayır topraklarında en fazla çeşitliliği gösteren gruplardan biridir ve küresel ölçekte en zengin toprak RNA viromlarını oluşturmaktadır (Starr vd., 2019; Wu vd., 2021). Bununla birlikte, *Pisuviricota* ve *Kitrinoviricota* şubeleri de topraklarda yüksek çeşitliliğe sahip diğer RNA virüs gruplarını oluşturur. *Lenarviricota*, *Kitrinoviricota* ve *Pisuviricota*'nın bazı üyeleri pozitif anlamlı tek sarmallı RNA (ssRNA) virüsleri iken, *Negarnaviricota* üyeleri negatif anlamlı RNA (ssRNA) virüsleri olarak bilinir. Diğer sınıflar ise çift sarmallı RNA (dsRNA) virüslerinden oluşmaktadır. Yapılan karşılaştırmalar, pozitif anlamlı ssRNA virüslerinin küresel ölçekte analiz edilen toprak viromları arasında en fazla çeşitliliğe sahip grup olduğunu ortaya koymuştur (Wolf vd., 2020; Neri vd., 2022).

## 2.5. Viral Sınıflandırmada Kullanılan Moleküler Yöntemler

Viral sınıflandırma, viral çeşitliliği, evrimsel süreçleri ve patogenezi anlamak açısından virolojinin temel unsurlarından birini teşkil eder. Geleneksel taksonomi, virion morfolojisi, replikasyon stratejileri ve konak aralığı gibi fenotipik özelliklere dayanmaktaydı. Bununla birlikte, moleküler yöntemlerin gelişimi, viral sınıflandırma sistemlerinin çözünürlük ve doğruluk açısından önemli ölçüde iyileşmesini sağlamış, bu da yeni virüslerin tanımlanması ve

bunların filogenetik ilişkilerinin daha net bir şekilde anlaşılmasına olanak tanımıştır (Simmonds ve Aiewsakun, 2018).

### **2.5.1. Dizileme Temelli Yöntemler**

#### **2.5.1.1. Yeni Nesil Dizileme**

Tarihsel olarak önemli olmasına rağmen Sanger dizilemesi, kapsamlı, yüksek verimli genomik analizlere olanak tanıyan Yeni Nesil Dizileme (NGS) tarafından büyük ölçüde yerinden edilmiştir. NGS, tüm viral genomların dizilenmesini kolaylaştırır ve karşılaştırmalı genomik, rekombinant suşların tespiti ve filogenetik sınıflandırmaya olanak tanır. NGS'nin ölçeklenebilirliği, onu virüs keşfinde ve viral taksonominin iyileştirilmesinde vazgeçilmez hale getirmiştir (Boonham vd., 2014; Greninger vd., 2015; Cantalupo ve Pipas, 2019).

Moleküler filogenetik, modern viral sınıflandırmanın temelini oluşturur. Araştırmacılar, dizi hizalaması ve ağaç oluşturma algoritmalarını kullanarak taksonomik çerçeveleri bilgilendiren evrimsel ilişkileri açıklığa kavuşturur (Fauquet vd., 2005; Sinclair vd., 2017).

#### **2.5.1.2. Metatranskriptomik ve Virom Dizileme**

Bir örnekten toplam RNA'nın dizilenmesi olan metatranskriptomik, transkripsiyona uğramış viral genomları belirleyerek aktif viral enfeksiyonları yakalar. Bu yöntem, virüs-konak etkileşimleri, viral gen ifadesi ve çevresel viromlar hakkında içgörüler sağlar (Paez-Espino vd., 2016).

#### **2.5.1.3. RdRp Gen Profillemesi**

RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (RdRp), RNA virüsleri arasında oldukça korunan bir genidir. RdRp dizilerinin profillemesi, kültürlenmiş izolatları olmayanlar da dahil olmak üzere çeşitli RNA virüslerinin sınıflandırılmasını kolaylaştırır. RdRp gen filogenileri, yeni virüslere taksonomik statü atamak ve evrimsel ilişkileri anlamak için sağlam bir çerçeve sağlar (Koonin ve Krupovic, 2018; Venkataraman vd., 2018; Olendraite vd., 2023).

### **2.5.2 PZR Temelli Yöntemler**

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ve RNA hedefli varyantı Ters Transkripsiyon PZR (RT-PZR), moleküler virolojide temel teknolojilerdir. PZR, termal döngü yoluyla hedef DNA dizilerinin çoğaltılmasını sağlarken, RT-PZR, viral RNA'nın tamamlayıcı DNA'ya (cDNA) dönüştürülmesini ve ardından çoğaltılmasını sağlar. Bu yöntemler son derece spesifik ve hassastır ve virüslerin korunan genomik bölgelere göre tespitini ve ön sınıflandırmasını

kolaylaştırır. Ayrıca, yüksek özgüllük ve duyarlılık sunan, belirli nükleik asit dizilerinin enzimatik amplifikasyonuna dayanmaktadır (Clementi vd., 1993; Bachman, 2013)

DNA virüsleri için; taq polimeraz gibi termostabil DNA polimerazları kullanır ve viral genomun korunan veya değişken bölgelerinin hızlı ve kesin bir şekilde tanımlanmasına olanak tanır. RT-PZR, RNA virüslerini tespit etmek için önce RNA'yı ters transkriptaz yoluyla cDNA'ya dönüştürerek kullanılır. Bu cDNA daha sonra PZR amplifikasyonu için bir şablon görevi görür (Clementi vd., 1993; Nie ve Singh, 2001; Bachman, 2013). RT-PZR'ın yanında dizilişi bilinmeyen ve az bilinen DNA fragmentleri için yapılan RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) PZR bulunmaktadır. RAPD PZR özellikle popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği araştırmak için de kullanılabilir. Dizisi tam olarak bilinmeyen ve tespit edilmek istenen viral popülasyonlar arasındaki bağlantıyı ve çeşitlilik durumu içinde RAPD PZR kullanılabilir (Aydın, 2004).

PZR tabanlı yöntemler sadece virüslerin tanımlanmasına değil aynı zamanda moleküler epidemiyolojiye de katkı sağlayarak, viral suşların ve genotiplerin tek nükleotid polimorfizmlerine (SNP) veya değişken bölgelere göre ayırt edilmesine olanak sağlamaktadır (Huard vd., 2003; Watzinger vd., 2006).

Gerçek zamanlı kantitatif PZR (qPZR), amplifikasyonun gerçek zamanlı izlenmesine izin veren floresan probaları dahil ederek geleneksel PZR'nin yeteneklerini genişletir. Bu teknik yalnızca viral nükleik asitlerin varlığını doğrulamakla kalmaz, aynı zamanda bunları niceliksel olarak belirleyerek viral yük değerlendirmelerine ve genotiple farklılaşmaya olanak tanır. qPZR, hem klinik teşhislerde hem de araştırmalarda yaygın olarak kullanılır ve genotip-spesifik dizileri hedefleyerek sınıflandırmaya katkıda bulunur (Gibson vd., 1996; Heid vd., 1996; Mackay vd., 2002).

### 2.5.3. Diğer Yöntemler

**CRISPR Tabanlı Teknolojiler:** Düzenli Aralıklı Kısa Palindromik Tekrarlar (CRISPR) kümeleme sistemleri, özellikle CRISPR-Cas13, yakın zamanda virüs tespiti için uyarlanmıştır. Bu sistemler, belirli viral RNA dizilerini hedefleyerek, yüksek özgüllüğe sahip hızlı, bakım noktasında teşhis sunar. CRISPR araçları, öncelikle tanı amaçlı olsa da, viral genotipleme ve işlevsel genomik için de potansiyel taşıyıcıdır (Gootenberg vd., 2017).

**DNA Microarrays:** DNA Microarrays, viral nükleik asitlerin binlerce oligonükleotid probuna eş zamanlı hibridizasyonuna izin vererek bilinen ve yakından ilişkili viral türlerin tanımlanmasını kolaylaştırır. Sınırlı dinamik aralık ve hassasiyet nedeniyle NGS'den daha az

yaygın olarak kullanılsa da, viral gözetim ve ön taksonomik sıralama için yararlı olmaya devam etmektedir (Wang vd., 2003)

***Restriksiyon Parçası Uzunluk Polimorfizmi (RFLP):*** RFLP, Restriksiyon endonükleazları ile viral DNA'nın sindirilmesini ve ardından elektroforetik ayırmayı gerektirir. Ortaya çıkan restriksiyon fragmentleri yakından ilişkili viral suşlar arasında ayırım yapan moleküler parmak izleri olarak hizmet eder. Birçok uygulamada dizileme ile yer değiştirmiş olsa da RFLP, kaynak sınırlı ortamlarda suş tiplemesi için değerini korur (Tanaka vd., 2001; Verna vd., 2017).

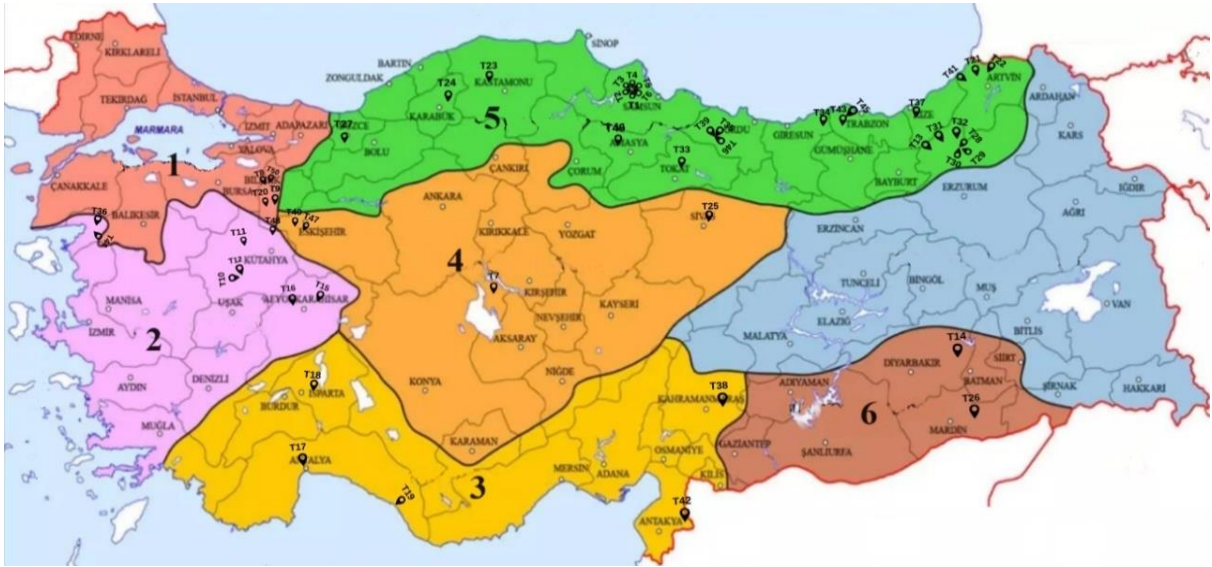
***Elektron Mikroskobu (EM):*** Moleküler olmasa da elektron mikroskobu EM virüs sınıflandırmasında hayati bir tamamlayıcı teknik olmaya devam etmektedir. EM, virion morfolojisini görselleştirerek yapısal ailelerin tanımlanmasına yardımcı olur (Goldsmith ve Miller, 2009).

***Nükleik Asit Dizisi Tabanlı Amplifikasyon (NASBA):*** NASBA, RNA hedefleri için optimize edilmiş bir izotermal yöntemdir. Ters transkriptaz, RNase H ve T7 RNA polimerazın uyumlu eylemi yoluyla RNA'yı çoğaltır. NASBA, enterovirüsleri ve HIV'i tespit etmede etkili bir şekilde kullanılmış olup, bakım noktasında hızlı sonuçlar sunmaktadır (Compton, 1991; Lau vd., 2004; Fakruddin vd., 2012).

### 3. MATERYAL METOT

#### 3.1. Çalışma Materyali

Çalışma materyali olarak fasulye yetiştirilen bölgelere ait mayıs- ağustos mevsim aralığı içerisinde 44 farklı lokaliteden 50 toprak örneği (Tablo 3.1.) toplanmıştır. Toprak örnekleri Ege, Marmara, İç Anadolu, Karadeniz, Akdeniz ve Güneydoğu Anadolu bölgelerine ait farklı lokalitelerden, fasulye tarımı yapılan toprağın yaklaşık 30 cm kadar alt kısmından toplanmıştır (Şekil 3.1). Alınan bu örnekler deneyde kullanılmak üzere çalışmalar yapılana kadar siyah bir poşet içerisinde ışık almayacak şekilde oda ısısında muhafaza edilmiştir. Bakteriyofaj çalışmaları için konakçı olarak Eskişehir Tarımsal Araştırma Enstitüsünden temin edilen *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (PSPM3, PSP14) ve *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* fasulye patojeni bakteri kültürleri, kontrol grubu için *Rhizobium* sp. bakterisi kullanılmıştır.



Şekil 3.1. Toprak örneği lokasyonlarını ve coğrafi bölgeleri gösteren Türkiye haritası.

1: Marmara Bölgesi, 2: Ege Bölgesi, 3: Akdeniz Bölgesi, 4: İç Anadolu Bölgesi, 5: Karadeniz Bölgesi, 6: Güneydoğu Anadolu Bölgesi

**Tablo 3.1.** Fasulye yetiştirilen Türkiye'nin farklı bölge ve şehirlerine ait 50 toprak örneğinin lokalite bilgileri

<b>Toprak Numuneleri</b>	<b>Mevki</b>	<b>Son 5 Yıldır Fasulye mi Ekiliyor</b>	<b>Kimyasal Kullanımı</b>	<b>Son Yıllarda Hastalık Görüldü Mü</b>	<b>Kullanılan Gübre Türü</b>
<b>T1</b>	Samsun 1-Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Çayır Mah.	Evet	X	Susuzluk Kaynaklı Bitlenme	Hayvansal Gübre
<b>T2</b>	Samsun 2-Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Çayır Mah./Çamdüz Mevki	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T3</b>	Samsun 3- Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Mermer Mevki	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T4</b>	Samsun 4- Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Mermer Mevk	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T5</b>	Samsun 5-Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Yağbasan Mevki	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T6</b>	Samsun 6- Samsun/Atakum/Kasnakçı Mermer Köyü/Burunalan Mevki.	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T7</b>	Ankara/Şereflikoçhisar/Kacarlı Köyü	Farklı Sebzelerde Ekildi	Arsuva-Kükürt	X	Humus/İnce Torf
<b>T8</b>	Bilecik/Kepirler Köyü	Evet	X	X	Gübre Kullanılmamış
<b>T9</b>	Bilecik/Kızıldamlar	Evet	X	Susuzluk Kaynaklı Bitlenme	Hayvansal Gübre
<b>T10</b>	Kütahya/Emet/Yenice	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T11</b>	Kütahya/Tavşanlı	5 Yıl Öncesinde Ekim Yapılmış	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T12</b>	Kütahya/Emet/Boztepe	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T13</b>	Erzurum 1-İspir	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T14</b>	Diyarbakır-Silvan	Son 1 Yıldır	X	X	Solucan Gübresi
<b>T15</b>	Afyon-Çobansargı-Tarla Kenarı	Tarla Kenarı	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T16</b>	Afyon-Saldıkbey İle 4yol Arası	Evet	X	X	Hayvansal Gübre

<b>T17</b>	<b>Antalya-Fatih</b>	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T18</b>	Isparta-Savköy	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T19</b>	Antalya-Side-Kumköy	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T20</b>	Bilecik-Elmalı Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T21</b>	Artvin-Borçka-Akpınar Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T22</b>	Artvin-Borçka-İbrikli-Kasimet Mah.	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T23</b>	Kastamonu-Daday-Karaağaç Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T24</b>	Karabük-Eflani İlçesi-Bostancı Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T25</b>	Sivas	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T26</b>	Mardin-Midyat	5 Yılda Önce Ekim Yapılmış	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T27</b>	Düzce/Gölyaka/Saçmalıpınar Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T28</b>	Erzurum 2-İspir-Devedağı Mah.	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T29</b>	Erzurum 3-İspir-Devedağı Mah.	3 Yıldır	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T30</b>	Erzurum 4-İspir-Devedağı Mah.	2 Yıldır	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T31</b>	Erzurum 5-İspir-Öztoprak Mah.	3 Yıldır	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T32</b>	Erzurum 6-İspir-Numanpaşa Mh.	1 Yıldır	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T33</b>	Tokat/Niksar/Derebağ Mahallesi	5 Yıldır	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T34</b>	Giresun/Görece/Esenyurt Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T35</b>	<b>Ordu/Akkuş 1</b>	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T36</b>	Balıkesir/Edremit	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T37</b>	Rize/Kaplıcalar	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T38</b>	Kahramanmaraş/Dulkadiroğlu İlçesi/Ayaklıcaoluk/Üçdud Mevki	Evet	X	X	Gübre Kullanılmamış
<b>T39</b>	Ordu/Akkuş 2	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T40</b>	Eskişehir/Çukurhisar Mevki	Evet	X	X	Hayvansal Gübre

**Tablo 3.1.** tablonun devamı

<b>T41</b>	Artvin /Arhavi /Musazade Mahallesi	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T42</b>	Hatay/ Reyhanlı/Karasüleymanlı Mahallesi	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T43</b>	Trabzon/Vakfikebir/Karatepe Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T44</b>	Balıkesir/Burhaniye/Pelitköy Mahallesi	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T45</b>	Trabzon/Vakfikebir/Semizoglu Köyü	Farklı Sebzelelerde Ekildi	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T46</b>	Ordu/Akkuş 3	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T47</b>	Eskişehir/Karacaşehir Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T48</b>	Kütahya/Akpınar Köyü	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T49</b>	Amasya/Merzifon	Evet	X	X	Hayvansal Gübre
<b>T50</b>	Bilecik/Kepirler Köyü 1	5 Yıldan Önce Ekim Yapılmış	X	X	Gübre Kullanılmamış

**Tablo 3.1.** tablonun devamı

### 3.1.1. Toprak Numunesi İçin Ön İşlem

50 mL'lik falcon tüplerinde Luria Broth (LB) ile muamele edilmiş örnekler +4°C'de tutulmuştur. Santrifüj edilen örnekler 0.22 µm çaplı mikropor filtrelerden geçirilmiştir. Tüm numune aktarımı gerçekleştirildikten sonra steril falconların ağzı sıkı bir şekilde kapatılıp etiketlenerek +4°C'de muhafaza edilmiştir.

### 3.1.2. Konakçı Bakteri Kültürünün Büyütülmesi

Etiketli ve steril 15ml Falcon tüpe LB eklenerek *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* (PSPM3, PSP14) ve *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* bakteri kültürleri 28°C'de 150 rpm' de etüvde inkübe edilmiştir. Bu işlem faj taraması için kullanılacak olan tüm bakteri türleri için tekrar edilmiştir.

### 3.1.3. Bakteriyofaj Testleme Çalışmaları

Testler iki ayrı yöntem kullanılarak çift paralel çalışma şeklinde gerçekleştirilmiştir. Her iki yöntemle de elde edilen sonuçlar karşılaştırılarak verilerin teyidi sağlanmıştır. LB agar içeren steril petrilere bakteri kültürü yayıldıktan sonra, petrilere test işlemleri gerçekleştirilmiştir. Deney sırasında bakteri kontrol grubu olarak *Rhizobium sp.* bakterisi kullanılmıştır.

#### a) Kaplama yöntemi:

Bu aşamada çevresel örnekler faj için test edilemeye başlanmaktadır. Bunun için filtre edilmiş toprak numunesi bakteri kaplı olan plakalara uygulanmıştır. Örnekler pipet ile sıvı plakaya döküldükten sonra drigalski ile iyice yayılmıştır. Petrilere bir süre kurumaya bırakıldıktan sonra ters çevrilerek 28°C' de etüvde inkübe edilmiştir. Bu işlem her bakteri petrisi için tekrarlanmıştır.

#### b) Sıvı kültür yöntemi:

Test edilecek her konakçı bakteri için 15ml'lik Falcon tüp hazırlanmış ve etiketlenmiştir. 50 µL Bakteri içeren 5mL LB broth örneklerine 250 µL filtre edilmiş toprak numunesinden eklenip gece boyunca 28°C'de 150 rpm' de etüvde inkübe edilmiştir.

Her iki yöntem uygulanan örneklerin inkübasyon sonucunda üreme olup olmadığı kontrol edildikten sonra, bakteriyofaj zonu görünen petri ve üremenin baskılandığı sıvı örnekleri faj izolasyonu için ayrılmış ve zenginleştirme için bu ekimler tekrarlanmıştır. Filtre örneklerinden zenginleştirme sonrasında tekrar PZR analizi yapılmıştır.

### 3.2. TEM Analizi

TEM (Transmission electron microscopy-Geçirimli Elektron Mikroskobu) analizi ile viral numunelere yapılacak morfolojik analizler, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi Merkezi Araştırma Laboratuvarı Uygulama ve Araştırma Merkezi Laboratuvarlarından (ARUM) hizmet alımı şeklinde gerçekleştirilmiştir. TEM analiz fotoğrafları 100 kW voltajda 70.000-200.000 büyütme aralığında incelenmiştir.

### 3.3. PZR Yöntemi

#### 3.3.1. PZR Hazırlığı ve Koşulları

Viral çeşitliliğin belirlenmesi ve fasulye viral patojenlerin tespitinde markör belirteç olarak kullanılan oligonükleotid dizileri ile filtre sıvılarından DNA ve RNA tabanlı viral çeşitlilik analizi için PCR çalışmaları yapılmıştır (Tablo 3.2). PZR reaksiyonu ile elde edilen ürünlerin, agaroz jel elektroforezi sonucu gözlenen karakteristik bantlar baz alınarak karşılaştırmalı jel analizleri gerçekleştirilmiştir.

Primerler ile yapılacak DNA tabanlı viral çeşitlilik için PZR döngüsü: 1 döngü; 94°C'de 3 dakika ön denaturasyon, 35/40 döngü; 94°C'de 1 dakika, 30- 60°C 'de her bir primer için farklı oturma ısılarına göre 1 dakika, 72°C'de 2 dakika, 1 döngü; 72°C' de 7 dakika final uzama. Her bir reaksiyon 25 µl final konsantrasyonları: 2,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0. 2 mM dNTP dATP, dCTP, dGTP, dTTP, 1 µM Primer, 1 U Taq Polymerase, 1X PZR tampon olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. PZR sonucu oluşan amplifikasyon ürünleri; 5 µl ürüne 1 µl loading dye eklenerek 90 V, 1. 2% agaroz jelde yürütülmüştür. Jel, UV transilluminator kullanılarak dijital olarak fotoğraflanmıştır.

Kontaminasyon kontrolü için PZR: Filtrelenmiş toprak örneklerindeki olası prokaryotik kontaminasyonun kontrolü için 16S rRNA genlerinin amplifikasyonu sağlayan E9F/U1510R primerleri (Hansen vd., 1998; Reysenbach ve Pace, 1995) ve ökaryotik kontaminasyon kontrolü için (özellikle mantarlarda) rDNA bölgesini amplifiye eden ITS1/ ITS4 (Segobola vd., 2018) primerleri kullanılmıştır.

E9F “GAGTTTGATCCTGGCTCAG”, U1510R “GGTACCTTGTTACGACTT”,

ITS1 “TCCGTAGGT-GAACCTGCGG” ve ITS4 “TCCTCCGCTTATTGATATGC”.

Filtre örneklerinde herhangi bir ökaryotik ve prokaryotik canlı kaynaklı kontaminasyonun olmadığını kontrolü için kullanılan universal primerler kullanılarak

gerçekleştirilen PZR sonucunda; tüm örneklerin herhangi bir kontaminasyon içerip içermediği iki tekrarlı olarak teyit edilmiştir.

RNA tabanlı viral çeşitlilik analizi için cDNA, üreticinin talimatlarına göre RevertAid First Strand cDNA Sentez kiti Fermentas kullanılarak hazırlandı. Hazırlanan cDNA kalıplarından P5, P11, P13, CRA22, OPA13 ve P21 primerleri için 50 örneğin tamamı test edilmiştir

**Tablo 3. 2.** Çalışmada kullanılan primerler ve dizileri

<b>Viral Çeşitlilik Analizleri İçin Primerler</b>		
<b>Primer adı</b>	<b>Primer Dizisi 5'&gt;3'</b>	<b>Referans</b>
HDC-1	CGCCGCCGCC	(Srinivasiah vd., 2013)
HCB-1	CCAGCAGCAG	(Srinivasiah vd., 2013)
LWHS-1	GTTCGGGTCG	(Srinivasiah vd., 2013)
RLWLS-1	GCGATCCACG	(Srinivasiah vd., 2013)
AAWZS-1	CACCACCTGC	(Srinivasiah vd., 2013)
OPA-9	GGGTAACGCC	(Winget ve Wommack, 2008; Borrel vd., 2012)
OPA-6	GGTCCCTGAC	(Winget ve Wommack, 2008)
OPA-13	CAGCACCCAC	(Winget ve Wommack, 2008)
CRA-22	CCGCAGCCAA	(Winget ve Wommack, 2008)
CRA-23	GCGATCCCCA	(Winget ve Wommack, 2008)
RAPD5	AACGCGCAAC	(Dias vd., 2020)
OPL5	ACGCAGGCAC	(Dias vd., 2020)
P2	AACGGGCAGA	(Dias vd., 2020)
P5	AACGCGCAAC	(Poyraz vd., 2012)
P11	GGCCGATGAT	(Poyraz vd., 2012)
P13	ACCGCCTTGT	(Poyraz vd., 2012)
P14	CAGCACTGAC	(Poyraz vd., 2012)
P16	TGGTGGCCTT	(Poyraz vd., 2012)
P17	GTAGCACTCC	(Poyraz vd., 2012)
P21	ACGGTGCCTG	(Poyraz vd., 2012)
OPB-17	AGGGAACGAG	(Chatellier vd., 1999)
OPU-13	GGCTGGTTCC	(Yunus vd., 2013)
OPU-16	CTGCGCTGGA	(Yunus vd., 2013)
P23	CGCCCAAGCC	(Poyraz vd., 2012)
P24	CGCCCTGGTC	(Poyraz vd., 2012)
<b>Ökaryotik ve Prokaryotik Kontaminasyonun Kontrolü İçin Primerler</b>		
* E9F	GAGTTTGATCCTGGCTCAG	(Segobola vd., 2018)
* U1510R	GGTTACCTTGTACGACTT	(Segobola vd., 2018)
* ITS1	TCCGTAGGTGAACCTGCGG	(Segobola vd., 2018)
* ITS4	TCCTCCGTTATTGATATGC	(Segobola vd., 2018)

Tablo 3.2. tablonun devamı

Viral Fasulye Patojen Markörleri		
BCMV F-5 R-5	GGATGCGGAGAATCTGTG GATTGACGTCCCTGCAG	(Bhadramurthy ve Bhat, 2009)
BCMNV NL-3D NL-3	CCATTGCTGCTGAGATTC AGTTCACCGTGAGATGTC	(R. C. Larsen vd., 2005)
BCMNV DgF DgR	GARRAGCHCARTAYATAGCAGA GCTTTGCATTTYCAACCATTGG	(Melgarejo vd., 2007)
BCMNV Dn13 Un13	GAATTGAAAGCGTACTATCTAATACAG CAGCTTGAATTTGATTCTGATGATGAGGTG	(Xu ve Hampton, 1996)
CMV F-5 R-5	TTGAGTCGAGTCATGGACAAATC AACACGGAATCAGACTGGGAG	(Lin vd., 2004)
SK5 CMV-F SK6 CMV-R	ATGGACAAATCTGAATCAACC GATGTGGGAATGCGTTGGTGC	(Karanfil ve Korkmaz, 2017)

### **3.3.2. Jel Elektroforezi ve Görüntülenmesi**

Agaroz jeller 0.5X TBE tamponu ile %1,3 oranında hazırlanmıştır. DNA görüntülenmesi için etidyum bromid kullanılmıştır. PZR ürünleri her bir kuyucuğa 6 µl örnek 1 µl loading dye olmak üzere 7 µl yüklenmiş ve 90 V'ta 300mA'de 90 dakika yürütülmüştür. Bant büyüklüklerini belirlemek için 100 bp'lik DNA ladder Fermentas kullanılmıştır. Elektroforez sonucu yürütülen agaroz jeller, jel dökümantasyon sistemi Gel Logic 212 PRO altında dijital olarak fotoğraflanmıştır.

### **3.4. Jel Görüntüleriyle Viral Çeşitlilik Analizi**

Jel elektroforezi sonucu gözlenen karakteristik bantlar, iki şekilde veri olarak değerlendirilmiştir. Tüm toprak örneklerinde mevcut DNA ve RNA da viral çeşitliliğin karşılaştırma analizi için: bant profilleri, bant sayımı ve boyut tespitinde Phoretix1D Pro yazılımı kullanılmıştır. Yazılımdan elde edilen ikili veriler binary data, aritmetik ortalamalı ağırlıksız ikili grup yöntemi UPGMA analizi yöntemi ile Jaccard Benzerlik ve Mesafe Matrisleri oluşturulmuştur. Bu matrisler kullanılarak, oluşturulacak dendrogram'ın temel kodlarını içeren Newick formatındaki veri elde edilmiştir. Newick verisi, MEGA 11.0 yazılımı (Kumar vd., 2016) kullanılarak DNA ve RNA viral çeşitliliğini gösteren dendrogramlar (genetik benzerlik/farklılık ağacı) çizilmiştir. Ağaç üzerinde örnek adları, şekil 3.1'de kullanılan coğrafi bölgeleri temsil eden renkler (kırmızı: Marmara Bölgesi, pembe: Ege Bölgesi, sarı: Akdeniz Bölgesi, turuncu: İç Anadolu Bölgesi, yeşil: Karadeniz Bölgesi, kahverengi: Güneydoğu Anadolu Bölgesi) ve lokasyon numaraları kullanılarak gösterilmiştir.

Temel koordinat analizi PCoA ve BAPT analizleri GenAlEx yazılımı kullanılarak yapılmıştır.

## 4. BULGULAR

Yapılan çalışmalarla ilgili deneysel verilere ait sonuçlar sırayla başlıklar halinde sunulmuştur.

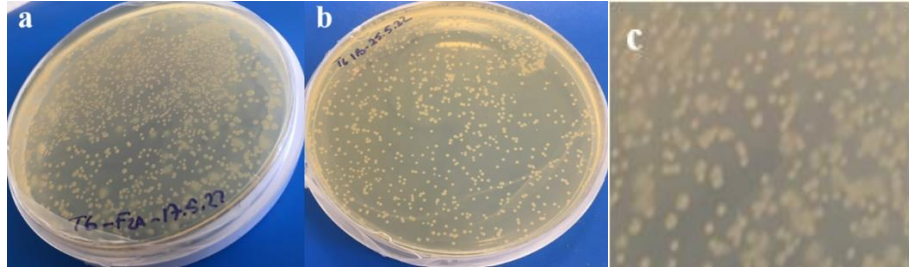
### 4.1. Bakteriyofaj Test Örnekleri

Bu tez çalışmasında Türkiye’de fasulye yetiştirilen farklı toprak örneklerinde bulunan viral çeşitliliğin belirlenmesi ve bu toprak örneklerinde bulunabilen olası bakteriyofajların fasulye hastalık etmenleri olan *P. syringae* pv. *phaseolicola* (PSPM3, PSP14) ve *X. axonopodis* pv. *phaseoli* ’ye karşı biyolojik mücadelede kullanılabilirliği araştırılmıştır. Farklı lokasyondan temin edilen 50 toprak örneği; *P. syringae* pv. *phaseolicola* (PSPM3, PSP14) ve *X. axonopodis* pv. *phaseoli* fasulye patojeni bakteri kültürleri ile 2 ayrı yöntem kullanılarak yapılan paralel çalışmalar ile test edilmiştir. Her bir fasulye patojeni için bakteri kontrol grubu olarak *Rhizobium sp.* bakterisi kullanılmıştır. Filtre örneklerinin uygulama testleri, 50 toprak örneği arasında T2 ve T6 örneklerinin bakteri kültüründe üremeyi negatif etkilediğini göstermiştir.

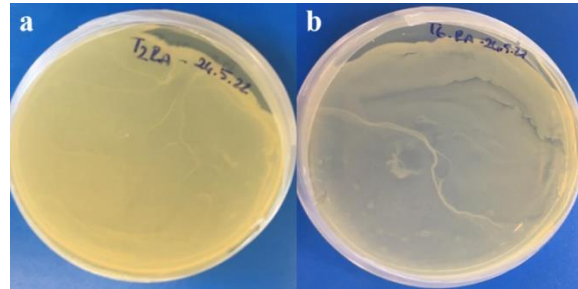
Kaplama yönteminde T2 ve T6 filtre toprak örneklerinin *P. syringae* pv. *phaseolicola* M3 ve 14 suşlarına karşı üremeyi baskıladığı ve berrak plaklar oluşturdukları görülmüştür (Şekil 4.1 ve 4.2). Her bir fasulye patojeni için bakteri kontrol grubu olarak kullanılan *Rhizobium sp.* kültüründe, üremenin engellendiği herhangi bir zon oluşmamıştır. Bu sonuç iki örneğin genel bir bakterisit olmadığını ve hedef patojen bakterilere özgüllüklerini göstermiştir (Şekil 4.3). Katı besi yeri denemelerinin yanında, T2 ve T6 örneklerinin fasulye patojeni bakterilere ait sıvı kültürlerde de üremeyi durdurduğu gözlenmiştir. T2 örneğinin *P. syringae* pv. *phaseolicola* patojeninin M3 suşunu içeren sıvı kültürde, T6 örneğinin de *P. syringae* pv. *phaseolicola* patojeninin 14 suşunu içeren sıvı kültürde kontrol gruplarına göre üremeyi baskıladıkları gözlenmiştir (Şekil 4.4 ve 4.5). Her iki besi kültürü yöntemiyle yapılan testlerin birbirini doğrular nitelikte olduğu anlaşılmıştır.



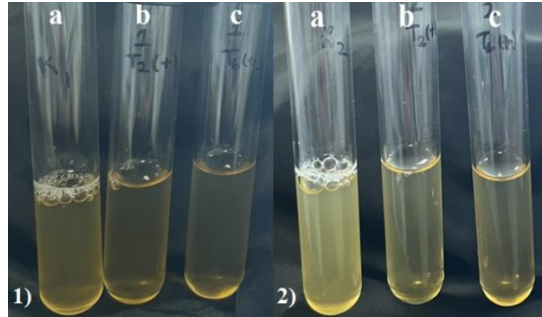
Şekil 4.1. T2 toprak filtre örneğinin a: PSP14 ve b: PSPM bakterileri örneklerindeki uygulama sonuçları. c: zonların yakından görünümü



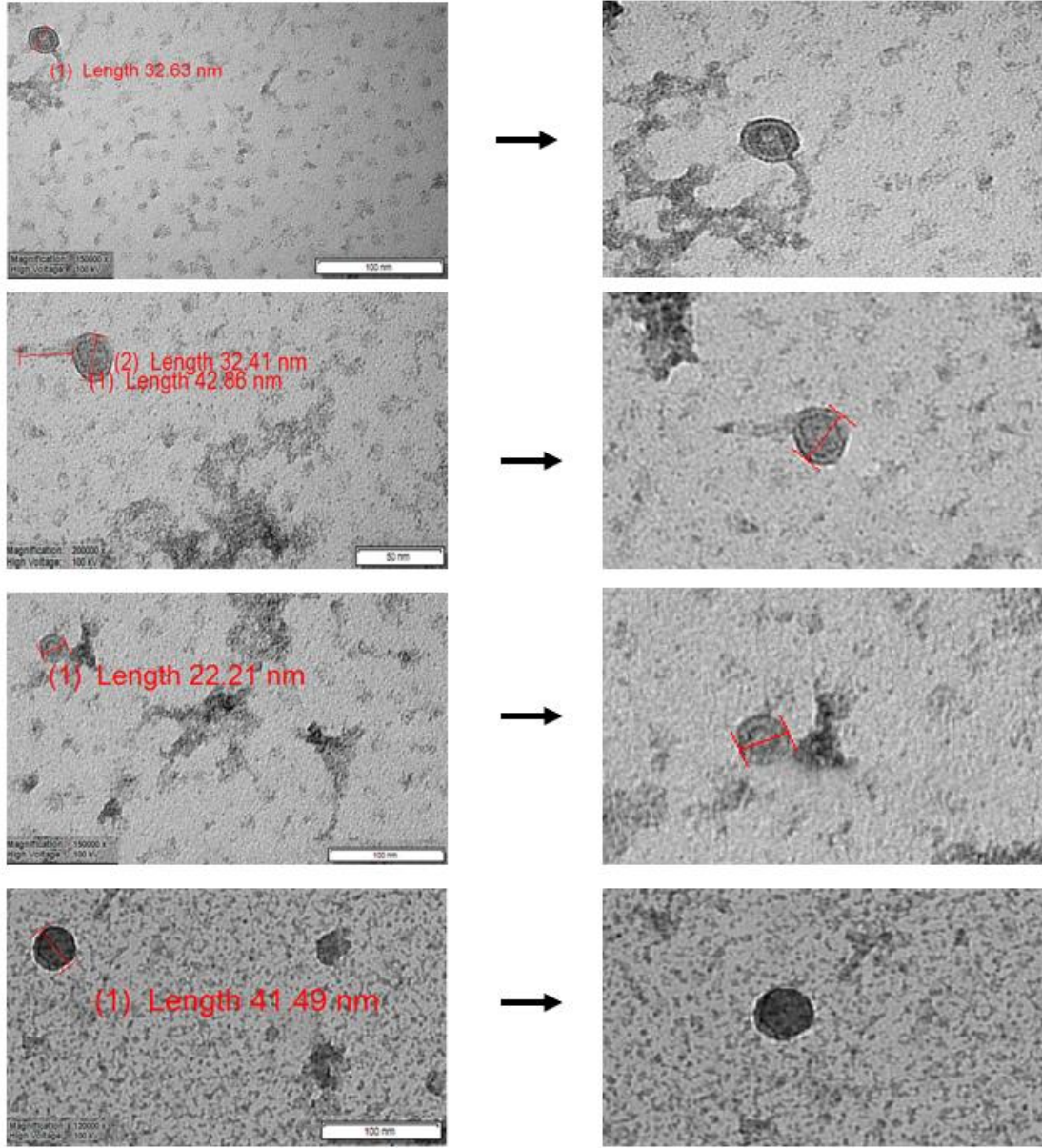
Şekil 4.2. T6 toprak filtre örneğinin a: PSP14 ve b: PSPM<sub>3</sub> bakterileri örneklerindeki uygulama sonuçları. c: zonların yakından görünümü



Şekil 4.3. a: T2 b: T6 toprak filtre örneklerinin *Rhizobium sp.* bakterisi üzerindeki uygulama sonuçları.



Şekil 4.4. 1) *P. syringae pv. phaseolicola* M3 bakteri kültüründe filtre örneklerinin üreme üzerine etkisi. 2) *P. syringae pv. phaseolicola* 14 bakteri kültüründe filtre örneklerinin üreme üzerine etkisi.  
a: Pozitif kontrol b: T2 filtre örneği c: T6 filtre örneği.



Şekil 4.5. T6 örneği için yapılan TEM analizi sonucu farklı boyut ve formda bulunan faj görüntüleri

## 4.2. Viral Çeşitlilik Analizleri

### 4.2.1. DNA Viral Çeşitlilik Analizleri

Türkiye'nin farklı bölge ve şehirlerinden toplanan 50 toprak örneğine ait viral çeşitlilik analizi, potansiyel DNA virüs çeşitliliğini belirlemek amacıyla 25 adet primer ile PZR reaksiyonları kurularak test edilmiştir. 11 primer için hiç amplifikasyon gözlenmemiştir. 8 adet primerin 50 örnek için kısmi amplifikasyon sağladığı ve bazı örnekler için bant vermediği belirlenmiştir (Tablo 4.1)(örnek primer: şekil 4.6). Test edilen tüm primerler arasında Cra22, P5, P11, P13, P21 ve OPA13 primerleri için tam/analiz edilebilir amplifikasyon bant sonuçları elde edilmiş ve Phoretix1D programı ile karşılaştırmalı bant analizleri yapılmıştır (Şekil, 4.7,

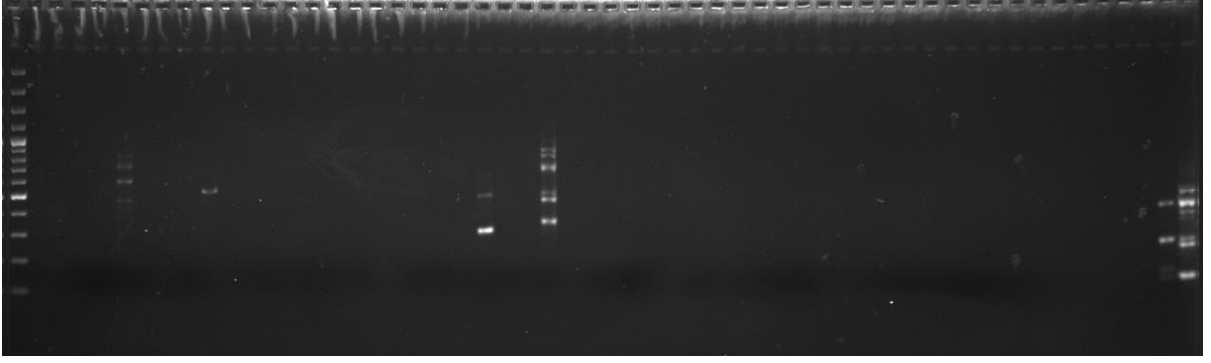
4.8, 4.9, 4.10, 4.11, 4.12). Karşılaştırmalı bant analiz sonuçlarından elde edilen “binary data” kullanılarak UPGMA analiziyle DNA virüs çeşitliliğini gösteren Jaccard benzerlik ve mesafe analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu iki veriden benzerlik analizi Şekil 4.13’de, mesafe analizi şekil 4.14’te sunulmuştur. Örnekler arasındaki genetik mesafeyi değerlendirmek için UPGMA kümeleme analiz yöntemi ve ikili verilerle MEGA 11 yazılımı kullanılarak DNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram çizilmiştir (Şekil 4.15). 50 lokasyona ait toprak örneklerine ait temel koordinat analizi PCoA analizi (Şekil 4. 16) ve BAPT analizi (Şekil 4. 17) GenAlEx yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

**Tablo 4.1.** RAPD primer adları, dizileri, verimlilikleri ve amplifikasyon özellikleri

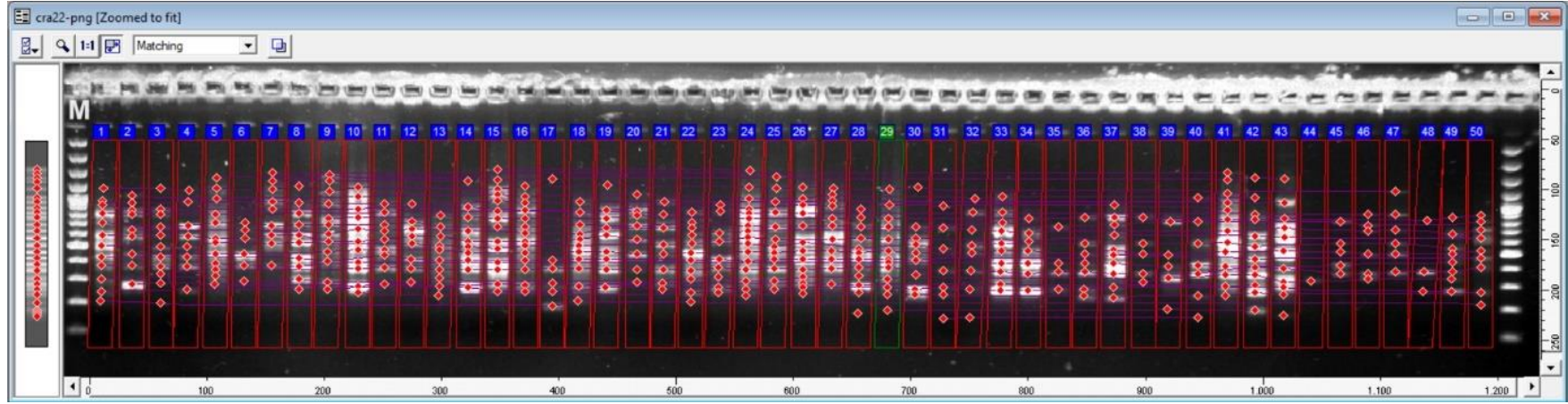
Primer İsimleri	Dizi 5'-3'	P.E.M °C	Primer Etkinliği (%)*	Total Bantlar	Polimorfik Bantlar	Polimorfizm Oranı (%)	PIC değeri
AAWS-1	CACCACCTGC	35	0	-	-	-	-
CRA-22	CCGCAGCCAA	39	100	21	21	100	0.565
CRA23	GCGATCCCCA	36	50	-	-	-	-
HCB-1	CCAGCAGCAG	36	50	-	-	-	-
HDC-1	CGCCGCCGCC	51	0	-	-	-	-
LWHS-1	GTTCGGGTCG	35	0	-	-	-	-
OPA6	GGTCCCTGAC	32	0	-	-	-	-
OPA9	GGGTAACGCC	35	10	-	-	-	-
OPA-13	CAGCACCCAC	35	100	33	33	100	0.543
OPB-17	AGGGAACGAG	32	50	-	-	-	-
OPL-5	ACGCAGGCAC	39	25	-	-	-	-
OPU-13	GGCTGGTTCC	34	0	-	-	-	-
OPU-16	CTGCGCTGGA	34	0	-	-	-	-
P2	AACGGGCAGA	35	0	-	-	-	-
P5	AACGCGCAAC	32	100	41	41	100	0.409
P11	GGCCGATGAT	32	100	39	39	100	0.448
P13	ACCGCCTTGT	32	100	34	34	100	0.533
P14	CAGCACTGAC	32	12	-	-	-	-
P16	TGGTGGCCTT	32	0	-	-	-	-
P17	GTAGCACTCC	32	10	-	-	-	-
P21	ACGGTGCCTG	34	100	28	28	100	0.587
P23	CGCCCAAGCC	32	10	-	-	-	-
P24	CGCCCTGGTC	34	0	-	-	-	-
RAPD-5	AACGCGCAAC	38	0	-	-	-	-
RWLS-1	GCGATCCACG	36	0	-	-	-	-

\*: Amplifikasyon örneklerinin toplam örnek sayısına oranı P. E. M: Primer erime sıcaklığı

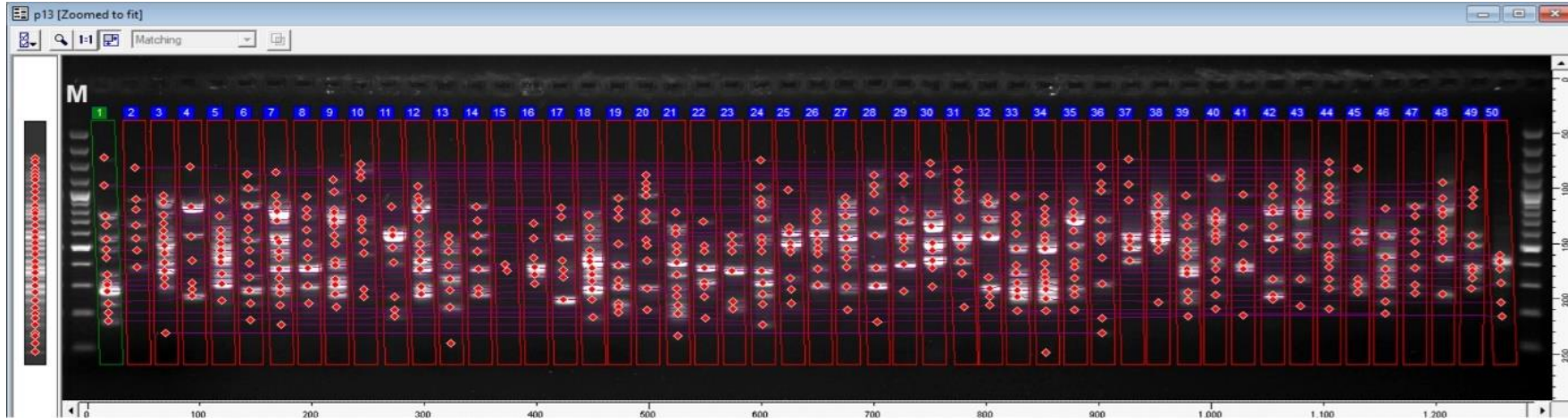
Tablo 3.2’de verilen viral fasulye patojeni markörleri ile 50 lokaliteye ait toprak örneklerinde PZR yöntemi ile yapılan iki tekrarlı analizler sonucunda, herhangi bir amplifikasyon sonucu gözlenmemiş olup; tüm lokasyonlara ait topraklarda literatürde tanımlı PZR markörleriyle tespit edilen fasulye patojeni virüslerin bulunmadığı tespit edilmiştir.



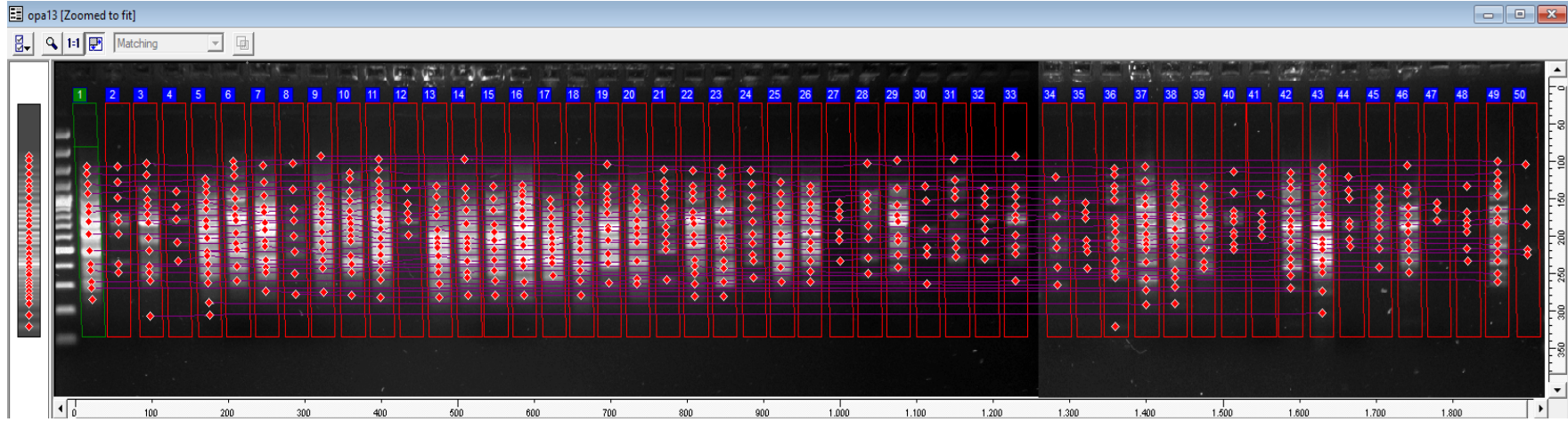
**Şekil 4.6.** DNA tabanlı viral çeşitlilik için yetersiz bant amplifikasyonunun gözleendiği P14 primerinin PZR jel fotoğrafı.



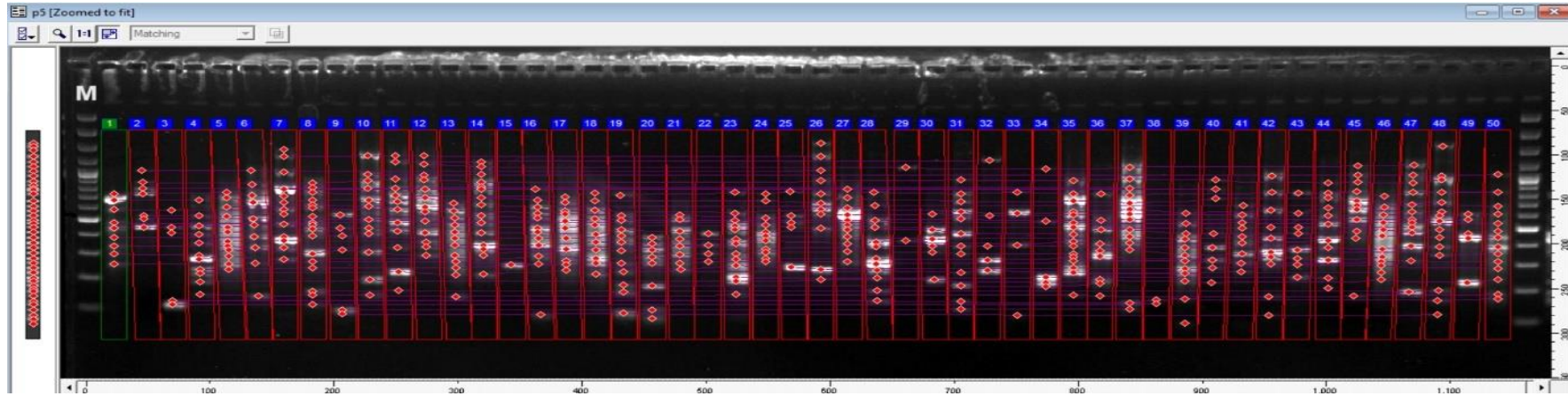
Şekil 4.7. DNA tabanlı viral çeşitlilik için CRA22 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker, 1-50: örnek numaraları



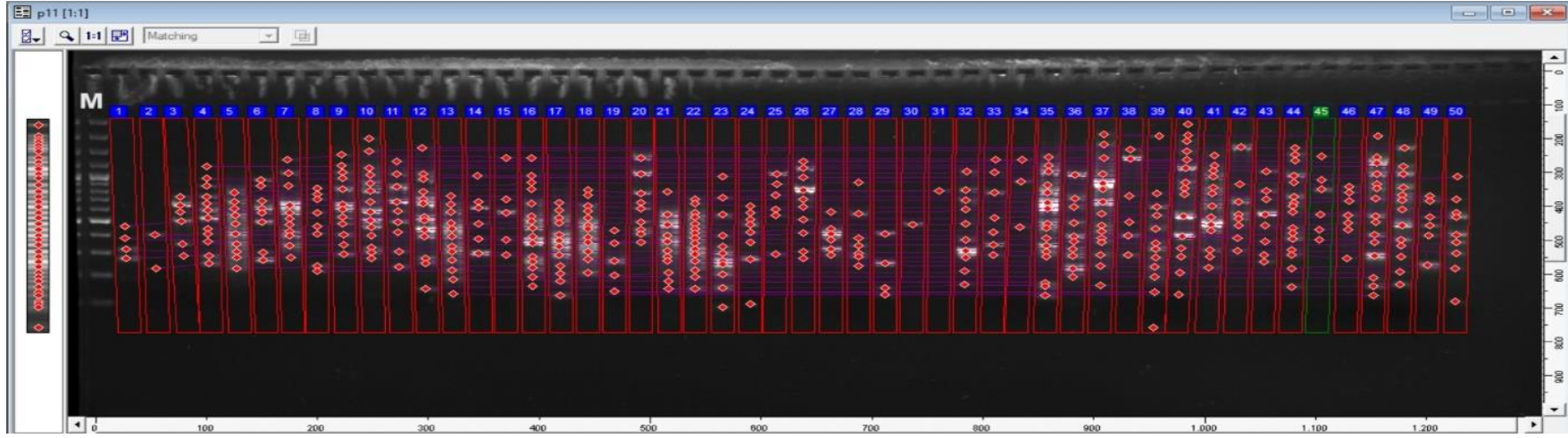
Şekil 4.8. DNA tabanlı viral çeşitlilik için P13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker, 1-50: örnek numaraları



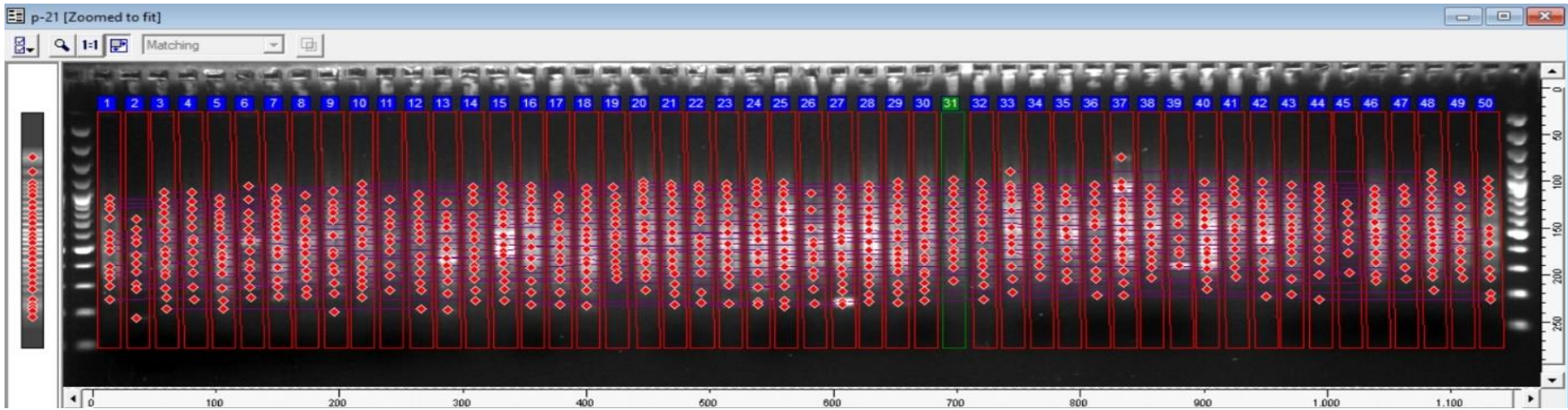
Şekil 4.9. DNA tabanlı viral çeşitlilik için OPA13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: örnek numaraları



Şekil 4.10. DNA tabanlı viral çeşitlilik için P5 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



Şekil 4.11. DNA tabanlı viral çeşitlilik için P11 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



Şekil 4.12. DNA tabanlı viral çeşitlilik için P21 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



T10KutahyaEmetYK											1	0.248	0.309	0.333	0.267	0.213	0.284	0.204	0.346	0.269	0.276
	0.261	0.282	0.267	0.342	0.306	0.330	0.311	0.269	0.270	0.289	0.233	0.267	0.277	0.257	0.265	0.284	0.365	0.234	0.267	0.330	0.301
	0.353	0.314	0.257	0.263	0.238	0.314	0.330	0.214	0.298												
T11KutahyaTevsanli												1	0.296	0.240	0.318	0.228	0.295	0.284	0.366	0.223	0.206
	0.281	0.264	0.247	0.234	0.276	0.221	0.312	0.263	0.196	0.187	0.264	0.321	0.273	0.264	0.340	0.188	0.289	0.237	0.208	0.253	0.245
	0.235	0.300	0.289	0.198	0.299	0.258	0.240	0.200	0.297												
T12KutahyaEmetBT													1	0.320	0.449	0.209	0.333	0.286	0.346	0.267	0.340
	0.320	0.320	0.252	0.394	0.240	0.303	0.350	0.255	0.337	0.247	0.281	0.253	0.263	0.230	0.337	0.233	0.327	0.204	0.265	0.305	0.275
	0.241	0.250	0.302	0.398	0.299	0.398	0.317	0.260	0.323												
T13ErzurumSpir														1	0.330	0.229	0.362	0.341	0.451	0.304	0.284
	0.306	0.395	0.360	0.384	0.333	0.287	0.351	0.289	0.307	0.256	0.211	0.208	0.206	0.162	0.379	0.266	0.300	0.156	0.301	0.330	0.326
	0.312	0.258	0.250	0.241	0.269	0.245	0.265	0.228	0.281												
T14DiyarbakirSilvan															1	0.253	0.330	0.292	0.290	0.330	0.266
	0.276	0.360	0.242	0.381	0.228	0.283	0.363	0.284	0.302	0.250	0.244	0.329	0.239	0.258	0.347	0.303	0.296	0.217	0.216	0.248	0.280
	0.255	0.240	0.233	0.265	0.322	0.337	0.299	0.310	0.364												
T15AfyonCobanSar																1	0.309	0.231	0.222	0.195	0.220
	0.247	0.241	0.193	0.237	0.288	0.222	0.280	0.241	0.257	0.247	0.163	0.237	0.234	0.224	0.198	0.198	0.241	0.188	0.151	0.216	0.205
	0.238	0.205	0.149	0.194	0.185	0.176	0.189	0.247	0.217												
T16AfyonSaldikbey																	1	0.298	0.447	0.292	0.286
	0.320	0.333	0.289	0.369	0.290	0.302	0.440	0.330	0.308	0.245	0.227	0.263	0.360	0.253	0.337	0.255	0.354	0.213	0.250	0.279	0.385
	0.262	0.260	0.252	0.167	0.312	0.299	0.267	0.330	0.257												
T17AntalyaFatih																		1	0.416	0.326	0.221
	0.356	0.310	0.292	0.337	0.279	0.322	0.391	0.293	0.253	0.230	0.239	0.310	0.233	0.198	0.374	0.215	0.319	0.241	0.250	0.295	0.247
	0.348	0.318	0.278	0.200	0.383	0.261	0.352	0.321	0.345												
T18IspartaSavkoy																			1	0.306	0.287
	0.447	0.438	0.330	0.381	0.363	0.290	0.406	0.317	0.268	0.274	0.323	0.278	0.389	0.242	0.376	0.270	0.327	0.244	0.344	0.317	0.340
	0.340	0.287	0.290	0.234	0.326	0.327	0.330	0.274	0.351												
T19AntalyaSide																				1	0.341
	0.292	0.349	0.360	0.385	0.258	0.232	0.398	0.287	0.261	0.313	0.276	0.333	0.329	0.405	0.283	0.237	0.273	0.266	0.272	0.214	0.283
	0.232	0.255	0.200	0.253	0.341	0.311	0.344	0.329	0.322												
T20BilecikElmali																					1
	0.326	0.341	0.240	0.406	0.239	0.280	0.359	0.295	0.345	0.354	0.314	0.310	0.353	0.299	0.344	0.345	0.347	0.291	0.227	0.296	0.319
	0.319	0.333	0.293	0.233	0.261	0.224	0.270	0.276	0.301												
T21ArtvinBorckaAkpKy																					
		1	0.363	0.330	0.382	0.304	0.276	0.409	0.217	0.240	0.315	0.337	0.364	0.360	0.240	0.350	0.230	0.301	0.256	0.225	0.304
	0.260	0.250	0.312	0.252	0.258	0.341	0.273	0.317	0.258	0.323											

Şekil 4.13. Şeklin devamı

T22ArtvinBorokalbrik	1	0.345	0.415	0.244	0.345	0.337	0.287	0.291	0.282	0.194	0.302	0.299	0.207	0.309	0.322	0.299	0.220	0.315	0.225
	0.283	0.284	0.297	0.248	0.195	0.357	0.283	0.214	0.267	0.434									
T23KastamonuDayay	1	0.367	0.314	0.283	0.348	0.326	0.302	0.250	0.273	0.284	0.253	0.258	0.208	0.261	0.296	0.232	0.216	0.235	
	0.227	0.255	0.322	0.233	0.167	0.292	0.240	0.273	0.236	0.364									
T24KarabukEflani	1	0.358	0.354	0.443	0.314	0.333	0.355	0.306	0.344	0.340	0.255	0.333	0.294	0.402	0.245	0.288	0.279	0.298	
	0.376	0.337	0.300	0.287	0.365	0.298	0.327	0.299	0.374										
T25SivasMerkez	1	0.314	0.280	0.315	0.305	0.329	0.216	0.333	0.313	0.259	0.255	0.247	0.258	0.247	0.256	0.301	0.341		
	0.388	0.310	0.298	0.190	0.310	0.281	0.274	0.265	0.237										
T26MardinMidyat	1	0.363	0.284	0.273	0.325	0.191	0.256	0.341	0.167	0.306	0.247	0.270	0.232	0.242	0.273	0.240			
	0.295	0.293	0.296	0.221	0.322	0.293	0.223	0.279	0.304										
T27DuzceGolkaya	1	0.376	0.341	0.333	0.269	0.308	0.319	0.297	0.314	0.245	0.357	0.321	0.228	0.269	0.289				
	0.303	0.344	0.304	0.220	0.330	0.276	0.333	0.303	0.312										
T28ErzurumspirDevMh1	1	0.333	0.326	0.261	0.286	0.242	0.208	0.234	0.333	0.297	0.235	0.196	0.226						
	0.323	0.366	0.309	0.297	0.160	0.293	0.242	0.327	0.267	0.333									
T29ErzurumspirDevMh2	1	0.351	0.293	0.189	0.227	0.309	0.220	0.294	0.424	0.267	0.204	0.304							
	0.256	0.286	0.270	0.198	0.165	0.185	0.202	0.277	0.268	0.253									
T30ErzurumspirDevMh3	1	0.238	0.235	0.247	0.268	0.250	0.271	0.337	0.240	0.236	0.255								
	0.306	0.278	0.233	0.280	0.212	0.259	0.220	0.311	0.308	0.333									
T31ErzurumspirOztopMh	1	0.305	0.271	0.247	0.271	0.310	0.407	0.218	0.231	0.319									
	0.242	0.232	0.314	0.247	0.237	0.198	0.202	0.304	0.253	0.239									
T32ErzurumspirNumMh	1	0.329	0.305	0.323	0.276	0.258	0.297	0.177	0.287										
	0.200	0.326	0.390	0.312	0.205	0.375	0.239	0.274	0.346	0.223									
T33TokatNiksar	1	0.403	0.348	0.179	0.255	0.329	0.281	0.298	0.250										
	0.280	0.278	0.230	0.247	0.306	0.337	0.284	0.262	0.289										

Şekil 4.13. şeklin devamı

T34GiresunGorele											1	0.258	0.222	0.222	0.357	0.258	0.263	0.215
	0.232	0.256	0.210	0.237	0.267	0.270	0.250	0.368	0.213									
T35OrduAkkus1											1	0.260	0.356	0.181	0.280	0.374	0.330	
	0.304	0.344	0.473	0.322	0.359	0.387	0.347	0.250	0.287									
T36BalikesirEdremit												1	0.330	0.222	0.234	0.265	0.315	
	0.301	0.286	0.276	0.226	0.202	0.206	0.305	0.367	0.283									
T37RizeKaplicalar													1	0.222	0.233	0.274	0.280	
	0.320	0.333	0.347	0.295	0.253	0.231	0.406	0.280	0.303									
T38KahMarasDulkadir																1	0.188	0.298
	0.200	0.262	0.275	0.183	0.173	0.256	0.275	0.282	0.348	0.212								
T39OrduAkkus2																1	0.273	0.322
	0.255	0.167	0.221	0.207	0.292	0.266	0.223	0.250	0.290									
T40EskisehirCukurhisar																		1
	0.257	0.260	0.296	0.262	0.270	0.268	0.323	0.314	0.229	0.231								
T41ArtvinArhaviMusa																		
	1	0.265	0.224	0.280	0.205	0.289	0.290	0.257	0.247	0.287								
T42HatayReyhanli																		
	1	0.425	0.320	0.222	0.290	0.192	0.379	0.337	0.276									
T43TrabzonVakfikebirKarky																		
			1	0.333	0.178	0.349	0.212	0.323	0.306	0.222								
T44BalikesirBurhaniye																		
				1	0.239	0.305	0.280	0.337	0.308	0.229								
T45TrabzonVakfikebirSemKy																		
					1	0.214	0.325	0.256	0.228	0.274								

Şekil 4.13. şeklin devamı

T46OrduAkkus3	1	0.349	0.255	0.390	0.360	
T47EskisehirKaracasehir			1	0.337	0.247	0.301
T48KutahyaAkpınarky				1	0.326	0.293
T49AmasyaMerzifon				1	0.273	
T50BilecikKepirler2					1	

Şekil 4.13. şeklin devamı

T1SamsunAtaCaMh0	0.798	0.645	0.716	0.626	0.611	0.689	0.611	0.673	0.713	0.729	0.750	0.730	0.708	0.750	0.703	0.699	0.579	0.705	0.775		
	0.690	0.677	0.760	0.654	0.663	0.722	0.660	0.707	0.689	0.682	0.745	0.734	0.696	0.703	0.673	0.729	0.709	0.784	0.652	0.778	0.737
	0.642	0.724	0.745	0.793	0.699	0.737	0.706	0.753	0.727												
T2SamsunAtaCaMhCaMMv		0	0.774	0.762	0.730	0.800	0.766	0.718	0.767	0.725	0.778	0.769	0.805	0.783	0.776	0.744	0.775	0.756	0.765		
	0.828	0.787	0.810	0.798	0.794	0.800	0.705	0.679	0.750	0.716	0.823	0.766	0.829	0.740	0.782	0.867	0.835	0.764	0.817	0.839	0.840
	0.786	0.767	0.786	0.842	0.842	0.790	0.814	0.802	0.726	0.816											
T3SamsunAtaMerMv1			0	0.659	0.549	0.726	0.650	0.638	0.700	0.726	0.717	0.716	0.705	0.750	0.738	0.677	0.670	0.576	0.786		
	0.726	0.677	0.678	0.750	0.640	0.693	0.636	0.600	0.695	0.705	0.682	0.733	0.736	0.711	0.774	0.687	0.717	0.656	0.679	0.763	0.707
	0.790	0.670	0.699	0.697	0.770	0.742	0.740	0.680	0.667	0.729											
T4SamsunAtaMerMv2				0	0.638	0.728	0.649	0.622	0.674	0.716	0.774	0.649	0.678	0.711	0.724	0.691	0.671	0.634	0.763		
	0.794	0.732	0.708	0.725	0.639	0.679	0.682	0.659	0.710	0.706	0.699	0.791	0.753	0.783	0.764	0.660	0.674	0.684	0.849	0.779	0.722
	0.742	0.699	0.742	0.698	0.728	0.701	0.794	0.735	0.729	0.689											
T5SamsunAtaYagMv				0	0.635	0.619	0.532	0.667	0.632	0.667	0.604	0.629	0.673	0.709	0.616	0.604	0.516	0.697	0.576		
	0.558	0.598	0.687	0.495	0.641	0.587	0.583	0.686	0.681	0.674	0.681	0.656	0.630	0.747	0.614	0.653	0.650	0.701	0.632	0.647	0.649
	0.663	0.690	0.689	0.742	0.634	0.677	0.710	0.674	0.625												
T6SamsunAtaBurMv					0	0.686	0.677	0.735	0.686	0.655	0.687	0.702	0.760	0.795	0.777	0.682	0.660	0.758	0.696		
	0.740	0.689	0.747	0.663	0.690	0.734	0.684	0.691	0.655	0.724	0.785	0.747	0.777	0.701	0.642	0.781	0.720	0.741	0.747	0.730	0.710
	0.667	0.710	0.707	0.753	0.711	0.723	0.717	0.767	0.699												
T7AnkaraSerKoc						0	0.670	0.625	0.735	0.703	0.602	0.653	0.600	0.747	0.627	0.700	0.679	0.718	0.673		
	0.739	0.706	0.745	0.594	0.694	0.709	0.596	0.720	0.743	0.762	0.755	0.720	0.697	0.743	0.612	0.740	0.697	0.792	0.745	0.618	0.673
	0.734	0.699	0.594	0.763	0.632	0.673	0.706	0.737	0.750												
T8BilecikKepirler							0	0.705	0.657	0.708	0.644	0.697	0.714	0.756	0.733	0.618	0.670	0.596	0.717		
	0.696	0.684	0.660	0.648	0.670	0.615	0.611	0.725	0.737	0.628	0.800	0.726	0.755	0.788	0.680	0.747	0.702	0.733	0.714	0.736	0.704
	0.716	0.717	0.726	0.701	0.648	0.634	0.604	0.689	0.638												
T9BilecikKizildamar								0	0.688	0.788	0.650	0.621	0.694	0.718	0.579	0.724	0.650	0.663	0.613		
	0.714	0.730	0.769	0.654	0.633	0.707	0.686	0.743	0.674	0.652	0.768	0.719	0.681	0.702	0.673	0.740	0.695	0.767	0.733	0.667	0.642
	0.709	0.684	0.731	0.750	0.775	0.735	0.692	0.696	0.687												

Şekil 4.14. DNA virtüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi

T10KutahyaEmetYK											0	0.752	0.691	0.667	0.733	0.787	0.716	0.796	0.654	0.731	0.724	
	0.739	0.718	0.733	0.658	0.694	0.670	0.689	0.731	0.730	0.711	0.767	0.733	0.723	0.743	0.735	0.716	0.635	0.766	0.733	0.670	0.699	
	0.647	0.686	0.743	0.737	0.762	0.686	0.670	0.786	0.702													
T11KutahyaTavsanli												0	0.704	0.760	0.682	0.772	0.705	0.716	0.634	0.777	0.794	
	0.719	0.736	0.753	0.766	0.724	0.779	0.688	0.737	0.804	0.813	0.736	0.679	0.727	0.736	0.660	0.812	0.711	0.762	0.792	0.747	0.755	
	0.765	0.700	0.711	0.802	0.701	0.742	0.760	0.800	0.703													
T12KutahyaEmetBT													0	0.680	0.551	0.791	0.667	0.714	0.654	0.733	0.660	
	0.680	0.680	0.748	0.606	0.760	0.697	0.650	0.745	0.663	0.753	0.719	0.747	0.737	0.770	0.663	0.767	0.673	0.796	0.735	0.695	0.725	
	0.759	0.750	0.698	0.602	0.701	0.602	0.683	0.740	0.677													
T13ErzurumIspir														0	0.670	0.771	0.638	0.659	0.549	0.696	0.716	
	0.694	0.605	0.640	0.616	0.667	0.713	0.649	0.711	0.693	0.744	0.789	0.792	0.794	0.838	0.621	0.734	0.700	0.844	0.699	0.670	0.674	
	0.688	0.742	0.750	0.759	0.731	0.755	0.735	0.772	0.719													
T14DiyarbakirSilvan															0	0.747	0.670	0.708	0.710	0.670	0.734	
	0.724	0.640	0.758	0.619	0.772	0.717	0.637	0.716	0.698	0.750	0.756	0.671	0.761	0.742	0.653	0.697	0.704	0.783	0.784	0.752	0.720	
	0.745	0.760	0.767	0.735	0.678	0.663	0.701	0.690	0.636													
T15AfyonCobanSar																0	0.691	0.769	0.778	0.805	0.780	
	0.753	0.759	0.807	0.763	0.712	0.778	0.720	0.759	0.743	0.753	0.838	0.763	0.766	0.776	0.802	0.802	0.759	0.812	0.849	0.784	0.795	
	0.762	0.795	0.851	0.806	0.815	0.824	0.811	0.753	0.783													
T16AfyonSaldikbey																	0	0.702	0.553	0.708	0.714	
	0.680	0.667	0.711	0.631	0.710	0.698	0.560	0.670	0.692	0.755	0.773	0.737	0.640	0.747	0.663	0.745	0.646	0.787	0.750	0.721	0.615	
	0.738	0.740	0.748	0.833	0.688	0.701	0.733	0.670	0.743													
T17AntalyaFatih																	0	0.584	0.674	0.779		
	0.644	0.690	0.708	0.663	0.721	0.678	0.609	0.707	0.747	0.770	0.761	0.690	0.767	0.802	0.626	0.785	0.681	0.759	0.750	0.705	0.753	
	0.652	0.682	0.722	0.800	0.617	0.739	0.648	0.679	0.655													
T18IspartaSavkoy																		0	0.694	0.713		
	0.553	0.562	0.670	0.619	0.637	0.710	0.594	0.683	0.732	0.726	0.677	0.722	0.611	0.758	0.624	0.730	0.673	0.756	0.656	0.683	0.660	
	0.660	0.713	0.710	0.766	0.674	0.673	0.670	0.726	0.649													
T19AntalyaSide																			0	0.659		
	0.708	0.651	0.640	0.615	0.742	0.768	0.602	0.713	0.739	0.687	0.724	0.667	0.671	0.595	0.717	0.763	0.727	0.734	0.728	0.786	0.717	
	0.768	0.745	0.800	0.747	0.659	0.689	0.656	0.671	0.678													
T20BilecikElmali																					0	
	0.674	0.659	0.760	0.594	0.761	0.720	0.641	0.705	0.655	0.646	0.686	0.690	0.647	0.701	0.656	0.655	0.653	0.709	0.773	0.704	0.681	
	0.681	0.667	0.707	0.767	0.739	0.776	0.730	0.724	0.699													
T21ArtvinBorckaAkpKy																						
	0	0.637	0.670	0.618	0.696	0.724	0.591	0.783	0.760	0.685	0.663	0.636	0.640	0.760	0.650	0.770	0.699	0.744	0.775	0.696		
	0.740	0.750	0.688	0.748	0.742	0.659	0.727	0.683	0.742	0.677												

Şekil 4.14. Şeklin devamı

T22ArtvinBorckalbrik	0	0.655	0.585	0.756	0.655	0.663	0.713	0.709	0.718	0.806	0.698	0.701	0.793	0.691	0.678	0.701	0.780	0.685	0.775	
	0.717	0.716	0.703	0.752	0.805	0.643	0.717	0.786	0.733	0.566										
T23KastamonuDaday			0	0.633	0.686	0.717	0.652	0.674	0.698	0.750	0.727	0.716	0.747	0.742	0.792	0.739	0.704	0.768	0.784	0.765
	0.773	0.745	0.678	0.767	0.833	0.708	0.760	0.727	0.764	0.636										
T24KarabukEflani			0	0.642	0.646	0.557	0.686	0.667	0.645	0.694	0.656	0.660	0.745	0.667	0.706	0.598	0.755	0.712	0.721	0.702
	0.624	0.663	0.700	0.713	0.635	0.702	0.673	0.701	0.626											
T25SivasMerkez			0	0.686	0.720	0.685	0.695	0.671	0.784	0.667	0.687	0.741	0.745	0.753	0.742	0.753	0.744	0.699	0.659	
	0.612	0.690	0.702	0.810	0.690	0.719	0.726	0.735	0.763											
T26MardinMidyat			0	0.637	0.716	0.727	0.675	0.809	0.744	0.659	0.833	0.694	0.753	0.730	0.768	0.758	0.727	0.760		
	0.705	0.707	0.704	0.779	0.678	0.707	0.777	0.721	0.696											
T27DuzceGolkaya			0	0.624	0.659	0.667	0.731	0.692	0.681	0.703	0.686	0.755	0.643	0.679	0.772	0.731	0.711			
	0.697	0.656	0.696	0.780	0.670	0.724	0.667	0.697	0.688											
T28ErzurumIspirDevMh1			0	0.667	0.674	0.739	0.714	0.758	0.792	0.766	0.667	0.703	0.765	0.804	0.774					
	0.677	0.634	0.691	0.703	0.840	0.707	0.758	0.673	0.733	0.667										
T29ErzurumIspirDevMh2			0	0.649	0.707	0.811	0.773	0.691	0.780	0.706	0.576	0.733	0.796	0.696						
	0.744	0.714	0.730	0.802	0.835	0.815	0.798	0.723	0.732	0.747										
T30ErzurumIspirDevMh3			0	0.762	0.765	0.753	0.732	0.750	0.729	0.663	0.760	0.764	0.745							
	0.694	0.722	0.767	0.720	0.787	0.741	0.780	0.689	0.692	0.667										
T31ErzurumIspirOztopMh			0	0.695	0.729	0.753	0.729	0.690	0.593	0.782	0.769	0.681								
	0.758	0.768	0.686	0.753	0.762	0.802	0.798	0.696	0.747	0.761										
T32ErzurumIspirNumMh			0	0.671	0.695	0.677	0.724	0.742	0.703	0.823	0.713									
	0.800	0.674	0.610	0.688	0.795	0.625	0.761	0.726	0.654	0.777										
T33TokatNiksar			0	0.597	0.652	0.821	0.745	0.671	0.719	0.702	0.750									
	0.720	0.722	0.770	0.753	0.694	0.663	0.716	0.738	0.711											

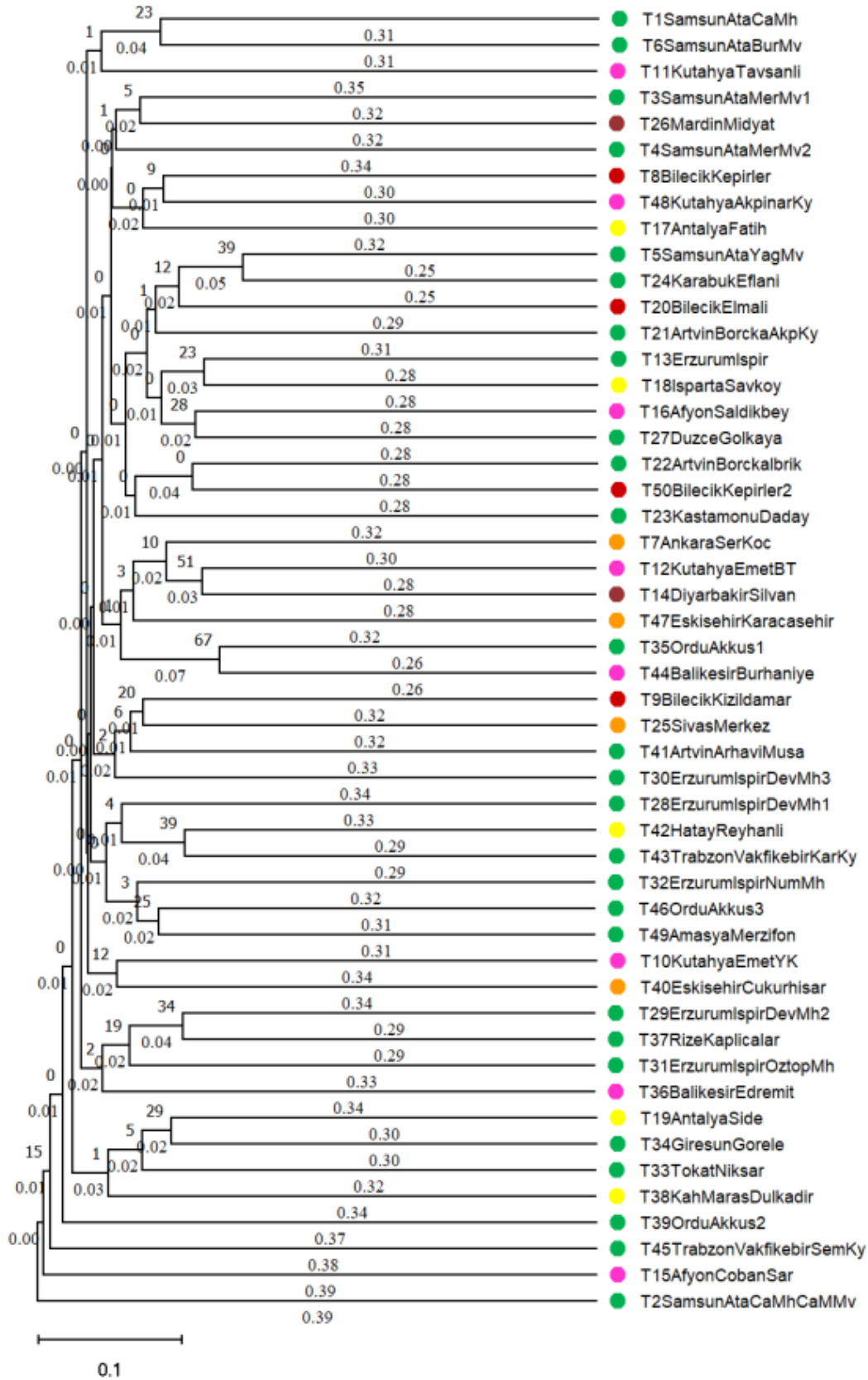
Şekil 4.14. Şeklin devamı

T34GiresunGorele											0	0.742	0.778	0.778	0.643	0.742	0.737	0.785		
	0.768	0.744	0.790	0.762	0.733	0.730	0.750	0.632	0.787											
T35OrduAkkus1												0	0.740	0.644	0.819	0.720	0.626	0.670		
	0.696	0.656	0.527	0.678	0.641	0.613	0.653	0.750	0.713											
T36BalikesirEdremit													0	0.670	0.778	0.766	0.735	0.685		
	0.699	0.714	0.724	0.774	0.798	0.794	0.695	0.633	0.717											
T37RizeKaplicalar														0	0.778	0.767	0.726	0.720		
	0.680	0.667	0.653	0.705	0.747	0.769	0.594	0.720	0.697											
T38KahMarasDulkadir																	0	0.812	0.702	
	0.800	0.738	0.725	0.817	0.827	0.744	0.725	0.718	0.652	0.788										
T39OrduAkkus2																		0	0.727	0.678
	0.745	0.833	0.779	0.793	0.708	0.734	0.777	0.750	0.710											
T40EskisehirCukurhisar																				0
	0.743	0.740	0.704	0.738	0.730	0.732	0.677	0.686	0.771	0.769										
T41ArtvinArhaviMusa																				
	0	0.735	0.776	0.720	0.795	0.711	0.710	0.743	0.753	0.713										
T42HatayReyhanli																				
	0	0.575	0.680	0.778	0.710	0.808	0.621	0.663	0.724											
T43TrabzonVakfikebirKarKy																				
			0	0.667	0.822	0.651	0.788	0.677	0.694	0.778										
T44BalikesirBurhaniye																				
				0	0.761	0.695	0.720	0.663	0.692	0.771										
T45TrabzonVakfikebirSemKy																				
					0	0.786	0.675	0.744	0.772	0.726										

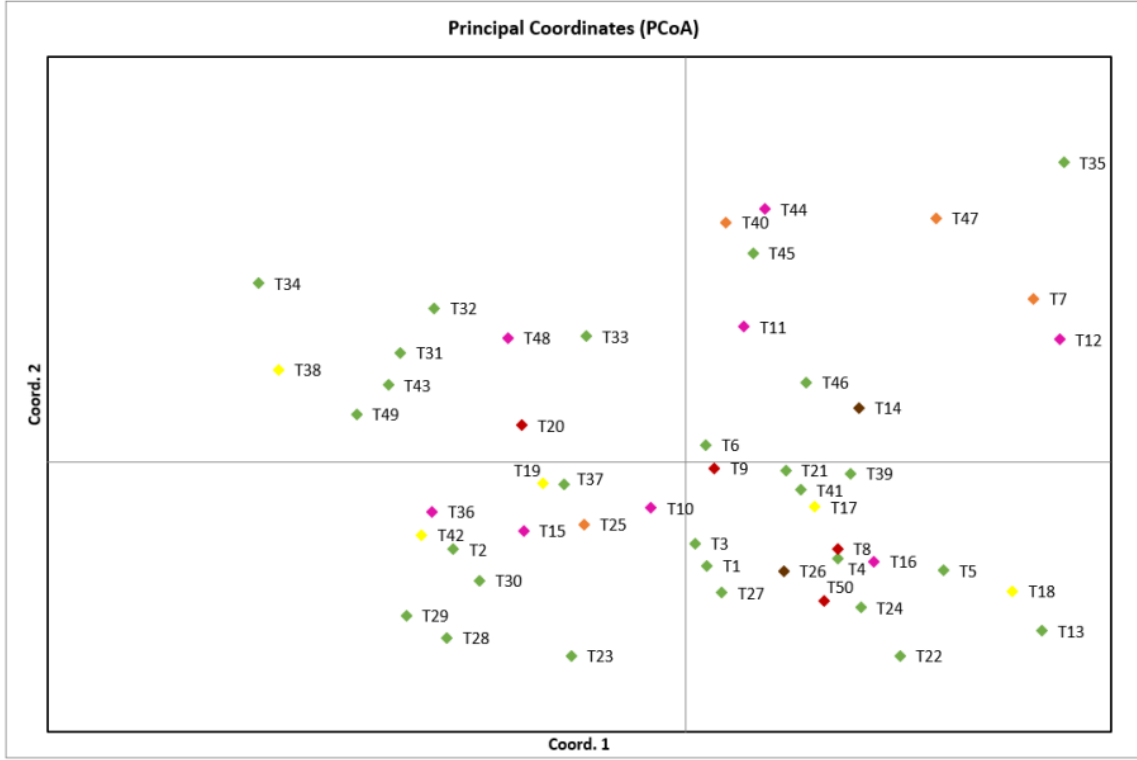
Şekil 4.14. şeklin devamı

T46OrduAkkus3						
	0	0.651	0.745	0.610	0.640	
T47EskisehirKaracasehir						
			0	0.663	0.753	0.699
T48KutahyaAkpınarKy						
				0	0.674	0.707
T49AmasyaMerzifon						
				0	0.727	
T50BilecikKepirler2						
					0	

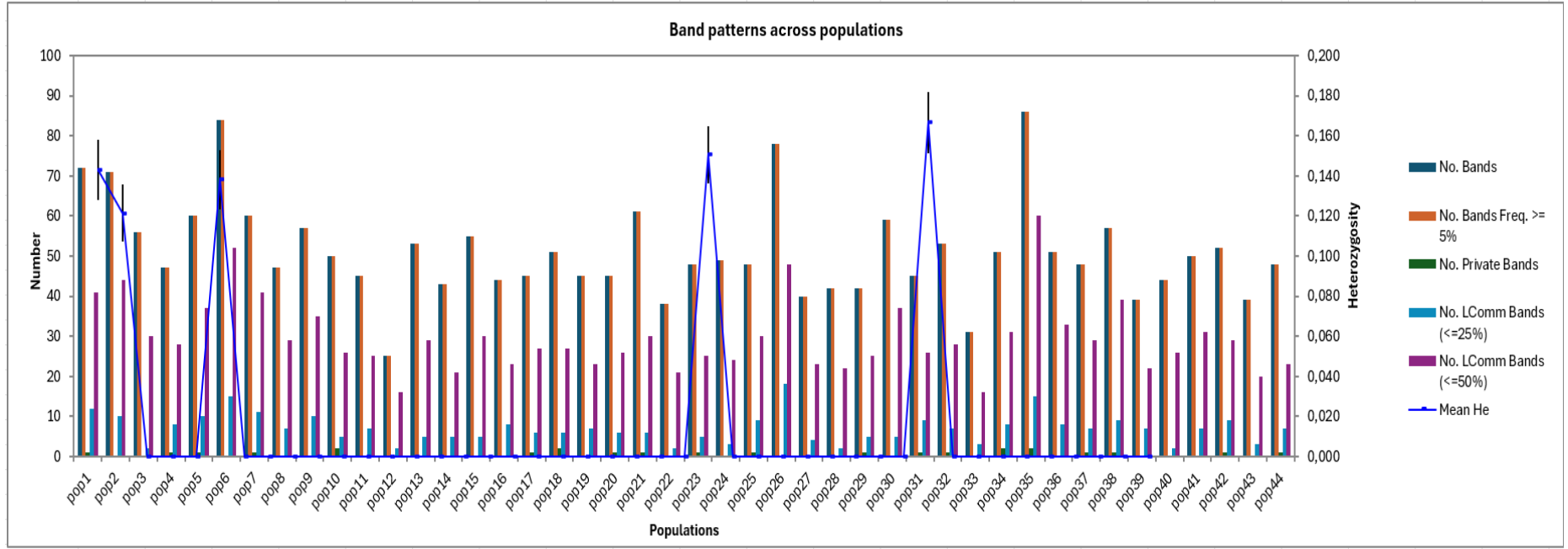
Şekil 4.14. şeklin devamı



Şekil 4.15. 50 toprak örneği arasında DNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram. Coğrafi bölgeleri renkleri: kırmızı Marmara Bölgesi, pembe Ege Bölgesi, sarı Akdeniz Bölgesi, turuncu İç Anadolu Bölgesi, yeşil Karadeniz Bölgesi, kahverengi Güneydoğu Anadolu Bölgesi.



**Şekil 4.16.** 50 toprak örneğindeki DNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA)



Şekil 4.17. 50 toprak örneğindeki DNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi.

No Bands: Toplam bant sayısı, No Bands Freq. >=5%: Frekansı %5'ten fazla olan bant sayısı, No Private Bands: Özel bant sayısı, No LComm Bands: Yerel popülasyona ait olan bantlar, Mean He: Heterozigotluk

#### 4.2.2. RNA Viral Çeşitlilik Analizleri

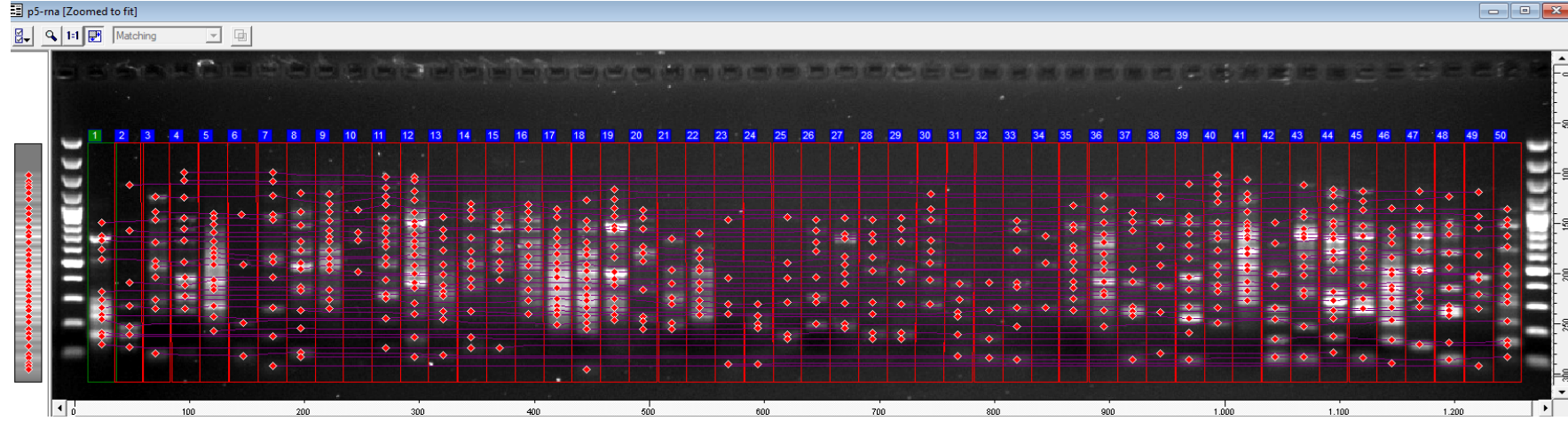
Türkiye'nin farklı bölge ve şehirlerinden toplanan 50 toprak örneğine ait viral çeşitlilik analizi, potansiyel DNA virüs çeşitliliğine ek olarak RNA virüs çeşitliliğini belirlemek amacıyla 6 adet primer ile PZR reaksiyonları kurularak test edilmiştir. Test edilen tüm primerler arasında Cra22, P5, P11, P13, P21 ve OPA13 primerleri için tam/analiz edilebilir amplifikasyon bant sonuçları elde edilmiş (Tablo 4.2) ve Phoretix1D programı ile karşılaştırmalı bant analizleri yapılmıştır (Şekil, 4.18, 4.19, 4.20, 4.21, 4.22, 4.23).

Karşılaştırmalı bant analiz sonuçlarından elde edilen "binary data" kullanılarak UPGMA analiziyle RNA virüs çeşitliliğini gösteren Jaccard benzerlik similarity ve mesafe distance analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu iki veriden benzerlik analizi Şekil 4.24'te, mesafe analizi Şekil 4.25'de sunulmuştur. Örnekler arasındaki genetik mesafeyi değerlendirmek için UPGMA kümeleme analiz yöntemi ve ikili verilerle MEGA 11 yazılımı kullanılarak RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram çizilmiştir (Şekil 4.26). 50 lokasyona ait toprak örneklerindeki RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogramın yanında, temel koordinat analizi PCoA (Şekil 4.27) ve BAPT analizi (Şekil 4.28) GenAlEx yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir

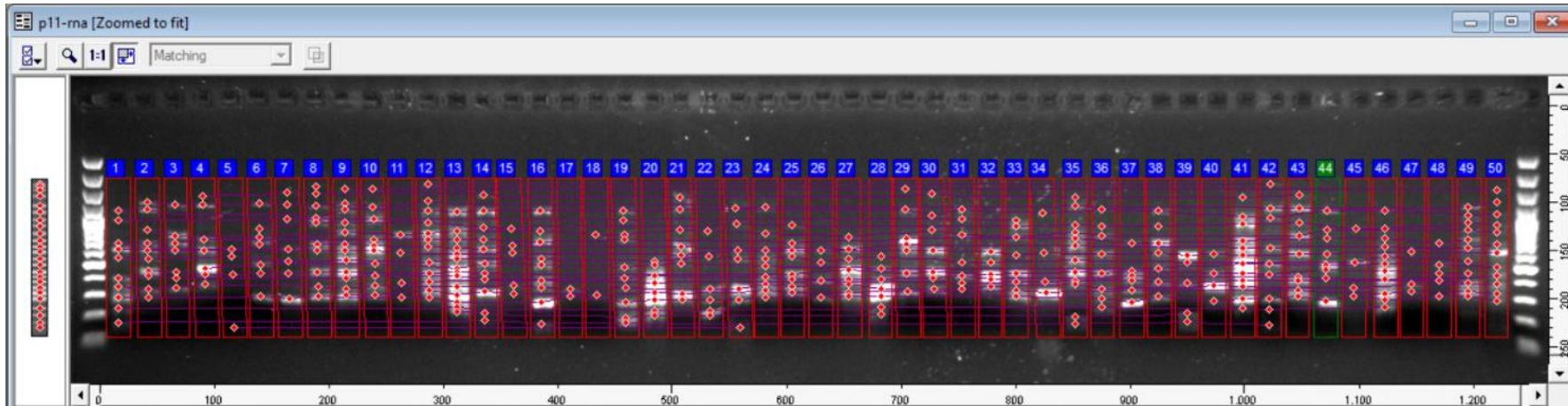
**Tablo 4.2.** RAPD primer adları, dizileri, verimlilikleri ve amplifikasyon özellikleri

Primer İsimleri	Dizi 5'-3'	P. E. M oC	Primer Etkinliği % *	Total Bantlar	Polimorfik Bantlar	Polimorfizm oranı %	PIC değeri
CRA-22	CCGAGCCAA	39	100	26	26	100	0.581
OPA-13	CAGACCCAC	35	100	25	25	100	0.562
P5	AACGCGCAAC	32	100	37	37	100	0.504
P11	GGCCGATGAT	32	100	24	24	100	0.543
P13	ACCGCCTTGT	32	100	23	23	100	0.552
P21	ACGGTGCCTG	34	100	30	30	100	0.590

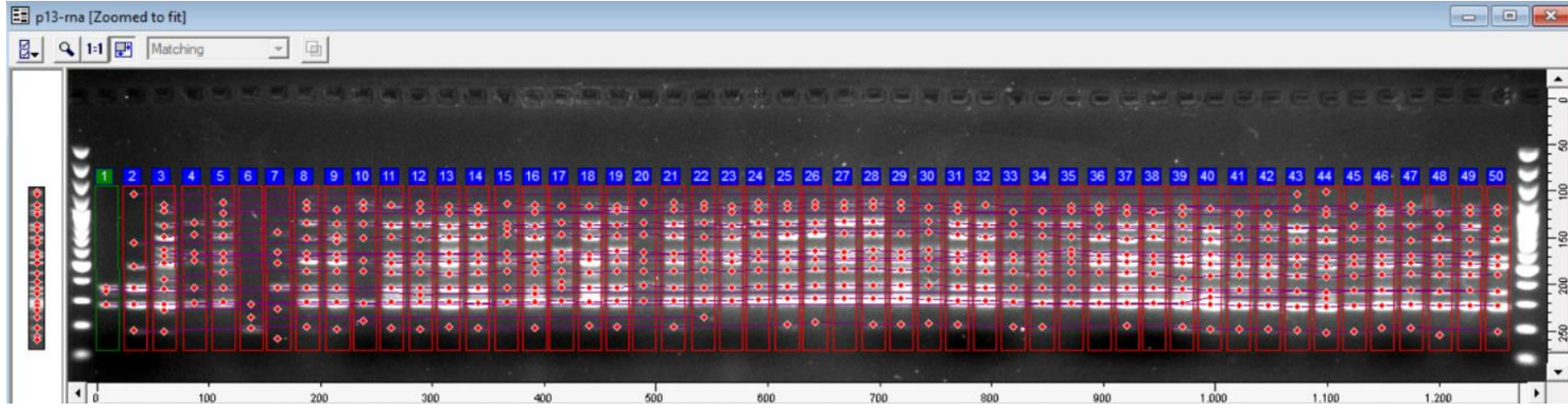
\*: Amplifikasyon örneklerinin toplam örnek sayısına oranı P. E. M: Primer erime sıcaklığı



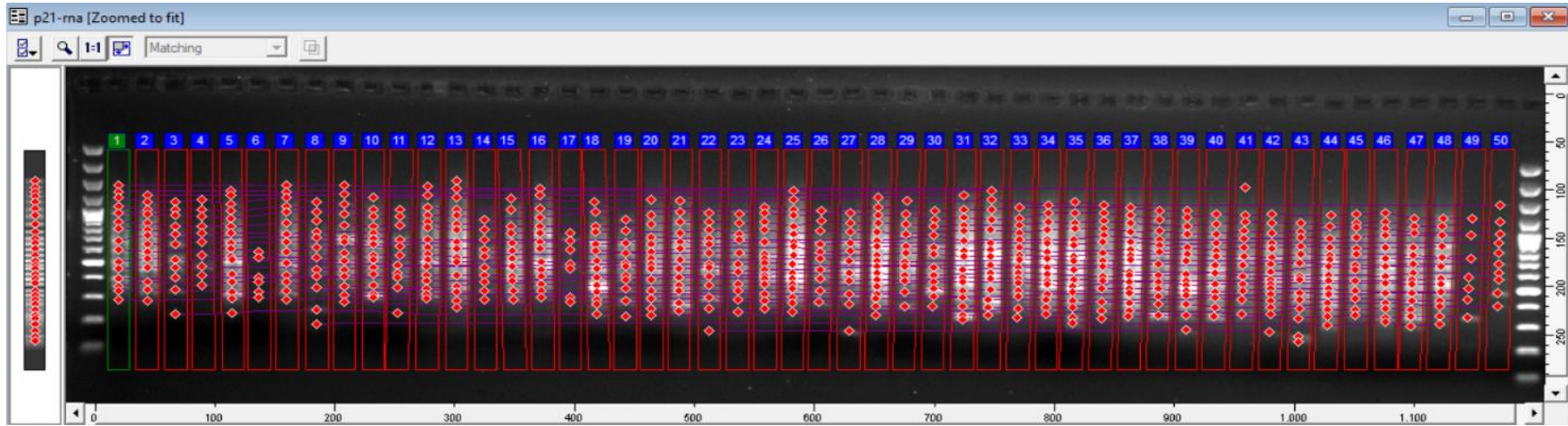
Şekil 4.18. RNA tabanlı viral çeşitlilik için P5 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



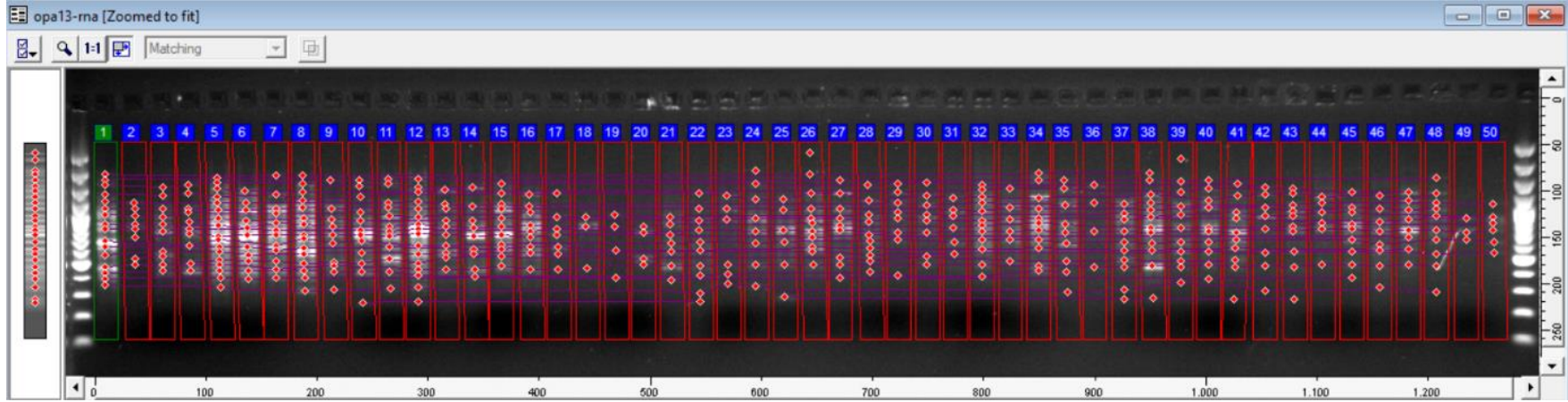
Şekil 4.19. RNA tabanlı viral çeşitlilik için P11 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



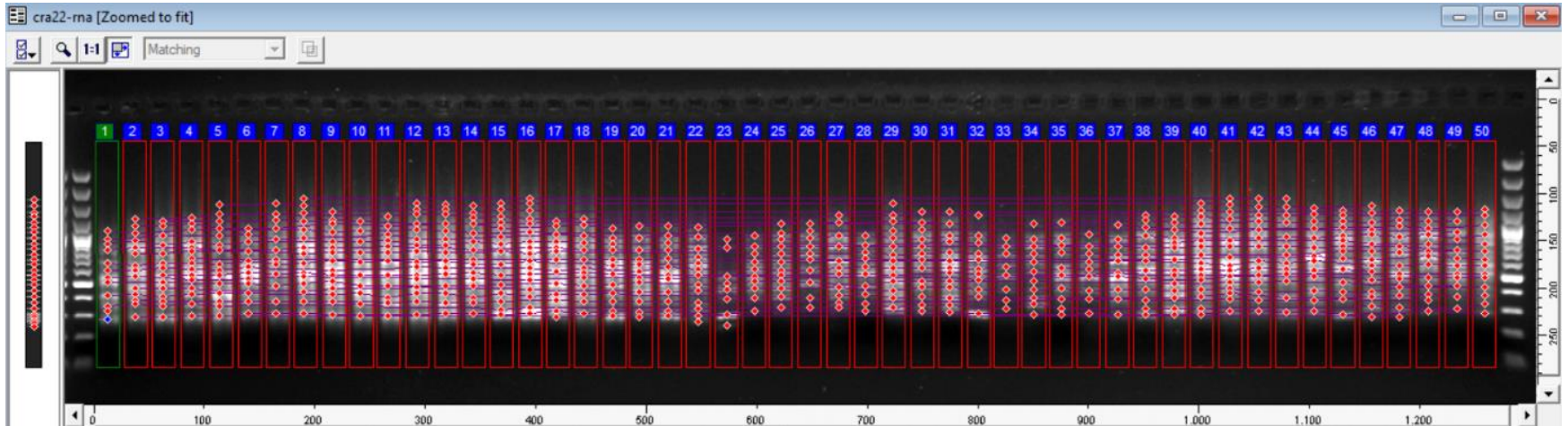
Şekil 4.20. RNA tabanlı viral çeşitlilik için P13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



Şekil 4.21. RNA tabanlı viral çeşitlilik için P21 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



Şekil 4.22. RNA tabanlı viral çeşitlilik için OPA13 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları



Şekil 4.23. RNA tabanlı viral çeşitlilik için CRA22 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü.  
M: 100bp Plus DNA Ladder marker 1-50: Örnek Numaraları

T1SamsunAtaCaMh	T2SamsunAtaCaMhCaMMv	T3SamsunAtaMerMv1	T4SamsunAtaMerMv2	T5SamsunAtaYagMv	T6SamsunAtaBurMv	T7AnkaraSerKoc	T8BilecikKepirler	T9BilecikKizildamar	T10KutahyaEmetYK	T11KutahyaTavsanli	T12KutahyaEmetBT	T13ErzurumIspir	T14DiyarbakirSilvan	T15AfyonCobanSar	T16AfyonSaldikbey	T17AntalyaFatih	T18IspartaSavkoy	T19AntalyaSide	T20BilecikElmali	T21ArtvinBorckaAkpKy	T22ArtvinBorckalbrik	T23KastamonuDaday	T24KarabukEflani	T25SivasMerkez	T26MardinMidyat	T27DuzceGolkaya	T28ErzurumIspirDevMh1	T29ErzurumIspirDevMh2	T30ErzurumIspirDevMh3	T31ErzurumIspirOztopMh	T32ErzurumIspirNumMh	T33TokatNiksar	T34GiresunGorele	T35OrduAkkus1	T36BalikesirEdremit	T37RizeKaplicalar	T38KahMarasDulkadir	T39OrduAkkus2	T40EskisehirCukurhisar	T41ArtvinArhaviMusa	T42HatayReyhanli	T43TrabzonVakfikebirKarKy	T44BalikesirBurhaniye	T45TrabzonVakfikebirSemKy	T46OrduAkkus3	T47EskisehirKaracasehir	T48KutahyaAkpinarKy	T49AmasyaMerzifon	T50BilecikKepirler2	
T1SamsunAtaCaMh	1	0.427	0.361	0.296	0.412	0.261	0.354	0.312	0.336	0.312	0.320	0.374	0.355	0.337	0.330	0.390	0.301	0.299	0.300	0.319	0.289	0.327	0.253	0.319	0.366	0.344	0.299	0.394	0.340	0.316	0.355	0.309	0.255	0.371	0.308	0.286	0.265	0.306	0.350	0.337	0.346	0.361	0.257	0.314	0.330	0.400	0.270	0.330	0.253	0.288
T2SamsunAtaCaMhCaMMv		1	0.430	0.422	0.350	0.308	0.315	0.264	0.396	0.345	0.337	0.380	0.432	0.299	0.333	0.413	0.273	0.315	0.301	0.322	0.365	0.301	0.250	0.322	0.372	0.318	0.330	0.284	0.315	0.333	0.360	0.326	0.357	0.345	0.323	0.345	0.364	0.337	0.312	0.400	0.337	0.323	0.293	0.316	0.333	0.337	0.297	0.290	0.279	0.302
T3SamsunAtaMerMv1			1	0.482	0.443	0.305	0.370	0.390	0.463	0.435	0.422	0.426	0.410	0.337	0.453	0.436	0.360	0.435	0.400	0.348	0.407	0.385	0.341	0.395	0.500	0.427	0.435	0.411	0.435	0.424	0.435	0.368	0.368	0.422	0.419	0.402	0.389	0.363	0.379	0.409	0.359	0.391	0.357	0.381	0.420	0.374	0.382	0.330	0.307	0.340
T4SamsunAtaMerMv2				1	0.421	0.214	0.407	0.381	0.396	0.463	0.414	0.367	0.388	0.355	0.412	0.383	0.302	0.330	0.330	0.278	0.365	0.375	0.280	0.369	0.439	0.333	0.315	0.386	0.410	0.415	0.300	0.390	0.341	0.361	0.351	0.345	0.348	0.337	0.326	0.432	0.406	0.309	0.243	0.277	0.290	0.351	0.326	0.277	0.294	0.302
T5SamsunAtaYagMv					1	0.322	0.453	0.495	0.452	0.381	0.474	0.482	0.515	0.402	0.557	0.427	0.358	0.426	0.353	0.389	0.371	0.468	0.298	0.347	0.406	0.372	0.457	0.390	0.411	0.330	0.354	0.409	0.365	0.383	0.426	0.327	0.412	0.347	0.459	0.444	0.421	0.373	0.318	0.315	0.370	0.358	0.364	0.356	0.296	0.246
T6SamsunAtaBurMv						1	0.265	0.341	0.283	0.217	0.289	0.317	0.379	0.325	0.300	0.253	0.200	0.247	0.265	0.207	0.282	0.207	0.203	0.222	0.214	0.215	0.232	0.262	0.232	0.190	0.263	0.273	0.256	0.228	0.247	0.188	0.253	0.241	0.209	0.279	0.280	0.274	0.302	0.215	0.284	0.211	0.244	0.300	0.237	0.282
T7AnkaraSerKoc							1	0.356	0.317	0.250	0.312	0.357	0.363	0.330	0.398	0.343	0.322	0.319	0.326	0.308	0.319	0.271	0.269	0.391	0.307	0.319	0.289	0.263	0.266	0.263	0.330	0.258	0.318	0.262	0.237	0.323	0.356	0.303	0.358	0.380	0.370	0.297	0.269	0.337	0.264	0.247	0.295	0.299	0.231	
T8BilecikKepirler								1	0.485	0.371	0.376	0.486	0.434	0.449	0.447	0.404	0.293	0.291	0.310	0.389	0.384	0.391	0.365	0.354	0.333	0.330	0.380	0.400	0.404	0.371	0.340	0.383	0.387	0.430	0.371	0.374	0.378	0.327	0.420	0.438	0.390	0.358	0.355	0.402	0.400	0.411	0.320	0.299	0.306	

Şekil 4.24. RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Benzerlik Matrisi Analizi

T9BilecikKizildamar										1	0.462	0.404	0.542	0.505	0.434	0.432	0.417	0.306	0.385	0.356	0.310
	0.375	0.412	0.344	0.379	0.411	0.333	0.446	0.408	0.400	0.467	0.371	0.313	0.398	0.483	0.459	0.415	0.417	0.364	0.420	0.464	0.452
	0.350	0.333	0.394	0.388	0.441	0.396	0.308	0.312	0.396												
T10KutahyaEmetYK												1	0.356	0.410	0.392	0.359	0.417	0.387	0.306	0.261	0.333
	0.253	0.337	0.348	0.268	0.425	0.393	0.337	0.349	0.512	0.415	0.386	0.381	0.314	0.345	0.400	0.400	0.303	0.337	0.283	0.330	0.344
	0.314	0.312	0.283	0.267	0.240	0.368	0.360	0.280	0.267	0.348											
T11KutahyaTavsanli													1	0.467	0.382	0.394	0.420	0.378	0.360	0.419	0.416
	0.364	0.344	0.416	0.310	0.333	0.352	0.360	0.356	0.380	0.371	0.391	0.341	0.337	0.400	0.372	0.375	0.386	0.404	0.393	0.379	0.379
	0.414	0.306	0.371	0.381	0.420	0.283	0.414	0.359	0.223	0.340											
T12KutahyaEmetBT														1	0.491	0.467	0.452	0.563	0.312	0.396	0.345
	0.315	0.374	0.333	0.320	0.352	0.355	0.349	0.437	0.417	0.480	0.400	0.423	0.408	0.450	0.346	0.519	0.423	0.452	0.429	0.427	0.467
	0.495	0.439	0.432	0.455	0.452	0.421	0.355	0.452	0.369	0.418											
T13ErzurumIspir														1	0.500	0.500	0.480	0.327	0.406	0.390	0.385
	0.441	0.376	0.295	0.385	0.462	0.413	0.421	0.443	0.421	0.381	0.436	0.435	0.389	0.365	0.408	0.406	0.438	0.384	0.412	0.485	0.457
	0.369	0.377	0.361	0.366	0.393	0.333	0.340	0.320	0.402												
T14DiyarbakirSilvan																1	0.422	0.468	0.348	0.404	0.433
	0.337	0.348	0.316	0.345	0.281	0.370	0.290	0.276	0.398	0.389	0.393	0.316	0.371	0.298	0.360	0.364	0.344	0.376	0.396	0.340	0.381
	0.459	0.365	0.320	0.384	0.376	0.404	0.355	0.362	0.297	0.371											
T15AfyonCobanSar																1	0.419	0.357	0.400	0.367	0.360
	0.388	0.352	0.289	0.360	0.429	0.425	0.417	0.425	0.434	0.388	0.384	0.432	0.349	0.420	0.418	0.368	0.356	0.360	0.347	0.376	0.398
	0.316	0.313	0.310	0.371	0.330	0.395	0.284	0.302	0.366												
T16AfyonSaldikbey																	1	0.378	0.418	0.385	0.351
	0.391	0.330	0.330	0.380	0.398	0.442	0.402	0.411	0.418	0.422	0.466	0.370	0.312	0.374	0.404	0.402	0.419	0.456	0.438	0.500	0.470
	0.392	0.414	0.424	0.375	0.430	0.398	0.361	0.326	0.370												
T17AntalyaFatih																		1	0.442	0.438	0.397
	0.375	0.402	0.338	0.329	0.333	0.452	0.337	0.432	0.247	0.358	0.354	0.301	0.256	0.338	0.330	0.370	0.295	0.329	0.304	0.333	0.344
	0.345	0.312	0.323	0.425	0.359	0.333	0.373	0.224	0.266												
T18IspartaSavkoy																			1	0.446	0.481
	0.575	0.348	0.333	0.373	0.376	0.405	0.415	0.360	0.365	0.322	0.349	0.329	0.361	0.400	0.370	0.415	0.384	0.341	0.389	0.389	0.381
	0.402	0.337	0.391	0.434	0.327	0.345	0.368	0.282	0.363												
T19AntalyaSide																				1	0.439
	0.434	0.459	0.286	0.372	0.360	0.322	0.333	0.389	0.290	0.337	0.412	0.315	0.315	0.303	0.398	0.379	0.367	0.312	0.344	0.372	0.380
	0.312	0.297	0.404	0.447	0.314	0.360	0.309	0.345	0.347												

Şekil 4.24. Şeklin devamı

T20BilecikElmalı																					1
	0.449	0.439	0.342	0.455	0.386	0.362	0.373	0.352	0.267	0.314	0.326	0.321	0.354	0.392	0.378	0.462	0.376	0.349	0.323	0.295	0.361
	0.333	0.316	0.416	0.427	0.347	0.322	0.330	0.321	0.271												
T21ArtvinBorckaAkpKy																					
	1	0.368	0.321	0.430	0.381	0.429	0.438	0.395	0.386	0.357	0.402	0.333	0.383	0.405	0.404	0.456	0.388	0.345	0.348	0.363	
	0.357	0.391	0.273	0.380	0.388	0.358	0.318	0.269	0.286	0.382											
T22ArtvinBorckalbrik																					
		1	0.440	0.475	0.440	0.353	0.429	0.420	0.304	0.352	0.379	0.345	0.393	0.432	0.413	0.395	0.398	0.341	0.330	0.372	
	0.394	0.355	0.272	0.320	0.414	0.381	0.440	0.295	0.284	0.255											
T23KastamonuDaday																					
			1	0.500	0.419	0.338	0.300	0.346	0.268	0.338	0.351	0.365	0.365	0.370	0.357	0.405	0.354	0.359	0.284	0.329	
	0.341	0.358	0.292	0.289	0.390	0.311	0.346	0.289	0.260	0.217											
T24KarabukEflani																					
			1	0.513	0.397	0.443	0.434	0.357	0.412	0.425	0.423	0.405	0.467	0.348	0.425	0.427	0.349	0.323	0.352	0.333	
	0.379	0.344	0.326	0.330	0.391	0.402	0.286	0.305	0.341												
T25SivasMerkez																					
			1	0.455	0.427	0.452	0.500	0.450	0.481	0.500	0.425	0.507	0.380	0.393	0.429	0.417	0.400	0.448	0.364		
	0.382	0.362	0.330	0.379	0.409	0.439	0.290	0.325	0.344												
T26MardinMidyat																					
			1	0.442	0.432	0.388	0.429	0.405	0.350	0.403	0.446	0.330	0.354	0.326	0.378	0.412	0.412	0.277			
	0.330	0.341	0.309	0.341	0.359	0.333	0.267	0.316	0.266												
T27DuzceGolkaya																					
			1	0.407	0.450	0.420	0.365	0.378	0.430	0.400	0.416	0.432	0.400	0.372	0.374	0.453	0.340				
	0.386	0.351	0.362	0.322	0.383	0.376	0.253	0.313	0.333												
T28ErzurumIspirDevMh1																					
			1	0.440	0.481	0.512	0.457	0.388	0.427	0.456	0.391	0.393	0.323	0.461	0.340						
	0.363	0.351	0.294	0.357	0.348	0.421	0.341	0.333	0.239	0.330											
T29ErzurumIspirDevMh2																					
			1	0.494	0.398	0.412	0.412	0.418	0.416	0.398	0.400	0.341	0.404	0.404							
	0.367	0.386	0.323	0.391	0.337	0.383	0.360	0.280	0.346	0.378											
T30ErzurumIspirDevMh3																					
			1	0.456	0.383	0.436	0.423	0.404	0.438	0.405	0.393	0.425	0.425								
	0.430	0.360	0.312	0.460	0.388	0.402	0.381	0.297	0.301	0.323											

Şekil 4.24. Şeklin devamı

T31ErzurumIspirOztopMh											1	0.430	0.395	0.418	0.448	0.333	0.368	0.388	0.420	0.404	
	0.301	0.326	0.323	0.333	0.434	0.340	0.345	0.384	0.329	0.305											
T32ErzurumIspirNumMh											1	0.375	0.416	0.414	0.412	0.415	0.420	0.386	0.452		
	0.337	0.337	0.319	0.316	0.415	0.323	0.373	0.349	0.247	0.344											
T33TokatNiksar											1	0.473	0.447	0.468	0.568	0.438	0.435	0.435	0.351		
	0.384	0.393	0.359	0.415	0.396	0.407	0.318	0.342	0.315												
T34GiresunGorele											1	0.371	0.400	0.456	0.500	0.407	0.407	0.354			
	0.372	0.367	0.348	0.386	0.448	0.468	0.337	0.296	0.319												
T35OrduAkkus1											1	0.482	0.387	0.376	0.421	0.378	0.333				
	0.333	0.280	0.380	0.418	0.386	0.323	0.372	0.337	0.340												
T36BalikesirEdremit											1	0.451	0.422	0.330	0.420						
	0.411	0.386	0.351	0.506	0.384	0.383	0.330	0.322	0.298	0.348											
T37RizeKaplilar											1	0.512	0.471	0.407	0.427						
	0.404	0.368	0.440	0.356	0.400	0.379	0.452	0.318	0.337												
T38KahMarasDulkadir											1	0.380	0.477								
	0.432	0.378	0.372	0.461	0.391	0.375	0.368	0.424	0.261	0.370											
T39OrduAkkus2											1	0.489	0.336								
	0.409	0.402	0.384	0.376	0.363	0.312	0.362	0.297	0.304												
T40EskisehirCukurhisar											1										
	0.474	0.440	0.447	0.398	0.488	0.418	0.482	0.391	0.311	0.371											
T41ArtvinArhaviMusa											1	0.443	0.422	0.460	0.473	0.451	0.421	0.412	0.351	0.379	
	1	0.443	0.422	0.460	0.473	0.451	0.421	0.412	0.351	0.379											

Şekil 4.24. Şeklin devamı

T42HatayReyhanli	1	0.400	0.411	0.404	0.447	0.337	0.420	0.278	0.368
T43TrabzonVakfikebirKarKy	1	0.390	0.413	0.343	0.407	0.368	0.319	0.436	
T44BalikesirBurhaniye	1	0.409	0.464	0.372	0.456	0.274	0.432		
T45TrabzonVakfikebirSemKy	1	0.385	0.481	0.452	0.318	0.380			
T46OrduAkkus3	1	0.489	0.415	0.398	0.408				
T47EskisehirKaracasehir	1	0.333	0.310	0.404					
T48KutahyaAkpınarky	1	0.349	0.351						
T49AmasyaMerzifon	1	0.286							
T50BilecikKepirler2	1								

Şekil 4.24. Şeklin devamı

T1SamsunAtaCaMh	0	0.573	0.639	0.704	0.588	0.739	0.646	0.688	0.664	0.688	0.680	0.626	0.645	0.663	0.670	0.610	0.699	0.701	0.700		
	0.681	0.711	0.673	0.747	0.681	0.634	0.656	0.701	0.606	0.660	0.684	0.645	0.691	0.745	0.629	0.692	0.714	0.735	0.694	0.650	0.663
	0.654	0.639	0.743	0.686	0.670	0.600	0.730	0.670	0.747	0.712											
T2SamsunAtaCaMhCaMMv		0	0.570	0.578	0.650	0.692	0.685	0.736	0.604	0.655	0.663	0.620	0.568	0.701	0.667	0.587	0.727	0.685	0.699		
	0.678	0.635	0.699	0.750	0.678	0.628	0.682	0.670	0.716	0.685	0.667	0.640	0.674	0.643	0.655	0.677	0.655	0.636	0.663	0.688	0.600
	0.663	0.677	0.707	0.684	0.667	0.663	0.703	0.710	0.721	0.698											
T3SamsunAtaMerMv1			0	0.518	0.557	0.695	0.630	0.610	0.537	0.565	0.578	0.574	0.590	0.663	0.547	0.564	0.640	0.565	0.600		
	0.652	0.593	0.615	0.659	0.605	0.500	0.573	0.565	0.589	0.565	0.576	0.565	0.632	0.632	0.578	0.581	0.598	0.611	0.637	0.621	0.591
	0.641	0.609	0.643	0.619	0.580	0.626	0.618	0.670	0.693	0.660											
T4SamsunAtaMerMv2				0	0.579	0.786	0.593	0.619	0.604	0.537	0.586	0.633	0.612	0.645	0.588	0.617	0.698	0.670	0.670		
	0.722	0.635	0.625	0.720	0.631	0.561	0.667	0.685	0.614	0.590	0.585	0.700	0.610	0.659	0.639	0.649	0.655	0.652	0.663	0.674	0.568
	0.594	0.691	0.757	0.723	0.710	0.649	0.674	0.723	0.706	0.698											
T5SamsunAtaYagMv					0	0.678	0.547	0.505	0.548	0.619	0.526	0.518	0.485	0.598	0.443	0.573	0.642	0.574	0.647		
	0.611	0.629	0.532	0.702	0.653	0.594	0.628	0.543	0.610	0.589	0.670	0.646	0.591	0.635	0.617	0.574	0.673	0.588	0.653	0.541	0.556
	0.579	0.627	0.682	0.685	0.630	0.642	0.636	0.644	0.704	0.754											
T6SamsunAtaBurMv						0	0.735	0.659	0.717	0.783	0.711	0.683	0.621	0.675	0.700	0.747	0.800	0.753	0.735		
	0.793	0.718	0.793	0.797	0.778	0.786	0.785	0.768	0.738	0.768	0.810	0.738	0.727	0.744	0.772	0.753	0.812	0.747	0.759	0.791	0.721
	0.720	0.726	0.698	0.785	0.716	0.789	0.756	0.700	0.763	0.718											
T7AnkaraSerKoc							0	0.644	0.683	0.750	0.688	0.643	0.637	0.670	0.602	0.657	0.678	0.681	0.667	0.674	
	0.692	0.681	0.729	0.731	0.609	0.693	0.681	0.711	0.737	0.734	0.737	0.670	0.742	0.682	0.738	0.763	0.677	0.644	0.697	0.642	0.620
	0.630	0.703	0.731	0.663	0.736	0.753	0.705	0.701	0.769												
T8BilecikKepirler								0	0.515	0.629	0.624	0.514	0.566	0.551	0.553	0.596	0.707	0.709	0.683	0.690	
	0.611	0.616	0.609	0.635	0.646	0.667	0.670	0.620	0.600	0.596	0.629	0.660	0.617	0.613	0.570	0.629	0.626	0.622	0.673	0.580	0.562
	0.610	0.642	0.645	0.598	0.600	0.589	0.680	0.701	0.694												

Şekil 4.25. RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi

T9BilecikKizildamar										0	0.538	0.596	0.458	0.495	0.566	0.568	0.583	0.694	0.615	0.644	0.690
	0.625	0.588	0.656	0.621	0.589	0.667	0.554	0.592	0.600	0.533	0.629	0.687	0.602	0.517	0.541	0.585	0.583	0.636	0.580	0.536	0.548
	0.650	0.667	0.606	0.612	0.559	0.604	0.692	0.688	0.604												
T10KutahyaEmetYK												0	0.644	0.590	0.608	0.641	0.583	0.613	0.694	0.739	0.667
	0.747	0.663	0.652	0.732	0.575	0.607	0.663	0.651	0.487	0.585	0.614	0.619	0.686	0.655	0.600	0.600	0.697	0.663	0.717	0.670	0.656
	0.686	0.688	0.717	0.733	0.760	0.632	0.640	0.720	0.733	0.652											
T11KutahyaTavsanli												0	0.533	0.618	0.606	0.580	0.622	0.640	0.581	0.584	
	0.636	0.656	0.584	0.690	0.667	0.648	0.640	0.644	0.620	0.629	0.609	0.659	0.663	0.600	0.628	0.625	0.614	0.596	0.607	0.621	0.621
	0.586	0.694	0.629	0.619	0.580	0.717	0.586	0.641	0.777	0.660											
T12KutahyaEmetBT													0	0.509	0.533	0.548	0.437	0.688	0.604	0.655	
	0.685	0.626	0.667	0.680	0.648	0.645	0.651	0.563	0.583	0.520	0.600	0.577	0.592	0.550	0.654	0.481	0.577	0.548	0.571	0.573	0.533
	0.505	0.561	0.568	0.545	0.548	0.579	0.645	0.548	0.631	0.582											
T13ErzurumIspir													0	0.500	0.500	0.520	0.673	0.594	0.610	0.615	
	0.559	0.624	0.705	0.615	0.538	0.587	0.579	0.557	0.579	0.619	0.564	0.565	0.611	0.635	0.592	0.594	0.562	0.616	0.588	0.515	0.543
	0.631	0.623	0.639	0.634	0.607	0.667	0.660	0.680	0.598												
T14DiyarbakirSilvan															0	0.578	0.532	0.652	0.596	0.567	
	0.663	0.652	0.684	0.655	0.719	0.630	0.710	0.724	0.602	0.611	0.607	0.684	0.629	0.702	0.640	0.636	0.656	0.624	0.604	0.660	0.619
	0.541	0.635	0.680	0.616	0.624	0.596	0.645	0.638	0.703	0.629											
T15AfyonCobanSar															0	0.581	0.643	0.600	0.633	0.640	
	0.612	0.648	0.711	0.640	0.571	0.575	0.583	0.575	0.566	0.612	0.616	0.568	0.651	0.580	0.582	0.632	0.644	0.640	0.653	0.624	0.602
	0.684	0.687	0.690	0.629	0.670	0.605	0.716	0.698	0.634												
T16AfyonSaldikbey																0	0.622	0.582	0.615	0.649	
	0.609	0.670	0.670	0.620	0.602	0.558	0.598	0.589	0.582	0.578	0.534	0.630	0.688	0.626	0.596	0.598	0.581	0.544	0.562	0.500	0.530
	0.608	0.586	0.576	0.625	0.570	0.602	0.639	0.674	0.630												
T17AntalyaFatih																	0	0.558	0.562	0.603	
	0.625	0.598	0.662	0.671	0.667	0.548	0.663	0.568	0.753	0.642	0.646	0.699	0.744	0.662	0.670	0.630	0.705	0.671	0.696	0.667	0.656
	0.655	0.688	0.677	0.575	0.641	0.667	0.627	0.776	0.734												
T18IspartaSavkoy																		0	0.554	0.519	
	0.425	0.652	0.667	0.627	0.624	0.595	0.585	0.640	0.635	0.678	0.651	0.671	0.639	0.600	0.630	0.585	0.616	0.659	0.611	0.611	0.619
	0.598	0.663	0.609	0.566	0.673	0.655	0.632	0.718	0.637												
T19AntalyaSide																				0	0.561
	0.566	0.541	0.714	0.628	0.640	0.678	0.667	0.611	0.710	0.663	0.588	0.685	0.685	0.697	0.602	0.621	0.633	0.688	0.656	0.628	0.620
	0.688	0.703	0.596	0.553	0.686	0.640	0.691	0.655	0.653												

Şekil 4.25. Şeklin devamı

T20BilecikElmalı																					0
	0.551	0.561	0.658	0.545	0.614	0.637	0.627	0.648	0.733	0.686	0.674	0.679	0.646	0.608	0.622	0.538	0.624	0.651	0.677	0.705	0.639
	0.667	0.684	0.584	0.573	0.653	0.678	0.670	0.679	0.729												
T21ArtvinBorckaAkpKy																					
	0		0.632	0.679	0.570	0.619	0.571	0.562	0.605	0.614	0.643	0.598	0.667	0.617	0.595	0.596	0.544	0.612	0.655	0.652	0.637
	0.643	0.609	0.727	0.620	0.612	0.642	0.682	0.731	0.714	0.618											
T22ArtvinBorckalbrik																					
			0	0.560	0.525	0.560	0.647	0.571	0.580	0.696	0.648	0.621	0.655	0.607	0.568	0.587	0.605	0.602	0.659	0.670	0.628
	0.606	0.645	0.728	0.680	0.586	0.619	0.560	0.705	0.716	0.745											
T23KastamonuDaday																					
				0	0.500	0.581	0.662	0.700	0.654	0.732	0.662	0.649	0.635	0.635	0.630	0.643	0.595	0.646	0.641	0.716	0.671
	0.659	0.642	0.708	0.711	0.610	0.689	0.654	0.711	0.740	0.783											
T24KarabukEflani																					
				0	0.487	0.603	0.557	0.566	0.643	0.588	0.575	0.577	0.595	0.533	0.652	0.575	0.573	0.651	0.677	0.648	0.667
	0.621	0.656	0.674	0.670	0.609	0.598	0.714	0.695	0.659												
T25SivasMerkez																					
				0	0.545	0.573	0.548	0.500	0.550	0.519	0.500	0.575	0.493	0.620	0.607	0.571	0.583	0.600	0.552	0.636	
	0.618	0.638	0.670	0.621	0.591	0.561	0.710	0.675	0.656												
T26MardinMidyat																					
					0	0.558	0.568	0.613	0.571	0.595	0.650	0.597	0.554	0.670	0.646	0.674	0.622	0.588	0.588	0.723	
	0.670	0.659	0.691	0.659	0.641	0.667	0.733	0.684	0.734												
T27DuzceGolkaya																					
						0	0.593	0.550	0.580	0.635	0.622	0.570	0.600	0.584	0.568	0.600	0.628	0.626	0.547	0.660	
	0.614	0.649	0.638	0.678	0.617	0.624	0.747	0.687	0.667												
T28ErzurumIspirDevMh1																					
									0	0.560	0.519	0.487	0.543	0.612	0.573	0.544	0.609	0.607	0.677	0.539	0.660
	0.637	0.649	0.706	0.643	0.652	0.579	0.659	0.667	0.761	0.670											
T29ErzurumIspirDevMh2																					
										0	0.506	0.602	0.588	0.588	0.582	0.584	0.602	0.600	0.659	0.596	0.596
	0.633	0.614	0.677	0.609	0.663	0.617	0.640	0.720	0.654	0.622											
T30ErzurumIspirDevMh3																					
											0	0.544	0.617	0.564	0.577	0.596	0.562	0.595	0.607	0.575	0.575
	0.570	0.640	0.688	0.540	0.612	0.598	0.619	0.703	0.699	0.677											

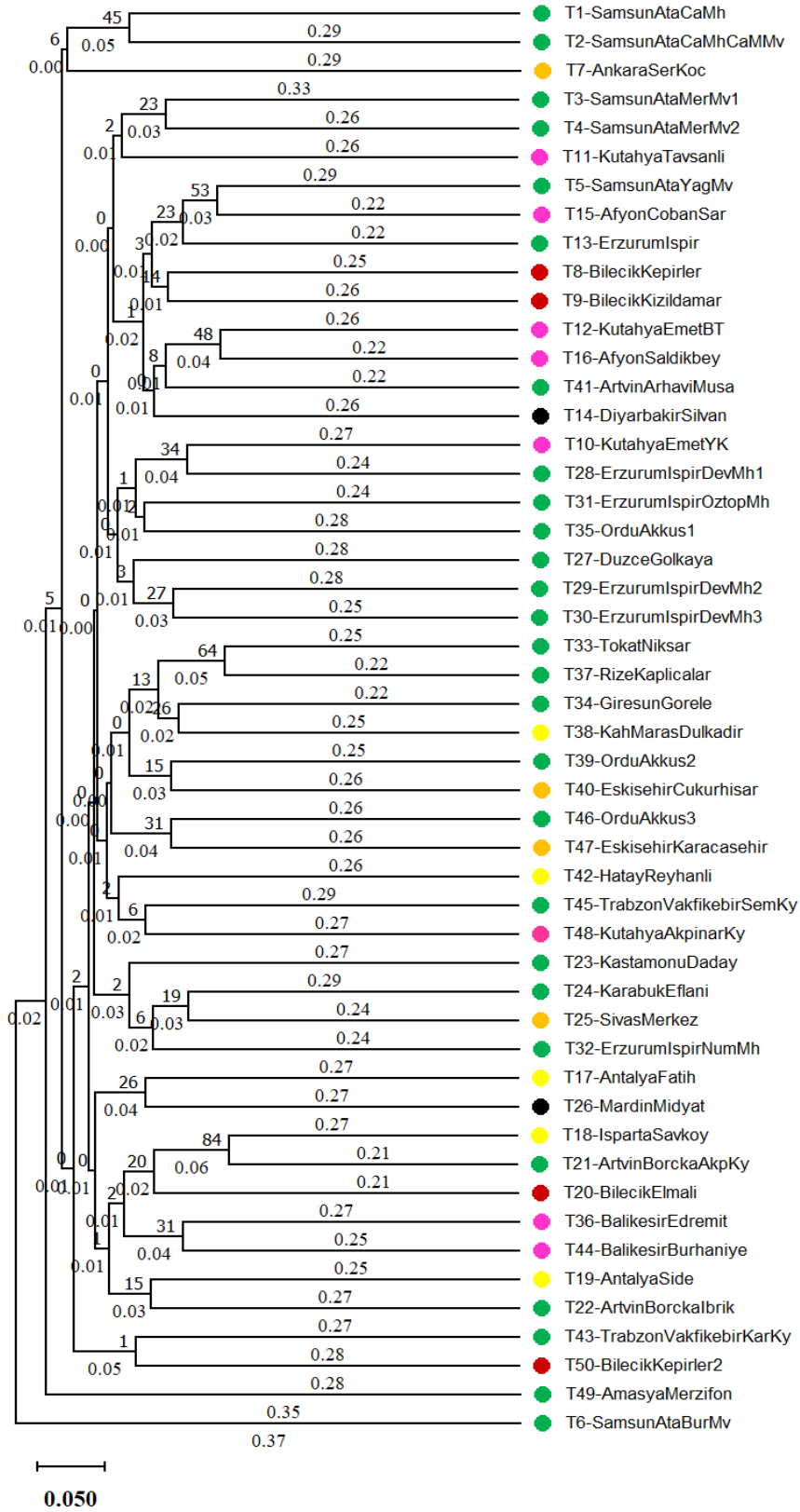
Şekil 4.25. Şeklin devamı

T31ErzurumIspirOztopMh											0	0.570	0.605	0.582	0.552	0.667	0.632	0.612	0.580	0.596	
	0.699	0.674	0.677	0.667	0.566	0.660	0.655	0.616	0.671	0.695											
T32ErzurumIspirNumMh												0	0.625	0.584	0.586	0.588	0.585	0.580	0.614	0.548	
	0.663	0.663	0.681	0.684	0.585	0.677	0.627	0.651	0.753	0.656											
T33TokatNiksar												0	0.527	0.553	0.532	0.432	0.562	0.565	0.565	0.649	
	0.616	0.607	0.641	0.585	0.604	0.593	0.682	0.658	0.685												
T34GiresunGorele												0	0.629	0.600	0.544	0.500	0.593	0.593	0.646		
	0.628	0.633	0.652	0.614	0.552	0.532	0.663	0.704	0.681												
T35OrduAkkus1													0	0.518	0.613	0.624	0.579	0.622	0.667		
	0.667	0.720	0.620	0.582	0.614	0.677	0.628	0.663	0.660												
T36BalikesirEdremit																	0	0.549	0.578	0.670	0.580
	0.589	0.614	0.649	0.494	0.616	0.617	0.670	0.678	0.702	0.652											
T37RizeKaplicalar																	0	0.487	0.529	0.593	0.573
	0.596	0.632	0.560	0.644	0.600	0.621	0.548	0.682	0.663												
T38KahMarasDulkadir																			0	0.620	0.523
	0.568	0.622	0.628	0.539	0.609	0.625	0.632	0.576	0.739	0.630											
T39OrduAkkus2																			0	0.511	0.664
	0.591	0.598	0.616	0.624	0.637	0.688	0.638	0.703	0.696												
T40EskisehirCukurhisar																					0
	0.526	0.560	0.553	0.602	0.512	0.582	0.518	0.609	0.689	0.629											
T41ArtvinArhaviMusa																					
	0	0.557	0.578	0.540	0.527	0.549	0.579	0.588	0.649	0.621											

Şekil 4.25. şeklin devamı

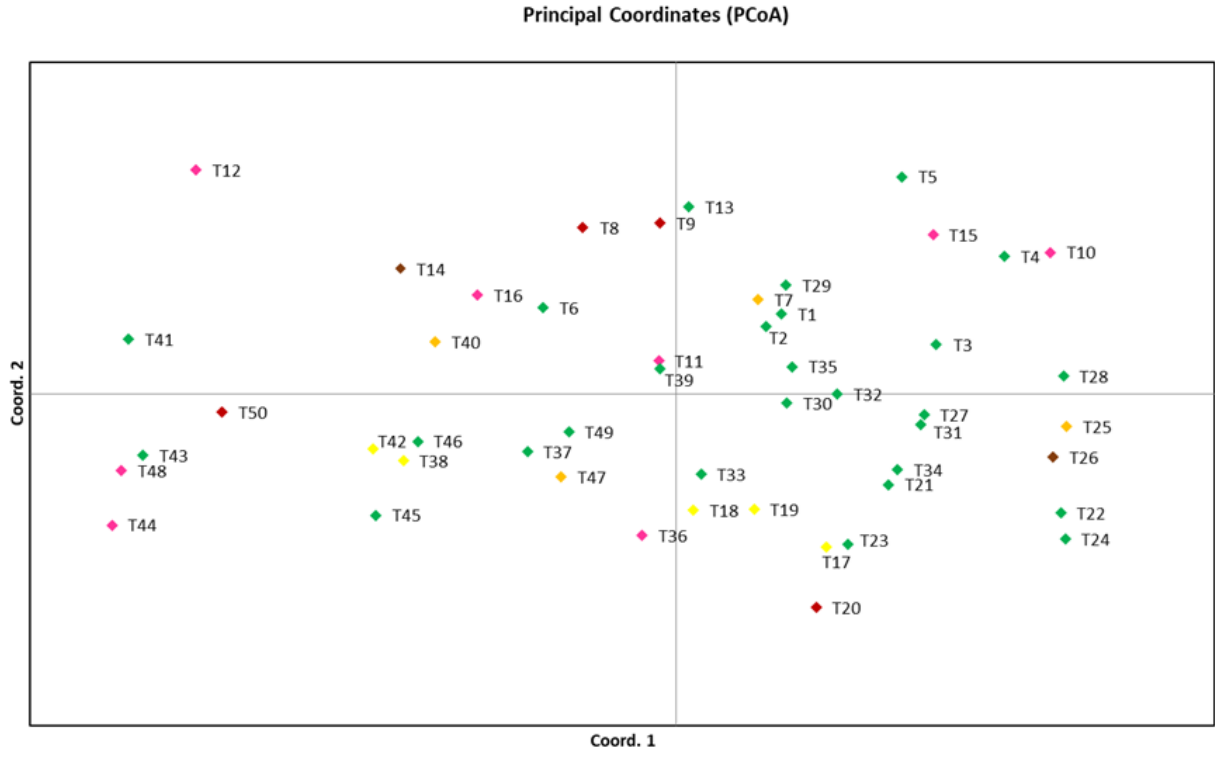
T42HatayReyhanli	0	0.600	0.589	0.596	0.553	0.663	0.580	0.722	0.632		
T43TrabzonVakfikebirKarKy			0	0.610	0.587	0.657	0.593	0.632	0.681	0.564	
T44BalikesirBurhaniye				0	0.591	0.536	0.628	0.544	0.726	0.568	
T45TrabzonVakfikebirSemKy					0	0.615	0.519	0.548	0.682	0.620	
T46OrduAkkus3						0	0.511	0.585	0.602	0.592	
T47EskisehirKaracasehir								0	0.667	0.690	0.596
T48KutahyaAkpınarky									0	0.651	0.649
T49AmasyaMerzifon										0	0.714
T50BilecikKepirler2											0

Şekil 4.25. Şeklin devamı

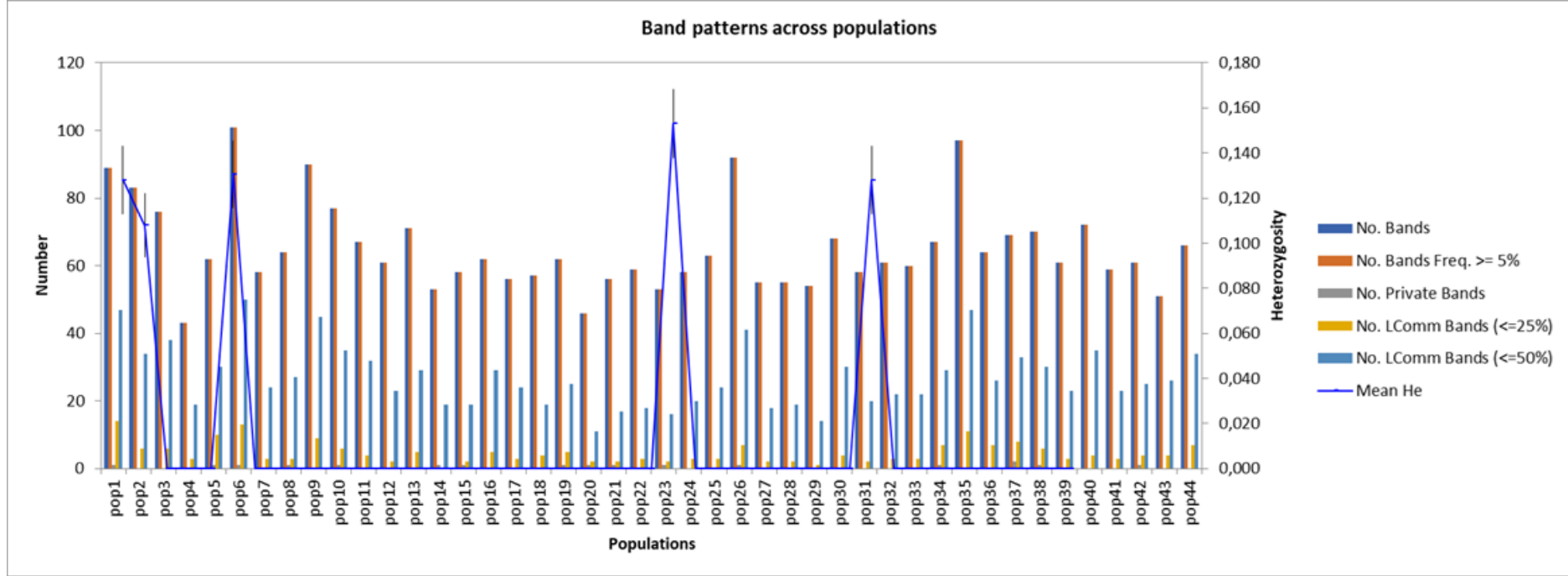


Şekil 4.26. 50 toprak örneği arasında RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram.

Coğrafi bölge renkleri: kırmızı Marmara Bölgesi, pembe Ege Bölgesi, sarı Akdeniz Bölgesi, turuncu İç Anadolu Bölgesi, yeşil Karadeniz Bölgesi, kahverengi Güneydoğu Anadolu Bölgesi.



Şekil 4.27. 50 toprak örneğindeki RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA).



Şekil 4.28. 50 toprak örneğindeki RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi.

No Bands: Toplam bant sayısı, No Bands Freq. >=5%: Frekansı %5'ten fazla olan bant sayısı, No Private Bands: Özel bant sayısı, No LComm Bands: Yerel popülasyona ait olan bantlar, Mean He: Heterozigotluk

### 4.2.3. Total DNA-RNA Viral Çeşitlilik Analizleri

Karşılaştırmalı bant analiz sonuçlarından elde edilen “binary data” kullanılarak UPGMA analiziyle DNA-RNA total virüs çeşitliliğini gösteren Jaccard benzerlik similarity ve mesafe distance analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu iki veriden benzerlik analizi Şekil 4.29’da, mesafe analizi şekil 4.30’da sunulmuştur. Örnekler arasındaki genetik mesafeyi değerlendirmek için UPGMA kümeleme analiz yöntemi ve ikili verilerle MEGA 11 yazılımı kullanılarak DNA-RNA total virüs çeşitliliğini gösteren genel dendrogram (Şekil 4.31) ve bölgeler arası dendrogram (Şekil 4.32) çizilmiştir. 50 lokasyona ait toprak örneklerindeki total DNA-RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogramın yanında, temel koordinat analizi PCoA (Şekil 4.33) ve BAPT analizi GenAlEx yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 4.34).

T1SamsunAtaCaMh	1	0.311	0.353	0.280	0.392	0.312	0.322	0.339	0.321	0.280	0.283	0.309	0.307	0.296	0.272	0.341	0.293	0.339	0.270		
	0.270	0.303	0.320	0.234	0.347	0.331	0.308	0.312	0.328	0.311	0.302	0.298	0.265	0.269	0.325	0.307	0.267	0.265	0.256	0.352	0.268
	0.298	0.351	0.261	0.273	0.272	0.349	0.251	0.302	0.235	0.272											
T2SamsunAtaCaMhCaMMv	1	0.331	0.318	0.304	0.240	0.268	0.257	0.314	0.290	0.287	0.301	0.305	0.261	0.273	0.352	0.247	0.267	0.263	0.263		
	0.239	0.276	0.237	0.221	0.261	0.297	0.297	0.320	0.263	0.283	0.247	0.295	0.248	0.315	0.290	0.232	0.268	0.297	0.282	0.237	0.277
	0.287	0.287	0.246	0.246	0.257	0.278	0.235	0.236	0.284	0.242											
T3SamsunAtaMerMv1		1	0.390	0.424	0.258	0.341	0.350	0.377	0.333	0.356	0.353	0.339	0.276	0.361	0.376	0.321	0.429	0.293			
	0.287	0.362	0.340	0.280	0.367	0.389	0.370	0.409	0.339	0.331	0.349	0.342	0.297	0.335	0.321	0.362	0.323	0.349	0.349	0.310	0.335
	0.279	0.339	0.312	0.324	0.338	0.314	0.327	0.304	0.299	0.295											
T4SamsunAtaMerMv2			1	0.380	0.228	0.378	0.355	0.358	0.329	0.335	0.364	0.351	0.325	0.338	0.357	0.299	0.340	0.265			
	0.220	0.309	0.311	0.275	0.356	0.377	0.289	0.319	0.327	0.336	0.327	0.247	0.309	0.272	0.299	0.351	0.327	0.313	0.250	0.269	0.355
	0.341	0.281	0.228	0.269	0.283	0.317	0.260	0.254	0.268	0.298											
T5SamsunAtaYagMv				1	0.321	0.388	0.475	0.392	0.366	0.405	0.423	0.423	0.341	0.416	0.414	0.357	0.450	0.315			
	0.387	0.387	0.423	0.297	0.407	0.371	0.395	0.431	0.343	0.335	0.312	0.314	0.376	0.380	0.326	0.408	0.320	0.367	0.327	0.412	0.375
	0.376	0.342	0.304	0.308	0.311	0.363	0.346	0.310	0.306	0.295											
T6SamsunAtaBurMv					1	0.254	0.311	0.277	0.253	0.297	0.317	0.323	0.255	0.231	0.216	0.248	0.277	0.233			
	0.232	0.253	0.231	0.199	0.270	0.238	0.224	0.239	0.256	0.250	0.207	0.205	0.250	0.222	0.257	0.292	0.184	0.252	0.231	0.231	0.249
	0.259	0.297	0.278	0.233	0.284	0.234	0.244	0.261	0.224	0.275											
T7AnkaraSerKoc						1	0.328	0.346	0.250	0.287	0.365	0.346	0.330	0.300	0.359	0.290	0.306	0.288	0.297		
	0.257	0.287	0.238	0.320	0.327	0.297	0.339	0.266	0.226	0.224	0.222	0.292	0.266	0.275	0.317	0.230	0.297	0.268	0.263	0.343	0.330
	0.302	0.285	0.324	0.283	0.301	0.269	0.277	0.269	0.216												
T8BilecikKepirler							1	0.405	0.342	0.333	0.430	0.376	0.362	0.352	0.346	0.308	0.301	0.335	0.278		
	0.339	0.333	0.350	0.344	0.329	0.329	0.333	0.304	0.310	0.366	0.282	0.287	0.306	0.286	0.376	0.303	0.328	0.317	0.314	0.330	0.368
	0.319	0.288	0.306	0.363	0.361	0.392	0.330	0.288	0.321												

Şekil 4.29. Total DNA- RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Benzerlik Matrisi Analizi

T9BilecikKizildamar											1	0.376	0.301	0.448	0.441	0.365	0.331	0.409	0.290	0.356	0.347	0.349
	0.328	0.345	0.291	0.378	0.399	0.318	0.392	0.330	0.353	0.405	0.294	0.291	0.365	0.393	0.402	0.337	0.354	0.306	0.339	0.400	0.433	
	0.323	0.341	0.337	0.320	0.350	0.333	0.319	0.300	0.361													
T10KutahyaEmetYK													1	0.309	0.359	0.346	0.314	0.291	0.330	0.237	0.283	0.287
	0.244	0.277	0.293	0.251	0.374	0.319	0.311	0.316	0.347	0.307	0.298	0.286	0.268	0.303	0.329	0.332	0.277	0.333	0.267	0.297	0.335	
	0.301	0.309	0.284	0.244	0.260	0.293	0.343	0.291	0.231	0.318												
T11KutahyaTavsanli														1	0.387	0.315	0.343	0.313	0.328	0.327	0.400	0.307
	0.277	0.319	0.346	0.270	0.288	0.316	0.301	0.329	0.306	0.280	0.287	0.306	0.329	0.333	0.302	0.360	0.281	0.372	0.303	0.294	0.296	
	0.328	0.277	0.333	0.352	0.319	0.297	0.325	0.287	0.204	0.316												
T12KutahyaEmetBT															1	0.398	0.447	0.324	0.465	0.286	0.361	0.297
	0.305	0.321	0.323	0.280	0.361	0.298	0.333	0.388	0.344	0.407	0.330	0.346	0.330	0.356	0.293	0.442	0.337	0.396	0.322	0.352	0.381	
	0.397	0.351	0.347	0.405	0.420	0.363	0.376	0.398	0.324	0.366												
T13ErzurumIspir															1	0.423	0.365	0.426	0.327	0.412	0.355	0.326
	0.358	0.385	0.337	0.386	0.400	0.357	0.393	0.368	0.345	0.313	0.301	0.329	0.310	0.282	0.396	0.329	0.354	0.290	0.361	0.401	0.394	
	0.337	0.326	0.303	0.312	0.343	0.297	0.297	0.276	0.354													
T14DiyarbakirSilvan																	1	0.311	0.405	0.300	0.331	0.362
	0.268	0.287	0.319	0.277	0.309	0.290	0.283	0.296	0.343	0.327	0.310	0.265	0.344	0.251	0.300	0.350	0.311	0.329	0.293	0.271	0.287	
	0.364	0.305	0.279	0.306	0.309	0.365	0.339	0.324	0.287	0.345												
T15AfyonCobanSar																	1	0.355	0.300	0.292	0.263	0.272
	0.302	0.278	0.221	0.285	0.366	0.326	0.340	0.322	0.331	0.283	0.260	0.331	0.289	0.309	0.307	0.268	0.282	0.273	0.236	0.286	0.312	
	0.272	0.269	0.224	0.283	0.263	0.275	0.228	0.257	0.274													
T16AfyonSaldikbey																		1	0.341	0.411	0.337	0.316
	0.349	0.335	0.303	0.385	0.331	0.389	0.417	0.358	0.344	0.327	0.329	0.304	0.339	0.302	0.372	0.335	0.392	0.327	0.352	0.384	0.442	
	0.335	0.346	0.335	0.287	0.387	0.355	0.309	0.321	0.322													
T17AntalyaFatih																			1	0.412	0.365	0.271
	0.342	0.353	0.308	0.307	0.278	0.368	0.344	0.353	0.224	0.264	0.285	0.299	0.229	0.263	0.343	0.276	0.296	0.281	0.274	0.292	0.279	
	0.327	0.291	0.289	0.307	0.350	0.297	0.340	0.248	0.296													
T18IspartaSavkoy																				1	0.352	0.363
	0.493	0.392	0.333	0.369	0.346	0.346	0.401	0.325	0.276	0.275	0.311	0.292	0.373	0.314	0.356	0.342	0.335	0.291	0.375	0.345	0.347	
	0.365	0.307	0.326	0.340	0.316	0.329	0.329	0.261	0.359													
T19AntalyaSide																					1	0.371
	0.346	0.392	0.305	0.377	0.293	0.262	0.348	0.331	0.256	0.305	0.333	0.297	0.301	0.320	0.324	0.298	0.310	0.255	0.302	0.268	0.314	
	0.256	0.253	0.287	0.346	0.298	0.311	0.304	0.307	0.325													

Şekil 4.29. Şeklin devamı

T20BilecikElmalı																					1
	0.340	0.368	0.255	0.397	0.286	0.303	0.342	0.309	0.273	0.306	0.292	0.298	0.338	0.340	0.357	0.388	0.352	0.306	0.266	0.261	0.316
	0.309	0.305	0.349	0.322	0.284	0.257	0.274	0.282	0.257												
T21ArtvinBorckaAkpky																					
	1	0.344	0.301	0.364	0.323	0.348	0.396	0.288	0.269	0.318	0.338	0.344	0.367	0.325	0.382	0.327	0.321	0.292	0.284	0.309	
	0.289	0.312	0.278	0.320	0.316	0.333	0.292	0.277	0.269	0.337											
T22ArtvinBorckalbrik																					
	1	0.385	0.418	0.342	0.342	0.372	0.354	0.263	0.294	0.258	0.320	0.342	0.318	0.360	0.346	0.323	0.277	0.331	0.274		
	0.335	0.314	0.266	0.279	0.302	0.368	0.358	0.229	0.271	0.308											
T23KastamonuDaday																					
	1	0.415	0.343	0.297	0.277	0.303	0.248	0.255	0.286	0.292	0.279	0.290	0.275	0.329	0.306	0.255	0.259	0.262			
	0.265	0.296	0.284	0.253	0.282	0.270	0.274	0.259	0.240	0.265											
T24KarabukEflani																					
	1	0.427	0.371	0.427	0.373	0.317	0.368	0.344	0.386	0.372	0.365	0.341	0.341	0.400	0.292	0.313	0.293	0.303			
	0.373	0.330	0.312	0.299	0.371	0.353	0.292	0.302	0.335												
T25SivasMerkez																					
	1	0.385	0.325	0.342	0.381	0.362	0.318	0.381	0.376	0.379	0.310	0.290	0.319	0.343	0.319	0.354	0.323				
	0.350	0.321	0.287	0.305	0.348	0.364	0.257	0.281	0.294												
T26MardinMidyat																					
	1	0.387	0.342	0.315	0.352	0.301	0.289	0.375	0.288	0.326	0.291	0.287	0.306	0.335	0.345	0.264					
	0.293	0.298	0.288	0.288	0.331	0.321	0.223	0.282	0.272												
T27DuzceGolkaya																					
	1	0.371	0.365	0.356	0.297	0.320	0.360	0.336	0.376	0.338	0.373	0.320	0.308	0.341	0.305						
	0.345	0.325	0.330	0.278	0.327	0.317	0.272	0.305	0.308												
T28ErzurumIspirDevMh1																					
	1	0.364	0.365	0.375	0.338	0.300	0.294	0.337	0.354	0.339	0.270	0.324	0.261								
	0.328	0.337	0.274	0.315	0.279	0.351	0.287	0.302	0.241	0.331											
T29ErzurumIspirDevMh2																					
	1	0.398	0.304	0.267	0.306	0.374	0.306	0.338	0.375	0.301	0.307	0.333									
	0.296	0.321	0.277	0.276	0.258	0.271	0.275	0.246	0.294	0.298											
T30ErzurumIspirDevMh3																					
	1	0.331	0.283	0.324	0.336	0.313	0.329	0.340	0.319	0.331	0.325										
	0.361	0.280	0.246	0.346	0.317	0.310	0.290	0.267	0.275	0.306											

Şekil 4.29. şeklin devamı

T31ErzurumIspirOztopMh											1	0.359	0.327	0.338	0.347	0.314	0.359	0.303	0.317	0.335
	0.240	0.268	0.311	0.278	0.347	0.251	0.255	0.335	0.288	0.262										
T32ErzurumIspirNumMh												1	0.352	0.336	0.379	0.329	0.323	0.348	0.268	0.350
	0.251	0.312	0.333	0.306	0.318	0.335	0.299	0.300	0.267	0.282										
T33TokatNiksar												1	0.430	0.400	0.333	0.407	0.372	0.378	0.362	0.292
	0.342	0.321	0.295	0.349	0.340	0.346	0.280	0.308	0.271											
T34GiresunGorele												1	0.312	0.318	0.346	0.406	0.329	0.331	0.279	
	0.302	0.299	0.274	0.324	0.350	0.340	0.282	0.310	0.257											
T35OrduAkkus1													1	0.361	0.369	0.275	0.361	0.378	0.314	
	0.308	0.312	0.419	0.384	0.373	0.341	0.348	0.276	0.303											
T36BalikesirEdremit																1	0.373	0.338	0.270	0.318
	0.351	0.305	0.317	0.369	0.301	0.296	0.277	0.301	0.313	0.315										
T37RizeKaplicalar																1	0.376	0.349	0.328	0.345
	0.339	0.351	0.377	0.329	0.314	0.304	0.428	0.283	0.310											
T38KahMarasDulkadir																		1	0.298	0.386
	0.319	0.338	0.316	0.329	0.291	0.302	0.307	0.351	0.284	0.281										
T39OrduAkkus2																		1	0.366	0.322
	0.324	0.284	0.296	0.290	0.337	0.290	0.298	0.261	0.318											
T4EskisehirCukurhisar																				1
	0.339	0.333	0.352	0.326	0.381	0.339	0.402	0.337	0.256	0.291										
T41ArtvinArhaviMusa											1	0.335	0.310	0.357	0.358	0.364	0.347	0.309	0.289	0.337

Şekil 4.29. Şeklin devamı

T42HatayReyhanli	1	0.406	0.337	0.319	0.367	0.266	0.382	0.281	0.324
T43TrabzonVakfikebirKarky	1		0.363	0.307	0.324	0.299	0.314	0.302	0.320
T4BalikesirBurhaniye	1		0.343	0.381	0.326	0.387	0.269	0.331	
T45TrabzonVakfikebirSemKy	1		0.309	0.422	0.374	0.267	0.329		
T46OrduAkkus3	1		0.415	0.316	0.392	0.386			
T47EskisehirKaracasehir	1				0.337	0.276	0.335		
T48KutahyaAkpınarky	1					0.318	0.312		
T49AmasyaMerzifon	1						0.283		
T50BilecikKepirler2	1								

Şekil 4.29. Şeklin devamı

T1SamsunAtaCaMh	0	0.689	0.647	0.720	0.608	0.688	0.678	0.661	0.679	0.720	0.717	0.691	0.693	0.704	0.728	0.659	0.707	0.661	0.730		
	0.730	0.697	0.680	0.766	0.653	0.669	0.692	0.688	0.672	0.689	0.698	0.702	0.735	0.731	0.675	0.693	0.733	0.735	0.744	0.648	0.732
	0.702	0.649	0.739	0.727	0.728	0.651	0.749	0.698	0.765	0.728											
T2SamsunAtaCaMhCaMMv	0	0.669	0.682	0.696	0.760	0.732	0.743	0.686	0.710	0.713	0.699	0.695	0.739	0.727	0.648	0.753	0.733	0.737			
	0.761	0.724	0.762	0.779	0.739	0.703	0.703	0.680	0.738	0.717	0.753	0.705	0.752	0.685	0.710	0.768	0.732	0.703	0.718	0.763	0.723
	0.713	0.713	0.754	0.754	0.743	0.722	0.765	0.764	0.716	0.758											
T3SamsunAtaMerMv1	0	0.610	0.576	0.742	0.659	0.650	0.623	0.667	0.644	0.647	0.661	0.724	0.639	0.624	0.679	0.571	0.707				
	0.713	0.637	0.660	0.720	0.633	0.611	0.630	0.591	0.661	0.669	0.651	0.658	0.703	0.665	0.679	0.638	0.677	0.651	0.651	0.690	0.665
	0.721	0.661	0.688	0.676	0.662	0.686	0.673	0.696	0.701	0.705											
T4SamsunAtaMerMv2	0	0.620	0.772	0.622	0.645	0.642	0.671	0.665	0.636	0.649	0.675	0.662	0.643	0.701	0.660	0.735					
	0.780	0.691	0.689	0.725	0.644	0.623	0.711	0.681	0.673	0.664	0.673	0.753	0.691	0.728	0.701	0.649	0.673	0.687	0.750	0.731	0.645
	0.659	0.719	0.772	0.731	0.717	0.683	0.740	0.746	0.732	0.702											
T5SamsunAtaYagMv	0	0.679	0.612	0.525	0.608	0.634	0.595	0.577	0.577	0.659	0.584	0.586	0.643	0.550	0.685						
	0.613	0.613	0.577	0.703	0.593	0.629	0.605	0.569	0.657	0.665	0.688	0.686	0.624	0.620	0.674	0.592	0.680	0.633	0.673	0.588	0.625
	0.624	0.658	0.696	0.692	0.689	0.637	0.654	0.690	0.694	0.705											
T6SamsunAtaBurMv	0	0.746	0.689	0.723	0.747	0.703	0.683	0.677	0.745	0.769	0.784	0.752	0.723	0.767							
	0.768	0.747	0.769	0.801	0.730	0.762	0.776	0.761	0.744	0.750	0.793	0.795	0.750	0.778	0.743	0.708	0.816	0.748	0.769	0.769	0.751
	0.741	0.703	0.722	0.767	0.716	0.766	0.756	0.739	0.776	0.725											
T7AnkaraSerKoc	0	0.672	0.654	0.750	0.713	0.635	0.654	0.670	0.700	0.641	0.710	0.694	0.712	0.703							
	0.743	0.713	0.762	0.680	0.673	0.703	0.661	0.734	0.774	0.776	0.778	0.708	0.734	0.725	0.683	0.770	0.703	0.732	0.737	0.657	0.670
	0.698	0.715	0.676	0.717	0.699	0.731	0.723	0.731	0.784												
T8BilecikKepirler	0	0.595	0.658	0.667	0.570	0.624	0.638	0.648	0.654	0.692	0.699	0.665	0.722								
	0.661	0.667	0.650	0.656	0.671	0.671	0.667	0.696	0.690	0.634	0.718	0.713	0.694	0.714	0.624	0.697	0.672	0.683	0.686	0.670	0.632
	0.681	0.712	0.694	0.637	0.639	0.608	0.670	0.712	0.679												

Şekil 4.30. Total DNA- RNA virüs çeşitliliği için Jaccard katsayısıyla hesaplanan Mesafe Matrisi Analizi

T9BilecikKizildamar											0	0.624	0.699	0.552	0.559	0.635	0.669	0.591	0.710	0.644	0.653	0.651
	0.672	0.655	0.709	0.622	0.601	0.682	0.608	0.670	0.647	0.595	0.706	0.709	0.635	0.607	0.598	0.663	0.646	0.694	0.661	0.600	0.567	
	0.677	0.659	0.663	0.680	0.650	0.667	0.681	0.700	0.639													
T10KutahyaEmetYK												0	0.691	0.641	0.654	0.686	0.709	0.670	0.763	0.717	0.713	
	0.756	0.723	0.707	0.749	0.626	0.681	0.689	0.684	0.653	0.693	0.702	0.714	0.732	0.697	0.671	0.668	0.723	0.667	0.733	0.703	0.665	
	0.699	0.691	0.716	0.756	0.740	0.707	0.657	0.709	0.769	0.682												
T11KutahyaTavsanli												0	0.613	0.685	0.657	0.687	0.672	0.673	0.600	0.693		
	0.723	0.681	0.654	0.730	0.712	0.684	0.699	0.671	0.694	0.720	0.713	0.694	0.671	0.667	0.698	0.640	0.719	0.628	0.697	0.706	0.704	
	0.672	0.723	0.667	0.648	0.681	0.703	0.675	0.713	0.796	0.684												
T12KutahyaEmetBT													0	0.602	0.553	0.676	0.535	0.714	0.639	0.703		
	0.695	0.679	0.677	0.720	0.639	0.702	0.667	0.612	0.656	0.593	0.670	0.654	0.670	0.644	0.707	0.558	0.663	0.604	0.678	0.648	0.619	
	0.603	0.649	0.653	0.595	0.580	0.637	0.624	0.602	0.676	0.634												
T13ErzurumIspir													0	0.577	0.635	0.574	0.673	0.588	0.645	0.674		
	0.642	0.615	0.663	0.614	0.600	0.643	0.607	0.632	0.655	0.687	0.699	0.671	0.690	0.718	0.604	0.671	0.646	0.710	0.639	0.599	0.606	
	0.663	0.674	0.697	0.688	0.657	0.703	0.703	0.724	0.646													
T14DiyarbakirSilvan																0	0.689	0.595	0.700	0.669	0.637	
	0.732	0.713	0.681	0.723	0.691	0.710	0.717	0.704	0.657	0.673	0.690	0.735	0.656	0.749	0.700	0.650	0.689	0.671	0.707	0.729	0.713	
	0.636	0.695	0.721	0.694	0.691	0.635	0.661	0.676	0.713	0.655												
T15AfyonCobanSar																0	0.645	0.700	0.708	0.737	0.728	
	0.698	0.722	0.779	0.715	0.634	0.674	0.660	0.678	0.669	0.717	0.740	0.669	0.711	0.691	0.693	0.732	0.718	0.727	0.764	0.714	0.688	
	0.728	0.731	0.776	0.717	0.738	0.725	0.772	0.743	0.726													
T16AfyonSaldikbey																0	0.659	0.589	0.663	0.684		
	0.651	0.665	0.697	0.615	0.669	0.611	0.583	0.642	0.656	0.673	0.671	0.696	0.661	0.698	0.628	0.665	0.608	0.673	0.648	0.616	0.558	
	0.665	0.654	0.665	0.713	0.613	0.645	0.691	0.679	0.678													
T17AntalyaFatih																	0	0.588	0.635	0.729		
	0.658	0.647	0.692	0.693	0.722	0.632	0.656	0.647	0.776	0.736	0.715	0.701	0.771	0.737	0.657	0.724	0.704	0.719	0.726	0.708	0.721	
	0.673	0.709	0.711	0.693	0.650	0.703	0.660	0.752	0.704													
T18IspartaSavkoy																		0	0.648	0.637		
	0.507	0.608	0.667	0.631	0.654	0.654	0.599	0.675	0.724	0.725	0.689	0.708	0.627	0.686	0.644	0.658	0.665	0.709	0.625	0.655	0.653	
	0.635	0.693	0.674	0.660	0.684	0.671	0.671	0.739	0.641													
T19AntalyaSide																			0	0.629		
	0.654	0.608	0.695	0.623	0.707	0.738	0.652	0.669	0.744	0.695	0.667	0.703	0.699	0.680	0.676	0.702	0.690	0.745	0.698	0.732	0.686	
	0.744	0.747	0.713	0.654	0.702	0.689	0.696	0.693	0.675													

Şekil 4.30. şeklin devamı

T20BilecikElmalı																					0
	0.660	0.632	0.745	0.603	0.714	0.697	0.658	0.691	0.727	0.694	0.708	0.702	0.662	0.660	0.643	0.612	0.648	0.694	0.734	0.739	0.684
	0.691	0.695	0.651	0.678	0.716	0.743	0.726	0.718	0.743												
T21ArtvinBorckaAkpKy																					
	0	0.656	0.699	0.636	0.677	0.652	0.604	0.712	0.731	0.682	0.662	0.656	0.633	0.675	0.618	0.673	0.679	0.708	0.716	0.691	
	0.711	0.688	0.722	0.680	0.684	0.667	0.708	0.723	0.731	0.663											
T22ArtvinBorckalbrık																					
	0	0.615	0.582	0.658	0.658	0.628	0.646	0.738	0.706	0.742	0.680	0.658	0.682	0.640	0.654	0.677	0.723	0.669	0.726		
	0.665	0.686	0.734	0.721	0.698	0.632	0.642	0.771	0.729	0.692											
T23KastamonuDaday																					
	0	0.585	0.657	0.703	0.723	0.697	0.752	0.745	0.714	0.708	0.721	0.710	0.725	0.671	0.694	0.745	0.741	0.738			
	0.735	0.704	0.716	0.747	0.718	0.730	0.726	0.741	0.760	0.735											
T24KarabukEflani																					
	0	0.573	0.629	0.573	0.627	0.683	0.632	0.656	0.614	0.628	0.635	0.659	0.659	0.600	0.708	0.687	0.707	0.697			
	0.627	0.670	0.688	0.701	0.629	0.647	0.708	0.698	0.665												
T25SivasMerkez																					
	0	0.615	0.675	0.658	0.619	0.638	0.682	0.619	0.624	0.621	0.690	0.710	0.681	0.657	0.681	0.646	0.677				
	0.650	0.679	0.713	0.695	0.652	0.636	0.743	0.719	0.706												
T26MardinMidyat																					
	0	0.613	0.658	0.685	0.648	0.699	0.711	0.625	0.712	0.674	0.709	0.713	0.694	0.665	0.655	0.736					
	0.707	0.702	0.712	0.712	0.669	0.679	0.777	0.718	0.728												
T27DuzceGolkaya																					
	0	0.629	0.635	0.644	0.703	0.680	0.640	0.664	0.624	0.662	0.627	0.680	0.692	0.659	0.695						
	0.655	0.675	0.670	0.722	0.673	0.683	0.728	0.695	0.692												
T28ErzurumIspirDevMh1																					
	0	0.636	0.635	0.625	0.662	0.700	0.706	0.663	0.646	0.661	0.730	0.676	0.739								
	0.672	0.663	0.726	0.685	0.721	0.649	0.713	0.698	0.759	0.669											
T29ErzurumIspirDevMh2																					
	0	0.602	0.696	0.733	0.694	0.626	0.694	0.662	0.625	0.699	0.693	0.667									
	0.704	0.679	0.723	0.724	0.742	0.729	0.725	0.754	0.706	0.702											
T30ErzurumIspirDevMh3																					
	0	0.669	0.717	0.676	0.664	0.687	0.671	0.660	0.681	0.669	0.675										
	0.639	0.720	0.754	0.654	0.683	0.690	0.710	0.733	0.725	0.694											

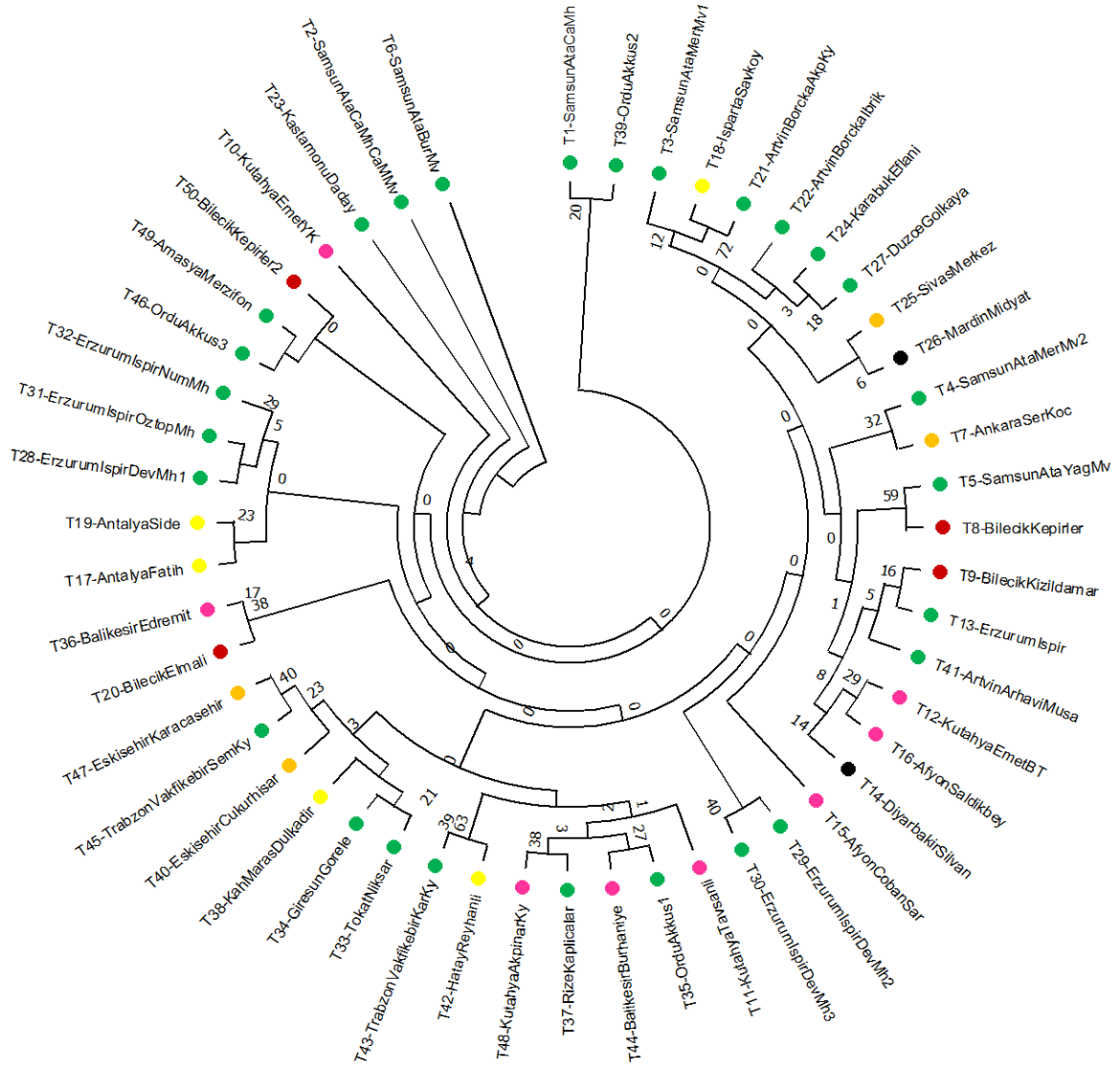
Şekil 4.30. Şeklin devamı

T31ErzurumIspirOztopMh											0	0.641	0.673	0.662	0.653	0.686	0.641	0.697	0.683	0.665	
	0.760	0.732	0.689	0.722	0.653	0.749	0.745	0.665	0.712	0.738											
T32ErzurumIspirNumMh												0	0.648	0.664	0.621	0.671	0.677	0.652	0.732	0.650	
	0.749	0.688	0.667	0.694	0.682	0.665	0.701	0.700	0.733	0.718											
T33TokatNiksar												0	0.570	0.600	0.667	0.593	0.628	0.622	0.637	0.708	
	0.658	0.679	0.705	0.651	0.660	0.654	0.720	0.692	0.729												
T34GiresunGorele													0	0.688	0.682	0.654	0.594	0.671	0.669	0.721	
	0.698	0.701	0.726	0.676	0.650	0.660	0.718	0.690	0.743												
T35OrduAkkus1														0	0.639	0.631	0.725	0.639	0.622	0.686	
	0.692	0.688	0.581	0.616	0.627	0.659	0.652	0.724	0.697												
T36BalikesirEdremit																0	0.627	0.662	0.730	0.682	
	0.649	0.695	0.683	0.631	0.699	0.704	0.723	0.699	0.687	0.685											
T37RizeKaplicalar																0	0.624	0.651	0.672	0.655	
	0.661	0.649	0.623	0.671	0.686	0.696	0.572	0.717	0.690												
T38KahMarasDulkadir																		0	0.702	0.614	
	0.681	0.662	0.684	0.671	0.709	0.698	0.693	0.649	0.716	0.719											
T39OrduAkkus2																		0	0.634	0.678	
	0.676	0.716	0.704	0.710	0.663	0.710	0.702	0.739	0.682												
T4EskisehirCukurhisar																					0
	0.661	0.667	0.648	0.674	0.619	0.661	0.598	0.663	0.744	0.709											
T41ArtvinArhaviMusa																					
	0	0.665	0.690	0.643	0.642	0.636	0.653	0.691	0.711	0.663											

Şekil 4.30. Şeklin devamı

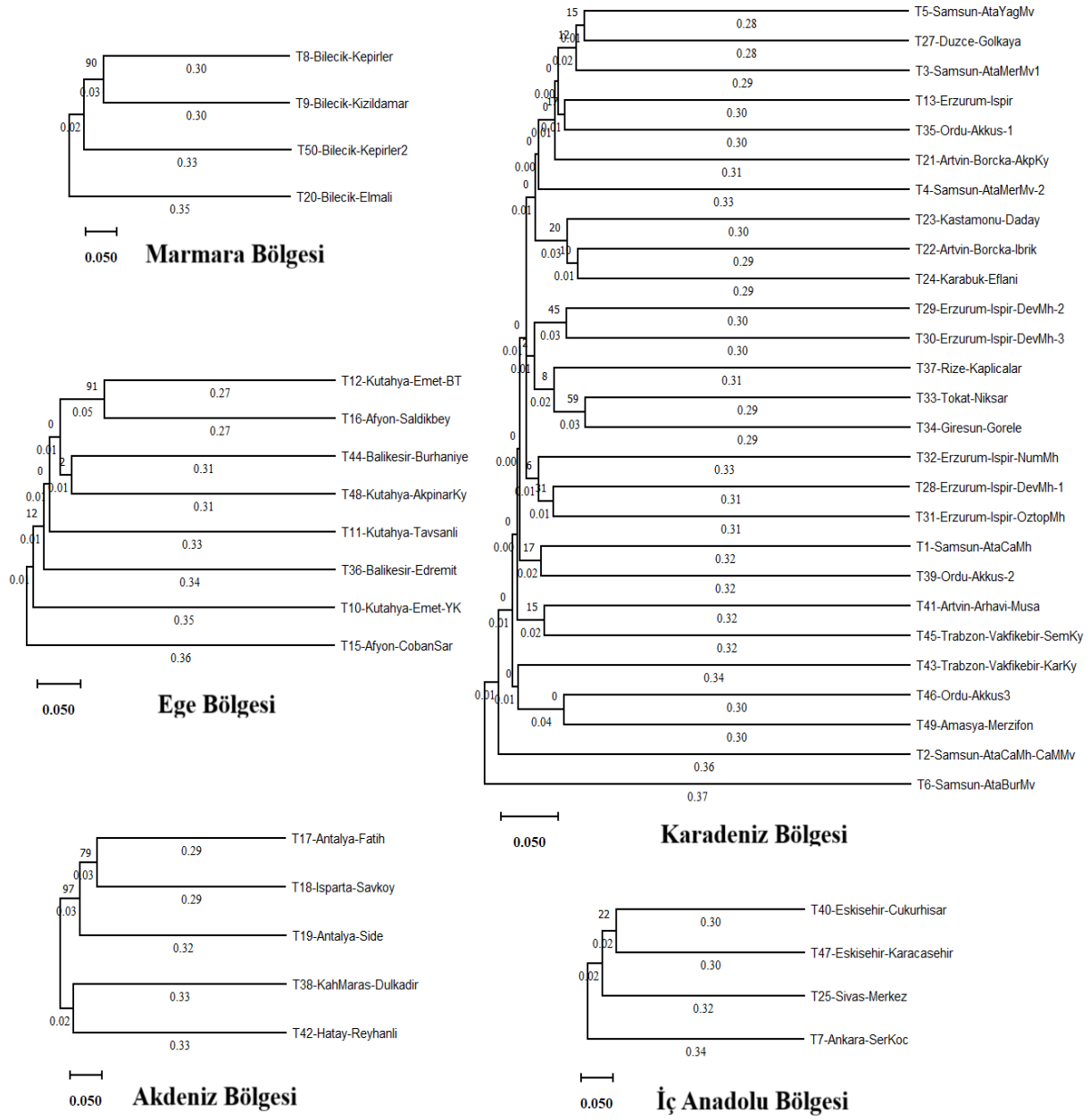
T42HatayReyhanli	0	0.594	0.663	0.681	0.633	0.734	0.618	0.719	0.676		
T43TrabzonVakfikebirKarky			0	0.637	0.693	0.676	0.701	0.686	0.698	0.680	
T4BalikesirBurhaniye				0	0.657	0.619	0.674	0.613	0.731	0.669	
T45TrabzonVakfikebirSemKy					0	0.691	0.578	0.626	0.733	0.671	
T46OrduAkkus3						0	0.585	0.684	0.608	0.614	
T47EskisehirKaracasehir								0	0.663	0.724	0.665
T48KutahyaAkpınarky									0	0.682	0.688
T49AmasyaMerzifon										0	0.717
T50BilecikKepirler2											0

Şekil 4.30. Şeklin devamı

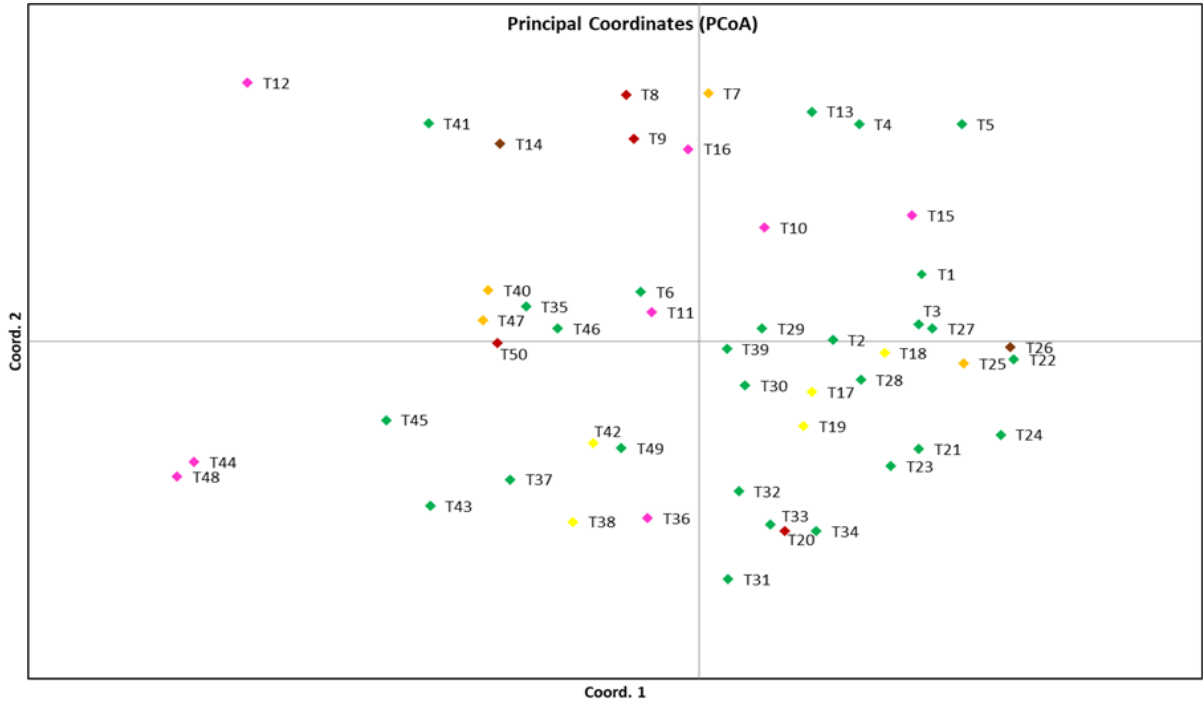


Şekil 4.31. 50 toprak örneği arasında Total DNA- RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram.

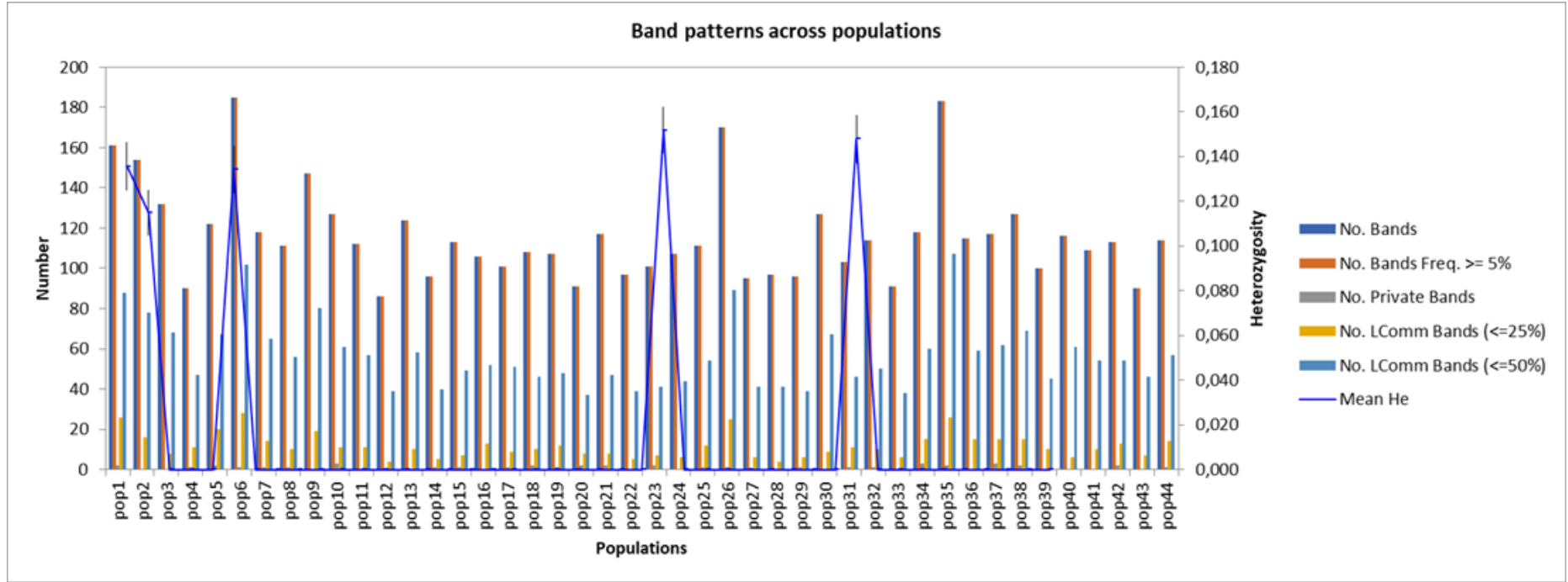
Coğrafi bölge renkleri: kırmızı Marmara Bölgesi, pembe Ege Bölgesi, sarı Akdeniz Bölgesi, turuncu İç Anadolu Bölgesi, yeşil Karadeniz Bölgesi, kahverengi Güneydoğu Anadolu Bölge



Şekil 4.32. 50 toprak örneği arasında Total DNA- RNA virtüs çeşitliliğini gösteren bölgeler arası dendrogram.



**Şekil 4.33.** 50 toprak örneğindeki total DNA- RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin temel koordinat analizi (PCoA).



Şekil 4.34. 50 toprak örneğindeki total DNA-RNA virüslerinin viral çeşitliliğinin BAPT analizi.

No Bands: Toplam bant sayısı, No Bands Freq. >=5%: Frekansı %5'ten fazla olan bant sayısı, No Private Bands: Özel bant sayısı, No LComm Bands: Yerel popülasyona ait olan bantlar, Mean He: Heterozigotluk

## 5. TARTIŞMA

*P. vulgaris* (fasulye) ekonomik değeri yüksek ve besin değeri açısından önemli bir bitkidir. Özellikle düşük gelirli ülkelerde kolay temin edilmesi, bölgede yaşayan insanların sağlığı açısından oldukça önemlidir. Bu nedenle bu bitki için tarımda sürdürülebilirlik esas faktördür. Fasulye gibi önemli tarım bitkilerinde ürünün kalitesini, verimliliğini ve sürdürülebilirliğini etkileyen viral ve bakteriyel kaynaklı hastalıklar bulunmaktadır. Bu hastalıklar bitkinin sağlığını ve ürün verimini olumsuz yönde etkilemektedir (Saraçoğlu ve Erkan, 2016)

Toprakta bulunan mikrobiyal bileşenler bitki sağlığı açısından oldukça önemlidir. Toprak ekosistemlerinde bulunan virüsler, sadece hastalık yapıcı etmen olarak değil aynı zamanda bakterilerle de etkileşim halindedir (Emerson vd., 2018). Bu etkileşim özellikle bakterileri konakçı olarak hedefleyen virüsleri (bakteriyofaj), tarımsal üretimde bitki patojeni bakterilere karşı kontrol ajanı olarak etkili bir silah haline getirmektedir. Bitki sağlığını olumsuz yönde etkileyen hastalıkların başlıca sebebi olan patojenler; yaygın olarak kimyasal pestisit kullanımıyla engellenmeye çalışılsa da, bu tarım ilaçlarının çevreye ve insan sağlığı açısından tehlikeli olabildikleri bilinmektedir. Alternatif mücadele yöntemi olarak kullanılan bakteriyofajlar, çevreye kimyasal kalıntı ve zarar vermeden bitki patojeni bakterileri etkisiz hale getirebilmektedirler. Bakteriyofajların diğer önemli özelliği de, hedef patojen bakterilere karşı yüksek özgüllüğe sahip olabilmeleridir. Kimyasal mücadele yöntemlerine nazaran biyolojik mücadele yöntemleri, çevre sağlığı ve ekolojik denge için öncelikli olarak tercih edilmelidir (Aydoğan ve Hadımlı, 2016).

Bitki hastalıklarıyla mücadeleye yönelik uygulamaların daha etkili olması ve farklı yeni kaynakların keşfedilmesi için, toprak ekosisteminin bir parçası olan virüslerin araştırılması gerekmektedir. Toprak viral çeşitliliğinin belirlenmesi özellikle bakteri düşmanı olarak bilinen bakteriyofajların tespit edilmesine de katkı sağlayacaktır. Viral çeşitliliğin belirlenmesinde çok sayıda farklı yöntem bulunmaktadır. Bu yöntemler arasında moleküler yöntemler önemli bir konumdadır. Özellikle dizileme temelli ve PZR temelli yöntemler öne çıkmaktadır. PZR temelli yöntemlerden RAPD-PZR, viral popülasyonlar arasında çeşitliliği belirlemek için kullanılmaktadır. Hızlı, kolay uygulanabilirliği ve düşük maliyetinden dolayı tercih edilen başlıca PZR yöntemleri arasında yer almaktadır (Rubio vd., 2020).

Bu tez çalışmasında Türkiye’de fasulye yetiştirilen farklı toprak örneklerinin sahip olduğu viral çeşitliliğin belirlenmesi, fasulye hastalık etmenleri olan *P. syringae* pv. *phaseolicola* (PSPM3, PSP14) ve *X. axonopodis* pv. *phaseoli*’ye karşı olası toprak bakteriyofajlarının tespiti araştırılmıştır. Farklı lokasyonlardan temin edilen 50 toprak örneği arasında T2 ve T6 filtre toprak örneklerinin sırasıyla *P. syringae* pv. *phaseolicola* M3 ve 14 suşlarının üremesini hem katı (Şekil 4.1 ve 4.2) hem de sıvı kültür (Şekil 4.4 ve 4.5) ortamında durdurduğu gözlenmiştir.

Genel patojen bakterilere karşı etkili bakteriyofajların araştırılmasına yönelik bazı benzer çalışmalar öne çıkmaktadır. Sharma vd. (2021) çoklu ilaç kullanımında dirençli *P. aeruginosa* bakterisine karşı bakteriyofajları bulmak amacıyla yaptıkları çalışmada, atık sularından izole ettikleri örneklerin besi yerindeki kültürler üzerinde berrak plakalar oluşturduğunu gözlemlemişlerdir. Plakaların analiz edilmesi sonucunda da *Myoviridae* familyasına üye bir bakteriyofaj’ın varlığını tespit etmişlerdir (Sharma vd., 2021). *P. syringae* pv. *syringae*’nin biyo-kontrolüne yönelik kullanıldığı bilinen ticari Faj φ6 ile yapılan diğer bir çalışmada ise; konakçı bakteri kültürleri üzerinde bakteriyofaja bağlı lizis plakalarının oluştuğu gözlenmiştir (Pinheiro vd., 2019). Ashelford vd. (2003)’nin Cardiff Üniversitesi’nde (Cardiff, Birleşik Krallık) yaptıkları bir çalışmada; açık alanda bulunan olgun şeker pancarının yetiştiği (*Beta vulgaris* var. *Amythest*) üç adet rizosfer toprağı örneği kullanılmıştır. Sonraki aşamada büyümeye devam eden pancar örneklerinin 2 m uzağıdaki topraktan üç toprak örneği daha alınmıştır. Bu örneklerin TEM analizi sonucu CP6-1, CP6-1 benzer ve CP6-1 benzer olmayan fajlar tespit edilmiştir. Diğer bir çalışmada Polonya’nın farklı bölgelerinden alınan toprak örneklerinden *Dickeya spp.* biovar 3’ü (*D. solani*) bitki patojeni bakterisini enfekte eden toprak kaynaklı litik bakteriyofajların tespiti amaçlanmıştır. İzole edilen 9 fajın, *Caudovirales* takımının, *Myoviridae* familyasının üyelerinin tipik bir morfolojisine sahip olduğu gözlenmiştir (Czajkowski vd., 2014). *B. cereus*’a karşı bakteriyofajları bulmak amacıyla yapılan bir başka çalışmada çeşitli Kore geleneksel fermente gıdalarından ve topraklarından izole ettikleri örneklerde transmisyon elektron mikroskobu ile *Siphoviridae* familyasına ait *B. cereus* bakteriyofajlarını gözlemlemişlerdir (Oh vd., 2017). Artawinata vd. (2023) gıda bozulmasına ve gıda kaynaklı patojenik bakterilere karşı yaptıkları çalışmada Endonezya Pakulonon Barat Köyü’nden toplanan toprak örneklerinden yapılan izolasyonlar sonucunda dört litik bakteriyofaj, BC-S1, BS-S2, ETEC-S3 ve EHEC-S4 tespit edilmiştir (Artawinata vd., 2023). Bu örnek çalışmalar, araştırmamızda kullandığımız bitki patojeni *P. syringae* pv. *Phaseolicola*’nın M3 ve 14 suşları için T2 ve T6 toprak filtre örnekleri ile elde ettiğimiz

sonuçlara benzer olduğu görülmektedir. T6 örneği için yapılan TEM analizi sonucu bu bakterinin M3 suşuna karşı etkili olabileceği düşünülen birden fazla formda faj görüntüleri elde edilmiştir (Şekil 4.5). Faj görüntüleri analiz edildiğinde baş boyutları ölçülebilmştir. Kuyruk görülmeyen fajlarda kuyrukların filtrasyon sırasında kopmuş olabileceği anlaşılmaktadır. TEM görüntülerinde, baş kısmından ayrı olarak gözlenen bazı kuyruk yapılarının olması, bu durumu doğrular niteliktedir. Literatür incelendiğinde görüntülenen fajların morfolojik olarak *Caudovirales* takımının, *Myoviridae* ailesine ait olduğu öngörülmektedir (Zinke vd., 2022). Kesin bir tanımlama ve sınıflandırma yapılabilmesi için metagenomik analiz yapılması gerekmektedir.

Bu tez çalışması kapsamında 44 farklı lokaliteden toplanmış 50 toprak örneğinin virüs çeşitliliğini belirlemek amacıyla; literatürde belli viral gruplara özgü tanımlanmış primerler ve genel çeşitlilik analizlerinde kullanılan toplam 25 adet RAPD temelli primer PZR analiz yöntemiyle test edilmiştir. Tam verimli PZR amplifikasyonunun hedeflendiği testlerde 11 primerde hiçbir amplifikasyonun gerçekleşmediği görülmüştür. Bu primerler arasında 8 tanesi, 50 örnek için kısmi amplifikasyon sağlamış ve diğer bazı örnekler için ürün vermemiştir (Tablo 4.1). Viral DNA çeşitliliği için yapılan PZR analizlerinde Cra22, P5, P11, P13, P21 ve OPA13 primerler, tüm örneklerde verimli ve yüksek polimorfizm içeren amplifikasyon ürünleri vermiştir. PZR ürünlerinin agaroz jelde görülen bant profillerinin karşılaştırmalı analizleri, Phoretix1D programı kullanılarak yapılmıştır (Şekil, 4.7, 4.8, 4.9, 4.10, 4.11, 4.12). Bant analizleri sonucunda her primerin 21-41 arası değişen sayılarda farklı amplifikasyon bandına sahip olduğu ve %100 polimorfizm içerdiği tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, bu primerlerin toprak örneklerinin DNA viral çeşitliliğine yönelik analizlerde kullanışlı ve yüksek ayırım gücüne sahip olduklarını göstermektedir. Verimli primerler arasında literatür bilgisine göre tercih edilen CRA-22 RAPD belirtecinin, toprak örneklerindeki viral topluluklarda özellikle *Baculovirus*'leri tespit etmek için etkili bir şekilde kullanıldığı bilinmektedir (Winget ve Wommack, 2008). Verimli ve yüksek polimorfizme sahip amplifikasyon ürünleri veren bu belirtecin, çalışmamızda yer alan tüm toprak örneklerinde *Baculovirus* üyesi virüslerin varlığını göstermektedir. Bu tez çalışması aynı zamanda bu *Baculovirus* belirtecinin de viral çeşitlilik analizleri için kullanışlı ve işlevsel olduğunu doğrulamıştır. Bu primer ile birlikte CRA-23 RAPD belirtecini *Baculovirus* 'leri tespit etmek için kullanıldığı, OPA-9 primerinin ise hem *Baculovirus* 'leri (Winget ve Wommack, 2008) hem de *Podoviridae* ve *Myoviridae* virüs ailelerini tespit etmede kullanıldığı bilinmektedir (Helton ve Wommack, 2009). Bu belirteçler Ek-1'de verilen ve çalışmamızda yer alan bazı toprak örneklerinde varlıklarını göstermişlerdir.

Moleküler temelli viral çeşitlilik analizine yönelik örnek bir çalışma Gutiérrez vd. (2011) tarafından gerçekleştirilmiştir. RAPD-PCR ile bakteriyofajların tiplendirilmesi üzerine yaptıkları çalışma ile, mastisitli anne sütünden izole edilen bakteriyofaj izolatlarının hızlı tiplendirilmesi ve genetik çeşitliliğinin ön değerlendirmesine yönelik veriler elde etmişlerdir. Elde ettikleri verimli sonuçlar sayesinde, RAPD-PCR yönteminin benzer analizler için kullanışlı olduğunu bildirmişlerdir (Gutiérrez vd., 2011).

Karşılaştırmalı bant analizlerinden elde edilen sonuçlar neticesinde toprak örneklerine ait DNA virüs çeşitliliğini gösteren bir dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.15). DNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram incelendiğinde; birbirine yakın bazı lokasyon örnekleri ve aynı lokasyona ait bazı örnekler yan yana dallanmaktadır. Lokasyon örneklerini temsil eden renkler, (Şekil 3.1’de işaretlenen) coğrafi bölge renklerine göre, kısmen ayrı ayrı gruplandığı görülmektedir. Birbirine yakın olan dallar arasında aynı lokasyondan gelen örneklerin viral çeşitlilik bakımından benzer olduğu anlaşılmaktadır. Ancak bu durum diğer yakın ya da aynı lokasyonlar için genellenmemiştir. Dallanma yapısı içinde birbirinden uzak (farklı coğrafi renkte temsil edilen) bazı örneklerin de yan yana ya da ayrı dallanma gösterdiği görülmektedir. Bu durum doğrultusunda, viral çeşitliliğin sadece coğrafi konuma bağlı olmadığı, toprak yapısına, çevresel etmenlere ve farklı konakçılardan etkilenme durumlarına göre de çeşitliliğin değişiklik gösterebileceği anlaşılmaktadır. DNA viral çeşitlilik dendrogramı genel itibarıyla yüksek oranda viral çeşitliliği göstermektedir. Bu sonuç, PCR analizi yapılan toprak örneklerinin birbirlerinden farklı ve zengin DNA virüs içeriğine sahip olduklarını öngörmektedir.

GenAlEx yazılımı kullanılarak oluşturulan PCoA grafiği incelendiğinde, viral çeşitlilik gösteriminin, dendrogram gösterimine göre daha net ayırım sağladığı gözlenmektedir (Şekil 4.16). PCoA grafiğinde, örneklerin benzerlik/farlılık durumunu gösteren ayırım, topolojik olarak daha net anlaşılmaktadır. PCoA grafik sonucunun dendrogram sonucuna paralel şekilde ve benzer kümelenme yapısında olduğu görülmektedir. Aynı kümelenme içerisinde görülen farklı coğrafi bölge lokasyon örnekleri ve farklı kümelenme grubu içerisinde görülen aynı coğrafi bölgeye ait lokasyon örneklerinin bulunması; aynı ve yakın coğrafi bölgeden olan örneklerin her zaman çeşitlilik bakımından birbirine yakın ya da ilişkili olmak zorunda olmadığını göstermektedir. Bu durumu destekleyen bir çalışma, Choi vd. (2013) tarafından Kore’de PRRSV (porcine reproductive and respiratory syndrome virüsü)’nin genetik çeşitliği hakkında yapılmıştır. Yapılan analizlerle, Kore’deki PRRSV’ler arasında coğrafi yakınlık ve genetik akrabalık arasında bir korelasyon olmadığı sonucunu bulmuşlardır (E.-J. Choi vd.,

2013). Majör kapsid protein geninin amplifikasyon parçalarını kullanarak *Phycodnaviridae* virüs ailesinin üyelerinin filogenetik analizi için yapılan diğer bir çalışmada ise; *Phycodnaviridae* virüs ailesinin yakından ilişkili dizilerinin deniz ortamından coğrafi olarak uzak yerlerde mevcut olduğunu göstermektedir (J. Larsen vd., 2008). Bu literatür örnekleri, elde ettiğimiz dendrogram ve PCoA analiz verilerinde gözlenen ve viral çeşitliliğin coğrafi mesafelerle doğrudan ilişkili olmadığını doğrular niteliktedir.

Elde edilen deneysel verilere farklı bir perspektif katmak amacıyla; toprak örneklerine ait DNA virüs çeşitliliği gösteren veriler kullanılarak, popülasyonlar arasındaki bant özelliklerini karşılaştırmak için BAPT (Band patterns across populations) analizi yapılmıştır (Şekil 4.17). BAPT analizi farklı popülasyonlardan elde edilen bantların karşılaştırılmasının sonucunda genetik çeşitlilik, varyasyon ve popülasyon yapısının değerlendirilmesi esasına dayanmaktadır (Ghanbari vd., 2020).

DNA virüs çeşitliliği için BAPT analizi verilerine göre; en yüksek bant sayısına sahip popülasyonların pop1, pop2, pop6, pop26, pop35 olduğu görülmektedir. En düşük bant sayısına sahip popülasyonlar; pop12, pop22 ve pop33'tür ve heterozigositeleri ise 0'a yakın olarak görülmektedir. Bu durum bu popülasyonlarda viral olarak çeşitliliğin sınırlı olduğunu göstermektedir. Ayrıca pop2, pop6, pop23, pop24, pop31, pop32'nin *He* değerlerinin yüksek olduğu ve viral çeşitliliğin de bu popülasyonlarda fazla olduğu anlaşılmaktadır. Yüksek bant sayısına rağmen pop1, pop26 ve pop35'te *He* değerleri 0'a yakın görülmektedir. Bu durum yüksek bant sayısı her zaman yüksek viral çeşitliliğe neden olmadığını göstermektedir. Çeşitliliği yüksek ve yüksek bant sayısı ile uyumlu olan popülasyon pop6'dır. Tüm popülasyonlarda frekansı %5'ten fazla olan bantların sayısı popülasyonlara ait toplam bant sayıları ile aynı değerdedir. Bu sonuç, o popülasyona ait gözlemlenen bantların popülasyonların yapısında yaygın olarak görülen bantlar olduğunu göstermektedir. Popülasyonlara özgü bantlara bakıldığında; pop1, pop4, pop7, pop10, pop17, pop18, pop29, pop37, pop38 gibi popülasyonlarda özel bantlar olmasına rağmen heterozigosite neredeyse sifıra yakın olarak görülmektedir. Yüksek bant sayısına ve viral çeşitliliğe rağmen pop6'da popülasyona özgü bant bulunmamaktadır.

RNA virüs çeşitliliği için yapılan PZR analizlerinde Cra22, P5, P11, P13, P21 ve OPA13 primerler, tüm örneklerde verimli ve yüksek polimorfizm içeren amplifikasyon ürünleri vermiştir (Tablo 4. 2). PZR ürünlerinin agaroz jelde görülen bant profillerinin karşılaştırmalı analizleri, Phoretix1D programı kullanılarak yapılmıştır (Şekil, 4.18, 4.19, 4.20, 4.21, 4.22, 4.23). Bant analizleri sonucunda her primerin 23-37 arası değişen sayılarda farklı amplifikasyon

bandına sahip olduğu ve %100 polimorfizm içerdiği tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, bu primerlerin toprak örneklerinin RNA viral çeşitliliğine yönelik analizlerde kullanışlı ve yüksek ayırım gücüne sahip olduklarını göstermektedir.

Karşılaştırmalı bant analizlerinden elde edilen sonuçlar neticesinde toprak örneklerine ait RNA virüs çeşitliliğini gösteren bir dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.26). RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram incelendiğinde; birbirine yakın bazı lokasyon örnekleri ve aynı lokasyona ait bazı örnekler yan yana dallanmaktadır. Lokasyon örneklerini temsil eden renkler, (Şekil 3.1’de işaretlenen) coğrafi bölge renklerine göre, kısmen ayrı ayrı gruplandığı görülmektedir. Birbirine yakın olan dallar arasında aynı lokasyondan gelen örneklerin viral çeşitlilik bakımından benzer olduğu düşünülmektedir. Ancak bu durum diğer yakın ya da aynı lokasyonlar için genellenmemiştir. Dallanma yapısı içinde birbirinden uzak (farklı coğrafi renkte temsil edilen) bazı örneklerin de yan yana ya da ayrı dallanma gösterdiği görülmektedir. Örneğin T5 ve T15 lokasyon örnekleri, yakın dallarda ve aynı koldan ayrılmalarına rağmen bu iki lokasyon örneği birbirine oldukça uzak mesafededir. T1-2-3-4-5 lokasyon örnekleri ile yakın konumlarda olmasına rağmen, dendrogramda daha uçta ve ayrık bir konumda bulunan T6 lokasyon örneğinin, viral çeşitlilik bakımından diğerlerinden izole bir örnek olduğu görülmektedir. Bu durum doğrultusunda viral çeşitliliğin sadece coğrafi konuma bağlı olmadığı, toprak yapısına, çevresel etmenlere ve farklı konakçılardan etkilenme durumlarına göre de çeşitlilik gösterebileceği anlaşılmaktadır. RNA viral çeşitlilik dendrogramı DNA viral çeşitliliğine göre daha yüksek polimorfizme sahip olduğu görülmektedir. Bu sonuç, PZR analizi yapılan toprak örneklerinin RNA virüs çeşitliliği bakımından birbirlerinden farklı ve zengin sahip olduklarını öngörmektedir.

GenAlEx yazılımı kullanılarak oluşturulan PCoA grafiği incelendiğinde, RNA viral çeşitlilik gösteriminin, dendrogram gösterimine göre daha net ayırım sağladığı gözlenmektedir (Şekil 4.27). PCoA grafiğinde, örneklerin benzerlik/farlılık durumunu gösteren ayırım, topolojik olarak daha net anlaşılmaktadır. PCoA grafik sonucunun dendrogram sonucuna paralel şekilde ve benzer kümelenme yapısında olduğu görülmektedir. Aynı kümelenme içerisinde görülen farklı coğrafi bölge lokasyon örnekleri ve farklı kümelenme grubu içerisinde görülen aynı coğrafi bölgeye ait lokasyon örneklerinin bulunması; aynı ve yakın coğrafi bölgeden olan örneklerin her zaman çeşitlilik bakımından birbirine yakın ya da ilişkili olmak zorunda olmadığını göstermektedir. Dendrogramda görülen T6 lokasyon örneğinin PCoA grafik sonucunda da yakın coğrafi bölgedeki diğer lokasyon örnekleri ile aynı kümelenme içerisinde olmaması bu lokasyon örneğini kritik ve önemli bir konumda tutmaktadır. Ayrıca besi yeri

kaplama yönteminde zone oluşumu gözlenmesi (Şekil 4.2) ve sıvı kültür yönteminde de bakteri üremesinin baskılandığının görülmesi (Şekil 4.4 ve 4.5); bu lokasyon örneğinin ayrı bir öneme sahip olduğunu göstermektedir. Bu durumu destekleyen bir çalışma ter Horst vd. (2023) tarafından Kaliforniya’da yapılmıştır. Meşe ve kozalaklı ağaçların yapraklarındaki konak bitki filogenisi ile RNA viral toplulukları arasında ilişki araştırılmış ve elde edilen dendrogram sonucuna göre *Q. douglasii* meşesinden gelen 'aykırı' viral topluluk, PCoA grafiğindeki diğer meşelerden ayrı olarak özellikle belirgin olduğu gözlenmiştir. Bu durum doğrultusunda *Q. douglasii*'nin diğer ağaçlardan daha fazla mikoviral diziye sahip olduğu sonucuna varmışlardır.

Yapılan çalışmalara ek olarak toprak örneklerine ait RNA virüs çeşitliliği gösteren veriler kullanılarak, popülasyonlar arasındaki bant özelliklerini karşılaştırmak için BAPT (Band patterns across populations) analizi yapılmıştır (Şekil 4.28).

RNA virüs çeşitliliği için BAPT analizi verilerine göre; en yüksek bant sayısına sahip popülasyonların pop1, pop6, pop9, pop26, pop35 olduğu görülmektedir. En düşük bant sayısına sahip popülasyonlar; pop4, pop14, pop20 ve pop43'tür pop33'tür ve heterozigositeleri ise 0'a yakın olarak görülmektedir. Bu durum bu popülasyonlarda viral olarak çeşitliliğin sınırlı olduğunu göstermektedir. Ayrıca pop2, pop6, pop23, pop24, pop31, pop32'nin *He* değerlerinin yüksek olduğu ve viral çeşitliliğin de bu popülasyonlarda fazla olduğu anlaşılmaktadır. Yüksek bant sayısına rağmen pop1, pop9, pop26 ve pop35'te *He* değerleri 0'a yakın görülmektedir. Bu durumda yüksek bant sayısının her zaman yüksek viral çeşitliliğe neden olmadığı görülmektedir. Çeşitliliği yüksek ve yüksek bant sayısı ile uyumlu olan popülasyon pop6'dır. Tüm popülasyonlarda frekansı %5'ten fazla olan bantların sayısı popülasyonlara ait toplam bant sayıları ile aynı değerdedir. Bu sonuç, o popülasyona ait gözlemlenen bantların popülasyonların yapısında yaygın olarak görülen bantlar olduğunu göstermektedir. Popülasyonlara özgü bantlara bakıldığında; pop1, pop6, pop8, pop10, pop14, pop15, pop23, pop37, pop38 gibi popülasyonlarda özel bantlar olmasına rağmen pop6 ve pop23 hariç geri kalan popülasyonlarda heterozigosite neredeyse sıfıra yakın olarak görülmektedir. Hem yüksek bant sayısı ve heterozigosite durumu hem de özel bantlara sahip olması nedeniyle pop6'nın kritik bir öneme sahip olduğu ve viral çeşitlilik bakımından diğerlerine göre daha izole bir popülasyon olabileceği anlaşılmaktadır.

Karşılaştırmalı bant analizlerinden elde edilen sonuçlar neticesinde toprak örneklerine ait total DNA-RNA virüs çeşitliliğini gösteren bir dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.31). Total DNA-RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendrogram incelendiğinde; birbirine yakın bazı lokasyon örnekleri ve aynı konuma ait bazı örnekler yan yana dallanmaktadır. Lokasyon

örneklerini temsil eden renkler, (Şekil 3.1’de işaretlenen) coğrafi bölge renklerine göre, kısmen ayrı ayrı gruplandığı görülmektedir. Birbirine yakın olan dallar arasında aynı lokasyondan gelen örneklerin viral çeşitlilik bakımından benzer olduğu düşünülmektedir. Ancak bu durum diğer yakın ya da aynı lokasyonlar için genellenmemiştir. Dallanma yapısı içinde birbirinden uzak (farklı coğrafi renkte temsil edilen) bazı örneklerin de yan yana ya da ayrı dallanma gösterdiği görülmektedir. Örneğin T5 ve T8 lokasyon örnekleri, yakın dallarda ve aynı koldan ayrılmasına rağmen bu iki lokasyon örneği birbirine oldukça uzak mesafede bulunmaktadır. Bu durum doğrultusunda viral çeşitliliğin sadece coğrafi konuma bağlı olmadığı anlaşılmaktadır. Bu dendograma ek olarak farklı coğrafi bölgelere göre total DNA-RNA virüs çeşitliliğini gösteren dendogramlara bakıldığında (Şekil 4.32); Karadeniz bölgesinde bulunan yakın lokasyonlardan alınan bazı toprak örneklerinin (T29-T30; T28, T31 ve 32) yan yana dallandığı görülmektedir. Ancak bu durum tüm örnekler için geçerli değildir. Birbirine yakın bazı lokalitelerde (T43 ve T45) dallar arasında mesafenin olduğu ve farklı lokaliteye ait örneklerin arada dallanmaya katıldığı gözlenmiştir. Benzer durum diğer coğrafi bölgelere ait dendogramlarda da görülmüştür. Coğrafi bölgelere göre oluşturulan dendogramların genel viral çeşitlilik dendogramına uyumlu olduğu ve viral çeşitliliğin coğrafi konum ya da lokasyona bağlı olmadığı anlaşılmaktadır. Uzak lokasyonlardaki örneklerin yan yana dallanma yapması ve benzer viral çeşitliliğe sahip olmaları; virüslerin abiyotik rüzgar, yağmur vb. atmosferik olaylar ve biyotik farklı taşıyıcı canlıların faaliyetleri sonucu taşınabileceğini göstermektedir. Bu durum, "aerovirüs taşınımı" (aerovirology) olarak adlandırılmakta olup, virüslerin doğrudan havada serbest kalabildiği gibi, genellikle toz parçacıkları, su damlacıkları, biyoaerozoller veya organik maddeler gibi taşıyıcılarla birlikte hareket edebildiğini (Griffin, 2007; Verreault 2010) ifade etmektedir.

PCoA grafiği incelendiğinde, total DNA-RNA virüs çeşitliliği gösteriminin, dendrogram gösterimine göre daha net ayırım sağladığı gözlenmektedir (Şekil 4.33). Örneklerin benzerlik/farklılık durumunu gösteren ayırım, topolojik olarak daha net anlaşılmaktadır. PCoA grafik sonucunun dendrogram sonucuna paralel şekilde ve benzer kümelenme yapısında olduğu görülmektedir. Aynı kümelenme içerisinde görülen farklı coğrafi bölge lokasyon örnekleri ve farklı kümelenme grubu içerisinde görülen aynı coğrafi bölgeye ait lokasyon örneklerinin bulunması; total DNA-RNA viral çeşitliliğinin coğrafi mesafelerle doğrudan ilişkili olmadığını doğrular niteliktedir.

Elde edilen deneysel verilere farklı bir perspektif katmak amacıyla; toprak örneklerine ait total DNA-RNA virüs çeşitliliği gösteren veriler kullanılarak, popülasyonlar arasındaki bant özelliklerini karşılaştırmak için BAPT analizi yapılmıştır (Şekil 4.34).

Total DNA-RNA virüs çeşitliliği için BAPT analizi verilerine göre; en yüksek bant sayısına sahip popülasyonların pop1, pop2, pop6, pop26, pop35 olduğu görülmektedir. En düşük bant sayısına sahip popülasyonlar ise pop4, pop12, pop20 ve pop43'tür. Bu popülasyonların heterozigositeleri ise 0'a yakındır. Bu durum bu popülasyonlarda viral olarak çeşitliliğin sınırlı olduğunu göstermektedir. Ayrıca pop2, pop6, pop23, pop24, pop31, pop32' de *He* değerlerinin yüksek olduğu ve viral çeşitliliğin de bu popülasyonlarda fazla olduğu anlaşılmaktadır. Yüksek bant sayısına rağmen pop1, pop26 ve pop35'te *He* değerleri 0'a yakın görülmektedir. Bu durum yüksek bant sayısının her zaman yüksek viral çeşitliliğe neden olmadığını, *He* değerleri 0'a yakın popülasyonların kapalı kaldığı veya genetik olarak erozyona uğramış olabileceğini göstermektedir.

Çeşitliliği yüksek ve yüksek bant sayısı ile uyumlu olan popülasyon pop6'dır. Tüm popülasyonlarda frekansı %5'ten fazla olan bantların sayısı popülasyonlara ait toplam bant sayıları ile aynı değerdedir. Bu sonuç, o popülasyona ait gözlemlenen bantların popülasyonların yapısında yaygın olarak görülen bantlar olduğunu göstermektedir. Popülasyonlara özgü bantlara bakıldığında; pop1, pop6, pop10, pop18, pop20, pop21, pop23, pop31, pop32, pop34, pop35, pop37, pop38, pop42, pop44 gibi popülasyonlarda özel bantlar bulunmasına rağmen, pop6, pop23, pop31, pop32 popülasyonları hariç diğer popülasyonlarda heterozigosite neredeyse sıfıra yakın olarak görülmektedir. Yüksek bant sayısına ve viral çeşitliliğe ek olarak pop6'da popülasyona özgü bantlar da mevcuttur.

Total DNA-RNA viral çeşitliliğinde literatürde virüslerle ilgili yapılan çalışmalarda BAPT analizinin kullanıldığı bir örneğe rastlanılmamıştır.

Bu tez çalışmasında, Türkiye'nin altı coğrafi bölgesindeki 44 farklı lokasyondan toplanan 50 toprak örneğindeki viral DNA ve RNA çeşitliliği, moleküler belirteç (markör)'ler kullanılarak araştırılmıştır. Amplifikasyon verimi yüksek bu belirteçlerin, yeni toprak virüslerinin keşfi ve genom dizileri bilinmeyen viral bileşenleri tanımlama amaçlı çalışmalar için kullanışlı olacağı ve metagenomik gibi büyük ölçekli analizler için gereken referans çeşitliliğini artıracığı öngörülmektedir. Toprak örneklerinde fasulye patojeni iki bakteriyel hastalığa karşı yapılan potansiyel bakteriyofaj taraması sonucunda bir örneğin öne çıktığı görülmüştür. *P. syringae* pv. *phaseolicola* patojenine ait sıvı kültürler üzerinde etkili olduğu

görülen örnek için TEM analizi sonucunda boyut ve morfolojileri farklı olası dört bakteriyofaj tespit edilmiştir.

## 6. ÖNERİLER

Bu çalışma ile ülkemizde yaygın olarak görülen bakteriyel kökenli hale yanıklığı (*P. syringae* pv. *phaseolicola*) hastalığına karşı etkili olduğu gözlenen bakteriyofaj varlığı tespit edilmiştir. Ayrıca Türkiye'nin altı coğrafi bölgesinde 44 farklı lokasyondan 50 toprak örneğinin viral DNA ve RNA çeşitlilikleri belirlenmiştir. Araştırma sonuçlarına dayanarak sunulan öneriler:

1. TEM analizi ile tespit edilen bakteriyofaj varlığı morfolojik olarak tespit edilmesine rağmen, tür ya da türlere ait tanımlama yapılmaması nedeniyle; gelecek çalışmalarla genomik analiz yöntemiyle bu durumun aydınlatılması önerilmektedir.

2. Moleküler markörler amplifiye edilen ve viral çeşitlilik verisinde kullanılan PCR ürünü DNA fragmentlerinin bulk yapılarak her bir toprak örneği için dizi analizi ve gen bankası eşleştirmeleri yapılarak; viral çeşitliliği oluşturan tüm DNA ve RNA virüslerinin tür bazında bilgilerinin elde edilmesi, gelecek çalışmalar için önerilmektedir.

## KAYNAKÇA

- Abuelewi, M. H., Harara, F. E., Al-Ghoul, M. M., Okasha, S. M., & Abu-Naser, S. S.** (2022). Rule Based System for Diagnosing Bean Diseases and Treatment. *International Journal of Engineering and Information Systems (IJEAIS)* 6 (5):67-74.
- Adams, M., Hendrickson, R., Dempsey, D., & Lefkowitz, E.** (2015). Tracking the changes in virus taxonomy. *Archives of Virology*, 160, 1375-1383.
- Adriaenssens, E. M., Kramer, R., Van Goethem, M. W., Makhalanyane, T. P., Hogg, I., & Cowan, D. A.** (2017). Environmental drivers of viral community composition in Antarctic soils identified by viromics. *Microbiome*, 5, 1-14.
- Agrios, G. N.** (2005). *Plant pathology*: 5th Edition (Amsterdam: Elsevier Academic Press), 922. Available at: <https://doi.org/10.1016/C2009-0-02037-6>.
- Ağım, Y., & Kepenekçi, İ.** (2021). Türkiye ve Kırgızistan'dan elde edilen entomopatojen nematodların fasulye tohum böceği [*Acanthoscelides obtectus* (Say)(*Coleoptera: Chrysomelidae*)]'ne karşı etkinliklerinin araştırılması. *Türkiye Biyolojik Mücadele Dergisi*, 12(2), 93-108.
- Akibode, C. S., & Maredia, M. K.** (2012). Global and regional trends in production, trade and consumption of food legume crops. (No. 136293). Michigan State University, Department of Agricultural, Food, and Resource Economics.
- Al-Shayeb, B., Sachdeva, R., Chen, L.-X., Ward, F., Munk, P., Devoto, A., . . . Amano, Y.** (2020). Clades of huge phages from across Earth's ecosystems. *Nature*, 578(7795), 425-431.
- Alavi, S. M., Sanjari, S., Durand, F., Brin, C., Manceau, C., & Poussier, S.** (2008). Assessment of the genetic diversity of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans* as a basis to identify putative pathogenicity genes and a type III secretion system of the SPI-1 family by multiple suppression subtractive hybridizations. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(10), 3295-3301.
- Aparicio-Fernandez, X., Yousef, G. G., Loarca-Pina, G., De Mejia, E., & Lila, M. A.** (2005). Characterization of polyphenolics in the seed coat of Black Jamapa bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Agricultural and Food chemistry*, 53(11), 4615-4622.
- Arnold, D. L., Lovell, H. C., Jackson, R. W., & Mansfield, J. W.** (2011). *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola*: from 'has bean'to supermodel. *Molecular Plant Pathology*, 12(7), 617-627.

- Artawinata, P. C., Lorraine, S., & Waturangi, D. E.** (2023). Isolation and characterization of bacteriophages from soil against food spoilage and foodborne pathogenic bacteria. *Scientific reports*, 13(1), 9282.
- Ashelford, K. E., Day, M. J., & Fry, J. C.** (2003). Elevated abundance of bacteriophage infecting bacteria in soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(1), 285-289.
- Aydemir, M.** (2008). Sebze Zararlıları Bölümü. *Sebze Hastalıkları. İç:(ed). Ziraî Mücadele Teknik Talimatları. Başak Matbaacılık Ltd. Şti., Ankara, 3*, 106-110.
- Aydın, S. Ö.** (2004). RAPD (Rastgele Arttırılmış Polimorfik Dna) Belirleyicileri Ve Bitki Sistematiği. *Journal of Science and Technology of Dumlupınar University*(006), 113-130.
- Aydoğan, D. Y., & Hadımlı, H. H.** (2016). Bakteriyofaj tedavisi. *Etlik Veteriner Mikrobiyoloji Dergisi*, 27(1), 38-47.
- Bachman, J.** (2013). Reverse-transcription PCR (rt-PCR). In *Methods in Enzymology* (Vol. 530, pp. 67-74): Elsevier.
- Balogh, B., Jones, J. B., Iriarte, F., & Momol, M.** (2010). Phage therapy for plant disease control. *Current Pharmaceutical Biotechnology*, 11(1), 48-57.
- Baltimore, D.** (1971). Expression of animal virus genomes. *Bacteriological Reviews*, 35(3), 235-241.
- Batista, K. A., Prudêncio, S. H., & Fernandes, K. F.** (2011). Wheat bread enrichment with hard-to-cook bean extruded flours: Nutritional and acceptance evaluation. *Journal of Food Science*, 76(1), S108-S113.
- Beebe, S., Gonzalez, A. V., & Rengifo, J.** (2000). Research on trace minerals in the common bean. *Food and Nutrition Bulletin*, 21(4), 387-391.
- Beebe, S. E., Rao, I. M., Blair, M. W., & Acosta-Gallegos, J. A.** (2013). Phenotyping common beans for adaptation to drought. *Frontiers in Physiology*, 4, 35.
- Bellucci, E., Bitocchi, E., Rau, D., Rodriguez, M., Biagetti, E., Giardini, A., . . . Papa, R.** (2014). Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. *Genomics of Plant Genetic Resources: Volume 1. Managing, sequencing and mining genetic resources*, 483-507.

- Béné, C.** (2020). Resilience of local food systems and links to food security—A review of some important concepts in the context of COVID-19 and other shocks. *Food Security*, 12(4), 805-822.
- Beninger, C. W., & Hosfield, G. L.** (2003). Antioxidant activity of extracts, condensed tannin fractions, and pure flavonoids from *Phaseolus vulgaris* L. seed coat color genotypes. *Journal of Agricultural and Food chemistry*, 51(27), 7879-7883.
- Bhadramurthy, V., & Bhat, A. I.** (2009). Biological and molecular characterization of Bean common mosaic virus associated with vanilla in India. *Indian Journal of Virology*, 20 (2): 70-77.
- Bi, L., Yu, D. T., Du, S., Zhang, L. M., Zhang, L. Y., Wu, C. F., . . . He, J. Z.** (2021). Diversity and potential biogeochemical impacts of viruses in bulk and rhizosphere soils. *Environmental microbiology*, 23(2), 588-599.
- Birişik, N., Bayram, Y., Kılıç, M., Mutlu, Ç., Öğreten, A., Eren, S., . . . Duman, K.** (2015). Teoriden Pratiğe Kültürel Mücadele. *Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü.. 288s, Ankara.*
- Blair, M. W., González, L. F., Kimani, P. M., & Butare, L.** (2010). Genetic diversity, inter-gene pool introgression and nutritional quality of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from Central Africa. *Theoretical and Applied Genetics*, 121, 237-248.
- 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.
- Borrel, G., Colombet, J., Robin, A., Lehours, A.-C., Prangishvili, D., & Sime-Ngando, T.** (2012). Unexpected and novel putative viruses in the sediments of a deep-dark permanently anoxic freshwater habitat. *The ISME journal*, 6(11), 2119-2127.
- Bouis, H. E., & Saltzman, A.** (2017). Improving nutrition through biofortification: a review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. *Global food security*, 12, 49-58.
- Bradbury, J.F.** *Guide to Plant Pathogenic Bacteria*; CAB International Mycological Institute Publishers: London, UK, 1986; p. 332. ISBN 0851985572
- Bravo, L., Siddhuraju, P., & Saura-Calixto, F.** (1998). Effect of various processing methods on the in vitro starch digestibility and resistant starch content of Indian pulses. *Journal of Agricultural and Food chemistry*, 46(11), 4667-4674.

- Broughton, W. J., Hernandez, G., Blair, M., Beebe, S., Gepts, P., & Vanderleyden, J.** (2003). Beans (*Phaseolus* spp.)—model food legumes. *Plant and Soil*, 252, 55-128.
- Burrell, C. J., Howard, C. R., & Murphy, F. A.** (2016). Virion structure and composition. *Fenner and White's Medical Virology*, 27.
- Buruchara, R., Chirwa, R., Sperling, L., Mukankusi, C., Rubyogo, J.-C., Mutohi, R., & Abang, M. M.** (2011). Development and delivery of bean varieties in Africa: the Pan-Africa Bean Research Alliance (PABRA) model. *African Crop Science Journal*, 19(4), 227-245.
- Butt, M. S., & Rizwana Batool, R. B.** (2010). Nutritional and functional properties of some promising legumes protein isolates. *Pakistan Journal of Nutrition*, 9, 373-379.
- Buttimer, C., McAuliffe, O., Ross, R. P., Hill, C., O'Mahony, J., & Coffey, A.** (2017). Bacteriophages and bacterial plant diseases. *Frontiers in Microbiology*, 8, 34.
- Campos-Vega, R., Loarca-Piña, G., & Oomah, B. D.** (2010). Minor components of pulses and their potential impact on human health. *Food research international*, 43(2), 461-482.
- Cantalupo, P. G., & Pipas, J. M.** (2019). Detecting viral sequences in NGS data. *Current Opinion in Virology*, 39, 41-48.
- Carvalho, D. D., Lobo Junior, M., Martins, I., Inglis, P. W., & Mello, S.** (2014). Biological control of *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* by *Trichoderma harzianum* and its use for common bean seed treatment. *Tropical Plant Pathology*, 39, 384-391.
- Chan, J. W., & Goodwin, P. H.** (1999). A physical map of the chromosome of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans* BXP65. *FEMS microbiology letters*, 180(1), 85-90.
- Chatellier, S., Gottschalk, M., Higgins, R., Brousseau, R., & Harel, J.** (1999). Relatedness of *Streptococcus suis* serotype 2 isolates from different geographic origins as evaluated by molecular fingerprinting and phenotyping. *Journal of Clinical Microbiology*, 37(2), 362-366.
- Choi, E.-J., Lee, C.-H., Song, J.-Y., Song, H.-J., Park, C.-K., Kim, B., & Shin, Y.-K.** (2013). Genetic diversity of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Korea. *Journal of Veterinary Science*, 14(2), 115-124.
- Choi, K. H.** (2011). Viral polymerases. *Viral Molecular Machines*, 267-304.
- Chung, W. H., Kakishima, M., Tsukiboshi, T., & Ono, Y.** (2004). Morphological and phylogenetic analyses of *Uromyces appendiculatus* and *U. vignae* on legumes in Japan. *Mycoscience*, 45(4), 233-244.

- Clementi, M., Menzo, S., Bagnarelli, P., Manzin, A., Valenza, A., & Varaldo, P. E.** (1993). Quantitative PCR and RT-PCR in virology. *PCR methods and applications*, 2, 191-191.
- Compton, J.** (1991). Nucleic acid sequence-based amplification. *Nature*, 350(6313), 91-92.
- Condit, R. C.** (2007). Principles of virology. In: Knipe DM, editor. *Fields Virology*. Lippincott Williams & Wilkins; Philadelphia: 2007. pp. 25–57.
- Coyne, D., & Schuster, M.** (1974). Differential reaction of pods and foliage of beans (*Phaseolus vulgaris*) to *Xanthomonas phaseoli*. *Plant Dis. Repr.* 58: 278–282.
- Cuervo Ibáñez, M., Ramírez, J. C., Balcázar, M. D. S., Muñoz, L., Hernández, A. M., González, D., ... & Debouck, D. G.** (2016). Manual de Procedimientos del Laboratorio Sanidad de Germoplasma. Certificación sanitaria del germoplasma de frijol, pastos tropicales y leguminosas forrajeras.
- Czajkowski, R., Ozymko, Z., & Lojkowska, E.** (2014). Isolation and characterization of novel soilborne lytic bacteriophages infecting *Dickeya* spp. biovar 3 ('D. solani'). *Plant Pathology*, 63(4), 758-772.
- de Almeida Costa, G. E., da Silva Queiroz-Monici, K., Reis, S. M. P. M., & de Oliveira, A. C.** (2006). Chemical composition, dietary fibre and resistant starch contents of raw and cooked pea, common bean, chickpea and lentil legumes. *Food Chemistry*, 94(3), 327-330.
- Delgado-Salinas, A., Turley, T., Richman, A., & Lavin, M.** (1999). Phylogenetic analysis of the cultivated and wild species of *Phaseolus* (Fabaceae). *Systematic Botany*, 438-460.
- Dias, R. S., Abe, A. E., Lima, H. S., Silva, L. C. F., de Paula, S. O., & da Silva, C. C.** (2020). Viral concentration methods for diversity studies in soil samples. *Applied Soil Ecology*, 155, 103666.
- Dolja, V. V., & Koonin, E. V.** (2018). Metagenomics reshapes the concepts of RNA virus evolution by revealing extensive horizontal virus transfer. *Virus Research*, 244, 36-52.
- Dona, A. C., Pages, G., Gilbert, R. G., & Kuchel, P. W.** (2010). Digestion of starch: In vivo and in vitro kinetic models used to characterise oligosaccharide or glucose release. *Carbohydrate Polymers*, 80(3), 599-617.
- Emerson, J. B., Roux, S., Brum, J. R., Bolduc, B., Woodcroft, B. J., Jang, H. B., . . . Boyd, J. A.** (2018). Host-linked soil viral ecology along a permafrost thaw gradient. *Nature Microbiology*, 3(8), 870-880.

- Ertay, Y., & Gezmen-Karadağ, M.** (2013). Sağlıklı beslenmede Türk mutfak kültürünün yeri. *Gümüshane Üniversitesi Sağlık Bilimleri Dergisi*, 2(1), 117-136.
- Evans, C., Brandsma, J., Meredith, M. P., Thomas, D. N., Venables, H. J., Pond, D. W., & Brussaard, C. P.** (2021). Shift from carbon flow through the microbial loop to the viral shunt in coastal Antarctic waters during austral summer. *Microorganisms*, 9(2), 460.
- Fakruddin, M., Mazumdar, R. M., Chowdhury, A., & Mannan, K. B.** (2012). Nucleic acid sequence based amplification (NASBA)-prospects and applications. *Int J Life Sci Pharma Res*, 2(1), 106-121.
- FAO, V.** (2023). FAOSTAT: Crops and livestock products. *Food and Agriculture Organization of the United Nations [Internet]*.
- Fauquet, C. M., Mayo, M. A., Maniloff, J., Desselberger, U., & Ball, L. A.** (2005). *Virus taxonomy: VIIIth report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*: Academic Press.
- Fierer, N., & Jackson, R. B.** (2006). The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(3), 626-631.
- Fischer, M. G.** (2016). Giant viruses come of age. *Current Opinion In Microbiology*, 31, 50-57.
- Fravel, D. R.** (2005). Commercialization and implementation of biocontrol. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 43(1), 337-359.
- Gedük, A., Baştaş, K. K., Kordali, Ş., & Yılmaz, F.** (2020). Effects of different boron compounds to bean common bacterial blight disease. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 8, 226-233.
- Gelderblom, H. R.** (1996). Structure and classification of viruses. *Medical Microbiology. 4th edition*.
- Ghanbari Hamedani, S., Asri, Y., & Mehregan, I.** (2020). Genetic diversity and population structure of Iranian *Ephedra major*. *Rostaniha*, 21(2), 231-247.
- Gibson, U. E., Heid, C. A., & Williams, P. M.** (1996). A novel method for real time quantitative RT-PCR. *Genome Research*, 6(10), 995-1001.

- Gilbertson, R., & Maxwell, D.** (1992). Common bacterial blight of bean. In: H.S. Chaube, U.S. Singh & A.N. Mukhopadhyay (Eds.) *Plant Diseases of International Importance. Volume II. Diseases of vegetables and oil seed crops*. NJ, USA: Prentice Hall Inc., pp. 18–39.
- Gitonga, D.** (2020). *Diversity of plant-parasitic nematodes associated with coffee and soybean in Kenya with description of known and putative new species*. M.Sc. Thesis, Ghent University, Ghent, Belgium.
- Goldsmith, C. S., & Miller, S. E.** (2009). Modern uses of electron microscopy for detection of viruses. *Clinical Microbiology Reviews*, 22(4), 552-563.
- Gonzalez-Martin, C., Teigell-Perez, N., Lyles, M., Valladares, B., & Griffin, D. W.** (2013). Epifluorescent direct counts of bacteria and viruses from topsoil of various desert dust storm regions. *Research in Microbiology*, 164(1), 17-21.
- Gootenberg, J. S., Abudayyeh, O. O., Lee, J. W., Essletzbichler, P., Dy, A. J., Joung, J., . . . Freije, C. A.** (2017). Nucleic acid detection with CRISPR-Cas13a/C2c2. *Science*, 356(6336), 438-442.
- Graham, E. B., Camargo, A. P., Wu, R., Neches, R. Y., Nolan, M., Paez-Espino, D., . . . Hofmockel, K. S.** (2024). A global atlas of soil viruses reveals unexplored biodiversity and potential biogeochemical impacts. *Nature Microbiology*, 9(7), 1873-1883.
- Greninger, A. L., Naccache, S. N., Federman, S., Yu, G., Mbala, P., Bres, V., . . . Linnen, J. M.** (2015). Rapid metagenomic identification of viral pathogens in clinical samples by real-time nanopore sequencing analysis. *Genome Medicine*, 7, 1-13.
- Griffin, D. W.** (2007). Atmospheric movement of microorganisms in clouds of desert dust and implications for human health. *Clinical microbiology reviews*, 20(3), 459-477.
- Gupta, A., & Kumar, R.** (2020). Management of seed-borne diseases: an integrated approach. *Seed-borne Diseases Of Agricultural Crops: Detection, Diagnosis & Management*, 717-745.
- Gupta, S. P.** (2018). *Studies on hepatitis viruses: life cycle, structure, functions, and inhibition*: Academic Press.
- Gutiérrez, D., Martín-Platero, A. M., Rodríguez, A., Martínez-Bueno, M., García, P., & Martínez, B.** (2011). Typing of bacteriophages by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD)-PCR to assess genetic diversity. *FEMS Microbiology Letters*, 322(1), 90-97.

- Hall, T. C., Chandrasekharan, M. B., & Li, G.** (1999). Phaseolin: its past, properties, regulation and future. *Seed Proteins*, 209-240.
- Han, L.-L., Yu, D.-T., Bi, L., Du, S., Silveira, C., Cobián Güemes, A. G., . . . Rohwer, F.** (2022). Distribution of soil viruses across China and their potential role in phosphorous metabolism. *Environmental Microbiome*, 17(1), 6.
- Hansen MC, Tolker-Nielsen T, Givskov M & Molin S** (1998) Biased 16S rDNA PCR amplification caused by interference from DNA flanking the template region. *FEMS Microbiol Ecol* 26: 141–149.
- Harman, G. E., Howell, C. R., Viterbo, A., Chet, I., & Lorito, M.** (2004). Trichoderma species—opportunistic, avirulent plant symbionts. *Nature Reviews Microbiology*, 2(1), 43-56.
- Hayat, I., Ahmad, A., Masud, T., Ahmed, A., & Bashir, S.** (2014). Nutritional and health perspectives of beans (*Phaseolus vulgaris* L.): an overview. *Critical reviews in food science and nutrition*, 54(5), 580-592.
- Health, E. P. o. P.** (2014). Scientific Opinion on the pest categorisation of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* and *Xanthomonas fuscans* subsp. *fuscans*. *EFSA Journal*, 12(10), 3856.
- Heid, C. A., Stevens, J., Livak, K. J., & Williams, P. M.** (1996). Real time quantitative PCR. *Genome Research*, 6(10), 986-994.
- Helsley, K. R., Brown, T. M., Furlong, K., & Williamson, K. E.** (2014). Applications and limitations of tea extract as a virucidal agent to assess the role of phage predation in soils. *Biology and Fertility Of Soils*, 50, 263-274.
- Helton, R. R., & Wommack, K. E.** (2009). Seasonal dynamics and metagenomic characterization of estuarine viriobenthos assemblages by randomly amplified polymorphic DNA PCR. *Applied and environmental microbiology*, 75(8), 2259-2265.
- Hoover, R., Hughes, T., Chung, H., & Liu, Q.** (2010). Composition, molecular structure, properties, and modification of pulse starches: A review. *Food Research International*, 43(2), 399-413.
- Hoover, R., & Ratnayake, W.** (2002). Starch characteristics of black bean, chick pea, lentil, navy bean and pinto bean cultivars grown in Canada. *Food Chemistry*, 78(4), 489-498.

- Huard, R. C., de Oliveira Lazzarini, L. C., Butler, W. R., van Soolingen, D., & Ho, J. L.** (2003). PCR-based method to differentiate the subspecies of the *Mycobacterium tuberculosis* complex on the basis of genomic deletions. *Journal of clinical microbiology*, 41(4), 1637-1650.
- Hughes, S. S.** (1979). The virus: A history of the concept. *Journal of the History of Biology*, 12(1).
- Hurst, C. J., Gerba, C. P., & Cech, I.** (1980). Effects of environmental variables and soil characteristics on virus survival in soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 40(6), 1067-1079.
- İ.Ü.** (2014). *Veteriner Fakültesi Viroloji Ders Notları*. İstanbul Üniversitesi.
- Iqbal, A., Khalil, I. A., Ateeq, N., & Khan, M. S.** (2006). Nutritional quality of important food legumes. *Food Chemistry*, 97(2), 331-335.
- Jansson, J. K., & Hofmockel, K. S.** (2020). Soil microbiomes and climate change. *Nature Reviews Microbiology*, 18(1), 35-46.
- Jha, U. C., Nayyar, H., Chattopadhyay, A., Beena, R., Lone, A. A., Naik, Y. D., ... & Siddique, K. H.** (2023). Major viral diseases in grain legumes: designing disease resistant legumes from plant breeding and OMICS integration. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1183505.
- Jones, J. B., Vallad, G. E., Iriarte, F. B., Obradović, A., Wernsing, M. H., Jackson, L. E., . . . Momol, M. T.** (2012). Considerations for using bacteriophages for plant disease control. *Bacteriophage*, 2(4), e23857.
- Kabil, E., & Onat, A.** (2020). Virüslerin özellikleri ve pandemi süreçlerinde (Covid-19) iklimlendirme sistem parametrelerinin değerlendirilmesi. *Termodinamik*, 29, 340.
- 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
- Katungi, E. M., Mutua, M. M., Mutari, B., Makotore, W., Kalemera, S. M., Maereka, E. K., Zulu, R.M., Birachi, E.A., Chirwa, R.** (2017). Improving bean production and consumption in Zimbabwe: baseline report. <https://core.ac.uk/reader/132691630>. Erişim tarihi: 02 Haziran 2025.
- Kimura, K., & Yokoyama, S.** (2019). Trends in the application of Bacillus in fermented foods. *Current Opinion in Biotechnology*, 56, 36-42.

- Koonin, E. V., & Krupovic, M.** (2018). The depths of virus exaptation. *Current Opinion in Virology*, 31, 1-8.
- Kotwal, G., & Cannon, J. L.** (2014). Environmental persistence and transfer of enteric viruses. *Current Opinion in Virology*, 4, 37-43.
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K.** (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870-1874.
- Lamichhane, J. R., Dachbrodt-Saaydeh, S., Kudsk, P., & Messéan, A.** (2016). Toward a reduced reliance on conventional pesticides in European agriculture. *Plant Disease*, 100(1), 10-24.
- Larsen, J., Larsen, A., Bratbak, G., & Sandaa, R.-A.** (2008). Phylogenetic analysis of members of the Phycodnaviridae virus family, using amplified fragments of the major capsid protein gene. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(10), 3048-3057.
- Larsen, R. C., Miklas, P. N., Druffel, K. L., & Wyatt, S. D.** (2005). NL-3 K strain is a stable and naturally occurring interspecific recombinant derived from *Bean common mosaic necrosis virus* and *Bean common mosaic virus*. *Phytopathology*, 95(9), 1037-1042.
- LaTourrette, K., & Garcia-Ruiz, H.** (2022). Determinants of virus variation, evolution, and host adaptation. *Pathogens*, 11(9), 1039.
- Lau, L.-T., Banks, J., Aherne, R., Brown, I. H., Dillon, N., Collins, R. A., . . . Yu, A. C.** (2004). Nucleic acid sequence-based amplification methods to detect avian influenza virus. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 313(2), 336-342.
- Legendre, M., Lartigue, A., Bertaux, L., Jeudy, S., Bartoli, J., Lescot, M., . . . Labadie, K.** (2015). In-depth study of *Mollivirus sibericum*, a new 30,000-y-old giant virus infecting *Acanthamoeba*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(38), E5327-E5335.
- Lelliott, R. A., & Stead, D. E.** (1987). *Methods for the diagnosis of bacterial diseases of plants*.
- Lewis, G. P., Schrire, B., Mackinder, B., & Lock, M.** (2005). *Legumes of the World* (Vol. 577): Royal Botanic Gardens Kew.
- Liang, X., Wagner, R. E., Zhuang, J., DeBruyn, J. M., Wilhelm, S. W., Liu, F., . . . Radosevich, M.** (2019). Viral abundance and diversity vary with depth in a southeastern United States agricultural ultisol. *Soil Biology and Biochemistry*, 137, 107546.

- Lin, H.-X., Rubio, L., Smythe, A. B., & Falk, B. W.** (2004). Molecular Population Genetics of *Cucumber Mosaic Virus* in California: Evidence for Founder Effects and Reassortment. *Journal of Virology*, 78(12), 6666-6675.
- Lisciani, S., Marconi, S., Le Donne, C., Camilli, E., Aguzzi, A., Gabrielli, P., . . . Vorster, B. J.** (2024). Legumes and common beans in sustainable diets: nutritional quality, environmental benefits, spread and use in food preparations. *Frontiers in Nutrition*, 11, 1385232.
- Luo, L., Zhao, C., Wang, E., Raza, A., & Yin, C.** (2022). *Bacillus amyloliquefaciens* as an excellent agent for biofertilizer and biocontrol in agriculture: An overview for its mechanisms. *Microbiological Research*, 259, 127016.
- Mackay, I. M., Arden, K. E., & Nitsche, A.** (2002). Real-time PCR in virology. *Nucleic Acids Research*, 30(6), 1292-1305.
- Maclachlan, N. J., & Dubovi, E. J.** (2010). *Fenner's veterinary virology*: Academic press.
- MacLachlan, N. J., & Dubovi, E. J.** (2017). *Fenners Veterinary Virology* (pp. 269-297). In: Cambridge, USA: Academic Press Elsevier.
- Madakbaş, S. Y., & Ellialtıođlu, Ő.** (2012). Fasulye antraknozu (*Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Lambs. Scrib.) hastalıđına dayanıklılıđın kalıtımı üzerine arařtırmalar. *Biyoloji Bilimleri Arařtırma Dergisi*, 5(1), 99-109.
- Maereka, E. K., Nchanji, E. B., Nyamolo, V., Cosmas, L. K., & Chataika, B. Y.** (2023). Women's visibility and bargaining power in the common bean value chain in Mozambique. *CABI Agriculture and Bioscience*, 4(1), 56.
- Malathi, V., & Renuka Devi, P.** (2019). ssDNA viruses: key players in global virome. *Virus Disease*, 30, 3-12.
- Marinelli, A., March, G. J., Rago, A., & Giuggia, J.** (1998). Assessment of crop loss in peanut caused by *Sclerotinia sclerotiorum*, *S. minor*, and *Sclerotium rolfsii* in Argentina. *International Journal of Pest Management*, 44(4), 251-254.
- McManus, P. S., Stockwell, V. O., Sundin, G. W., & Jones, A. L.** (2002). Antibiotic use in plant agriculture. *Annual Review of Phytopathology*, 40(2002), 443-465.

- Melgarejo, T., Lehtonen, M. T., Fribourg, C., Rännäli, M., & Valkonen, J. P.** (2007). Strains of BCMV and BCMNV characterized from lima bean plants affected by deforming mosaic disease in Peru. *Archives of Virology*, *152*, 1941-1949.
- Mevlüt, G., & Parlak, H.** (2017). Input usage and problems in green bean production: a case of Burdur province, Turkey. *AgroLife Scientific Journal*, *6*(1).
- Modrow, S., Falke, D., Truyen, U., & Schätzl, H.** (2013). Viruses: definition, structure, classification. *Molecular Virology*, *17*.
- Mongi, R., Tongoona, P., Shimelis, H., & Sibiya, J.** (2016). Appraisal of common bean farming systems under angular leaf spot disease prone environments of the Southern Highlands of Tanzania. *Indian Journal of Agricultural Research*, *50*(5), 428-433.
- Murphy, F. A., Gibbs, E. P. J., Horzinek, M. C., & Studdert, M. J.** (1999). *Veterinary virology*: Elsevier.
- Mutlu, N., Miklas, P., Reiser, J., & Coyne, D.** (2005). Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Breeding*, *124*(3), 282-287.
- Neri, U., Wolf, Y. I., Roux, S., Camargo, A. P., Lee, B., Kazlauskas, D., . . . Paez-Espino, D.** (2022). A five-fold expansion of the global RNA virome reveals multiple new clades of RNA bacteriophages. *BioRxiv*, 2022.2002. 2015.480533.
- Nie, X., & Singh, R.** (2001). A novel usage of random primers for multiplex RT-PCR detection of virus and viroid in aphids, leaves, and tubers. *Journal of Virological Methods*, *91*(1), 37-49.
- O'Brien, H. E., Thakur, S., & Guttman, D. S.** (2011). Evolution of plant pathogenesis in *Pseudomonas syringae*: a genomics perspective. *Annual Review of Phytopathology*, *49*(1), 269-289.
- O'connell, R. J., Bailey, J. A., & Richmond, D. V.** (1985). Cytology and physiology of infection of *Phaseolus vulgaris* by *Colletotrichum lindemuthianum*. *Physiological Plant Pathology*, *27*(1), 75-98.
- Oerke, E.-C.** (2006). Crop losses to pests. *The Journal of agricultural science*, *144*(1), 31-43.
- Oh, H., Seo, D. J., Jeon, S. B., Park, H., Jeong, S., Chun, H. S., . . . Choi, C.** (2017). Isolation and characterization of *Bacillus cereus* bacteriophages from foods and soil. *Food and Environmental Virology*, *9*, 260-269.

- Olendraite, I., Brown, K., & Firth, A. E.** (2023). Identification of RNA virus–derived RdRp sequences in publicly available transcriptomic data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 40(4), msad060.
- Osorio, E., Flores, M., Hernández, D., Ventura, J., Rodríguez, R., & Aguilar, C. N.** (2010). Biological efficiency of polyphenolic extracts from pecan nuts shell (*Carya Illinoensis*), pomegranate husk (*Punica granatum*) and creosote bush leaves (*Larrea tridentata* Cov.) against plant pathogenic fungi. *Industrial crops and products*, 31(1), 153-157.
- Paez-Espino, D., Eloe-Fadrosh, E. A., Pavlopoulos, G. A., Thomas, A. D., Huntemann, M., Mikhailova, N., . . . Kyrpides, N. C.** (2016). Uncovering Earth’s virome. *Nature*, 536(7617), 425-430.
- Palacioğlu, G., Tombul, S., Bayraktar, H., & Özer, G.** (2021). Ülkemizde yetiştirilen önemli fasulye çeşitlerinin pas (*Uromyces appendiculatus*) ve adi yaprak yanıklığı (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) hastalıklarına karşı dayanıklılık kaynakları açısından değerlendirilmesi. *Uluslararası Tarım ve Yaban Hayatı Bilimleri Dergisi*, 7(2), 222-230.
- Parreira, R.** (2018). Laboratory methods in molecular epidemiology: viral infections. *Microbiology Spectrum*, 6(6), 10.1128/microbiolspec. ame-0003-2018.
- Peoples, M. B., Herridge, D. F., & Ladha, J. K.** (1995). *Biological nitrogen fixation: an efficient source of nitrogen for sustainable agricultural production?* Paper presented at the Management of Biological Nitrogen Fixation for the Development of More Productive and Sustainable Agricultural Systems: Extended versions of papers presented at the Symposium on Biological Nitrogen Fixation for Sustainable Agriculture at the 15th Congress of Soil Science, Acapulco, Mexico, 1994.
- Petry, N., Boy, E., Wirth, J. P., & Hurrell, R. F.** (2015). The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification. *Nutrients*, 7(2), 1144-1173.
- Pinheiro, L. A., Pereira, C., Frazão, C., Balcão, V. M., & Almeida, A.** (2019). Efficiency of phage  $\phi 6$  for biocontrol of *Pseudomonas syringae* pv. *syringae*: an in vitro preliminary study. *Microorganisms*, 7(9), 286.
- Poyraz, İ. E., Sözen, E., Ataşlar, E., & Poyraz, İ.** (2012). Determination of genetic relationships among *Velezia* L. Caryophyllaceae) species using RAPD markers. *Turkish Journal of Biology*, 36(3), 293-302.

- Raoult, D., Audic, S., Robert, C., Abergel, C., Renesto, P., Ogata, H., . . . Claverie, J.-M.** (2004). The 1.2-megabase genome sequence of Mimivirus. *science*, *306*(5700), 1344-1350.
- Rapsomanikis, G.** (2015). The economic lives of smallholder farmers: An analysis based on household data from nine countries. Food and Agriculture Organization of the United Nations
- Rawal, J. S., Gurung, L., Puspa, R., Joshi, G. R., & Awasthi, R.** (2024). BIOFORTIFICATION: ENHANCING NUTRITIONAL VALUE IN CROPS. *Tropical Agroecosystems (TAEC)* *5*.
- Reynoso-Camacho, R., Ramos-Gomez, M., & Loarca-Pina, G.** (2006). 10 Bioactive components in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). In: Research Signpost Trivandrum, India.
- Reysenbach AL & Pace NR** (1995) Reliable amplification of hyperthermophilic archaeal 16S rRNA genes by the polymerase chain reaction. *Archaea: A Laboratory Manual - Thermophiles* (Robb FT & Place AR, eds), pp. 101–107. Cold Spring Harbour Laboratory Press, New York.
- Rodríguez, R., Jimenez, A., Fernández-Bolaños, J., Guillén, R., & Heredia, A.** (2006). Dietary fibre from vegetable products as source of functional ingredients. *Trends in Food Science & Technology*, *17*(1), 3-15.
- Roubík, H., Lošťák, M., Ketuama, C. T., Procházka, P., Soukupová, J., Hák, J., . . . Hejman, M.** (2022). Current coronavirus crisis and past pandemics-What can happen in post-COVID-19 agriculture? *Sustainable Production and Consumption*, *30*, 752-760.
- Rubio, L., Galipienso, L., & Ferriol, I.** (2020). Detection of plant viruses and disease management: Relevance of genetic diversity and evolution. *Frontiers in Plant Science*, *11*, 1092.
- Saettler, A.** (1989). Common bacterial blight. *Bean Production Problems in the Tropics*, *2*, 261-283.
- Salunkhe, D. K., & Kadam, S.** (1998). *Handbook of vegetable science and technology: production, compostion, storage, and processing*: CRC press.
- Santos-Medellin, C., Zinke, L. A., Ter Horst, A. M., Gelardi, D. L., Parikh, S. J., & Emerson, J. B.** (2021). Viromes outperform total metagenomes in revealing the spatiotemporal patterns of agricultural soil viral communities. *The ISME Journal*, *15*(7), 1956-1970.

- Saraçoğlu, K., & Erkan, S.** (2016). Fasulye tohumlarındaki viral etmenlerin saptanmasında tanı yöntemlerinin duyarlılıklarının incelenmesi. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 53(3), 309-315.
- Schmutz, J., McClean, P. E., Mamidi, S., Wu, G. A., Cannon, S. B., Grimwood, J., . . . Chavarro, C.** (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, 46(7), 707-713.
- Schwartz, H. F., & Corrales, M. A. P.** (1989). *Bean production problems in the tropics*: CIAT.
- Schwartz, H. F., Otto, K. L., & Gent, D. H.** (2003). Relation of temperature and rainfall to development of *Xanthomonas* and *Pantoea* leaf blights of onion in Colorado. *Plant Disease*, 87(1), 11-14.
- Segobola, J., Adriaenssens, E., Tsekoa, T., Rashamuse, K., & Cowan, D.** (2018). Exploring viral diversity in a unique South African soil habitat. *Scientific Reports*, 8(1), 111.
- Sharma, A., Angulo-Bejarano, P. I., Fierros-Romero, G., Flores, R. d. C. V., Gomez-García, K. R., & Collin, G. R.** (2018). Struvite production by *Pseudomonas syringae* pv *phaseolicola*. *The Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, 8(2), 812.
- Sharma, S., Datta, S., Chatterjee, S., Dutta, M., Samanta, J., Vairale, M. G., . . . Dwivedi, S. K.** (2021). Isolation and characterization of a lytic bacteriophage against *Pseudomonas aeruginosa*. *Scientific Reports*, 11(1), 19393.
- Siddiq, M., Butt, M. S., & Sultan, M. T.** (2011). Dry beans: Production, processing, and nutrition. *Handbook of Vegetables and Vegetable Processing*, 545-564.
- Simmonds, P., & Aiewsakun, P.** (2018). Virus classification—where do you draw the line? *Archives of Virology*, 163, 2037-2046.
- Sinclair, R. M., Ravantti, J. J., & Bamford, D. H.** (2017). Nucleic and amino acid sequences support structure-based viral classification. *Journal of Virology*, 91(8), 10.1128/jvi. 02275-02216.
- Singh, S. P.** (2013). *Common bean improvement in the twenty-first century* (Vol. 7): Springer Science & Business Media.
- Singh, G., Dukariya, G., & Kumar, A.** (2020). Distribution, importance and diseases of soybean and common bean: A review. *Biotechnology Journal International*, 24(6), 86-98.

- Srinivasiah, S., Lovett, J., Polson, S., Bhavsar, J., Ghosh, D., Roy, K., . . . Wommack, K. E.** (2013). Direct assessment of viral diversity in soils by random PCR amplification of polymorphic DNA. *Applied and Environmental Microbiology*, 79(18), 5450-5457.
- Starr, E. P., Nuccio, E. E., Pett-Ridge, J., Banfield, J. F., & Firestone, M. K.** (2019). Metatranscriptomic reconstruction reveals RNA viruses with the potential to shape carbon cycling in soil. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(51), 25900-25908.
- Sultana, R., Islam, S., Islam, A., & Sikdar, B.** (2018). Identification of pathogen causing common bacterial blight (CBB) of bean through the biochemical and molecular pathway and their management system. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 6, 752-757.
- Sun, S., Slightom, J., & Hall, T.** (1981). Intervening sequences in a plant gene—comparison of the partial sequence of cDNA and genomic DNA of French bean phaseolin. *Nature*, 289(5793), 37-41.
- Sun, S., Zhi, Y., Zhu, Z., Jin, J., Duan, C., Wu, X., & Xiaoming, W.** (2017). An emerging disease caused by *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* threatens mung bean production in China. *Plant Disease*, 101(1), 95-102.
- Sundin, G. W., & Wang, N.** (2018). Antibiotic resistance in plant-pathogenic bacteria. *Annual Review of Phytopathology*, 56(1), 161-180.
- Svircev, A., Roach, D., & Castle, A.** (2018). Framing the future with bacteriophages in agriculture. *Viruses*, 10(5), 218.
- Tanaka, T., Kuroda, K., Kobayashi, M., & Sato, K.** (2001). Detection and typing of TT virus DNA genotype by the PCR-RFLP method. *Molecular and Cellular Probes*, 15(4), 195-200.
- Burucu, D.** (2024). Kuru baklagil ürün raporu 2024. *Tarımsal Ekonomi ve Politika Geliştirme Enstitüsü (Tepge)*, Yayın No: 405 ISBN: 978-625-97549-9-4.
- ter Horst, A. M., Fudyma, J. D., Bak, A., Hwang, M. S., Santos-Medellín, C., Stevens, K. A., . . . Emerson, J. B.** (2023). RNA viral communities are structured by host plant phylogeny in oak and conifer leaves. *Phytobiomes Journal*, 7(2), 288-296.
- Tong, D., Wang, Y., Yu, H., Shen, H., Dahlgren, R. A., & Xu, J.** (2023). Viral lysing can alleviate microbial nutrient limitations and accumulate recalcitrant dissolved organic matter components in soil. *The ISME Journal*, 17(8), 1247-1256.

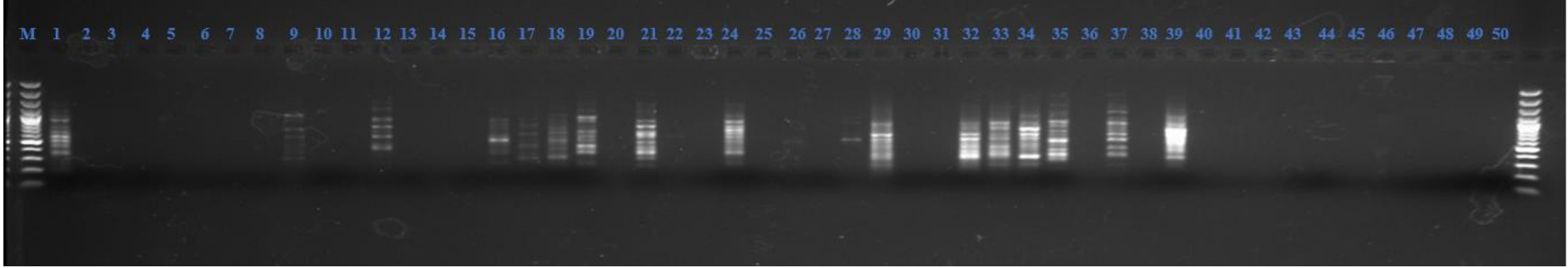
- Trubl, G., Jang, H. B., Roux, S., Emerson, J. B., Solonenko, N., Vik, D. R., . . . Bolduc, B.** (2018). Soil viruses are underexplored players in ecosystem carbon processing. *MSystems*, 3(5), 10.1128/msystems.00076-00018.
- TÜİK.** (2024). İstatistik Veri Portalı. <https://data.tuik.gov.tr/Kategori/GetKategori?p=tarim-111>
- Uebersax, M. A., Cichy, K. A., Gomez, F. E., Porch, T. G., Heitholt, J., Osorno, J. M., . . . Bales, S.** (2023). Dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) as a vital component of sustainable agriculture and food security—A review. *Legume Science*, 5(1), e155.
- Uzunoğulları, N., & Gümüş, M.** (2017). Virüs taksonomisinin tarihsel gelişimi ve son durumu. *Bahçe*, 46(2), 51-57.
- Venkataraman, S., Prasad, B. V., & Selvarajan, R.** (2018). RNA dependent RNA polymerases: insights from structure, function and evolution. *Viruses*, 10(2), 76.
- Verna, F., Giorda, F., Miceli, I., Rizzo, G., Pautasso, A., Romano, A., . . . Grattarola, C.** (2017). Detection of morbillivirus infection by RT-PCR RFLP analysis in cetaceans and carnivores. *Journal of Virological Methods*, 247, 22-27.
- Verreault, D.** (2010). *Aerovirology and the detection of airborne viruses* (Doctoral dissertation, Université Laval).
- Vural, C., & Soylu, S.** (2012). Prevalence and incidence of fungal disease agents affecting bean (*Phaseolus vulgaris* L.) plants. *Research on Crops*, 13(2), 634-640.
- Wang, D., Urisman, A., Liu, Y.-T., Springer, M., Ksiazek, T. G., Erdman, D. D., . . . Eldred, J.** (2003). Viral discovery and sequence recovery using DNA microarrays. *PLoS Biology*, 1(2), e2.
- Watzinger, F., Ebner, K., & Lion, T.** (2006). Detection and monitoring of virus infections by real-time PCR. *Molecular Aspects of Medicine*, 27(2-3), 254-298.
- Welch, R. M., House, W. A., Beebe, S., & Cheng, Z.** (2000). Genetic selection for enhanced bioavailable levels of iron in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. *Journal of Agricultural and Food chemistry*, 48(8), 3576-3580.
- Wigginton, K. R., & Boehm, A. B.** (2020). Environmental engineers and scientists have important roles to play in stemming outbreaks and pandemics caused by enveloped viruses. In: ACS Publications.

- Williamson, K. E., Fuhrmann, J. J., Wommack, K. E., & Radosevich, M.** (2017). Viruses in soil ecosystems: an unknown quantity within an unexplored territory. *Annual Review of Virology*, 4(1), 201-219.
- Williamson, K. E., Radosevich, M., & Wommack, K. E.** (2005). Abundance and diversity of viruses in six Delaware soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(6), 3119-3125.
- Winget, D. M., & Wommack, K. E.** (2008). Randomly amplified polymorphic DNA PCR as a tool for assessment of marine viral richness. *Applied and Environmental Microbiology*, 74(9), 2612-2618.
- Wojciechowski, M. F.** (2003). Reconstructing the phylogeny of legumes (Leguminosae): an early 21st century perspective. *Advances in Legume Systematics, part, 10*, 5-35.
- Wolf, Y. I., Silas, S., Wang, Y., Wu, S., Bocek, M., Kazlauskas, D., . . . Koonin, E. V.** (2020). Doubling of the known set of RNA viruses by metagenomic analysis of an aquatic virome. *Nature Microbiology*, 5(10), 1262-1270.
- Wortmann, C. S.** (1998). *Atlas of common bean (Phaseolus vulgaris L.) production in Africa*: CIAT.
- Wu, R., Davison, M. R., Gao, Y., Nicora, C. D., Mcdermott, J. E., Burnum-Johnson, K. E., . . . Jansson, J. K.** (2021). Moisture modulates soil reservoirs of active DNA and RNA viruses. *Communications Biology*, 4(1), 992.
- Xu, L., & Hampton, R.** (1996). Molecular detection of Bean common mosaic and Bean common mosaic necrosis potyviruses and pathogroups. *Archives of Virology*, 141, 1961-1977.
- Yıldız, F., & Çoşkun, B. Ç.** (2017). Biological control of white mold disease (*Sclerotinia sclerotiorum*) on lettuce by using fungal antagonists.
- Yunus, M. F., AZIZ, M. A., Kadir, M. A., Daud, S. K., & Rashid, A. A.** (2013). In vitro mutagenesis of *Etilingera elatior* (Jack) and early detection of mutation using RAPD markers. *Turkish Journal of Biology*, 37(6), 716-725.
- Zahran, H. H.** (1999). Rhizobium-legume symbiosis and nitrogen fixation under severe conditions and in an arid climate. *Microbiology and molecular biology reviews*, 63(4), 968-989.
- Zhang, G., Ao, Z., & Hamaker, B. R.** (2006). Slow digestion property of native cereal starches. *Biomacromolecules*, 7(11), 3252-3258.

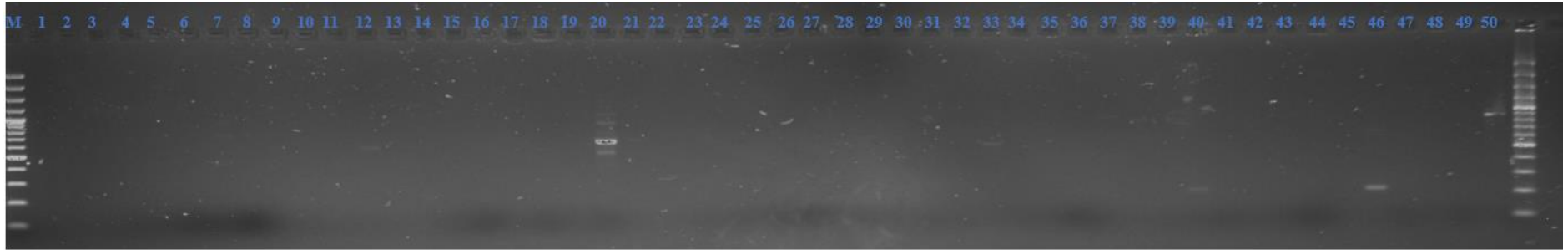
**Zinke, M., Schröder, G. F., & Lange, A.** (2022). Major tail proteins of bacteriophages of the order Caudovirales. *Journal of Biological Chemistry*, 298(1).

# **EKLER**

## EK-1



**Şekil 1.1.** DNA tabanlı viral çeşitlilik için CRA-23 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü. M: 100bp Plus DNA Ladder marker, 1-50: örnek numaraları



**Şekil 1.2.** DNA tabanlı viral çeşitlilik için OPA-9 primeri ile yapılmış olan PZR ürünlerinin jel görüntüsü. M: 100bp Plus DNA Ladder marker, 1-50: örnek numaraları