



T.C.

SELÇUK ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

KIRGIZİSTAN YEREL KAVUN GEN KAYNAKLARININ DERLENMESİ, TANIMLANMASI ve ANADOLU KAVUN GEN KAYNAKLARI İLE GENETİK İLİŞKİLERİNİN BELİRLENMESİ

Hasan CAN

DOKTORA TEZİ

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalını

Ağustos-2020
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

ÖZET

DOKTORA TEZİ

KIRGIZİSTAN YEREL KAVUN GEN KAYNAKLARININ DERLENMESİ, TANIMLANMASI ve ANADOLU KAVUN GEN KAYNAKLARI ile GENETİK İLİŞKİLERİNİN BELİRLENMESİ

Hasan CAN

Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Önder TÜRKMEN

2020, 112 Sayfa

Jüri
Prof. Dr. Önder TÜRKMEN
Prof. Dr. Ertan Sait KURTAR
Prof. Dr. Atilla DURSUN
Prof. Dr. Ali SABIR
Dr. Öğr. Üyesi Ali Tevfik UNCU

Genetik kaynakların toplanması, tanımlanması ve korunması günümüzde ulusal ve uluslararası alanda önemi giderek artan konuların başında gelmektedir. Yeni çeşit ıslahı değişen üretici ve tüketici talepleri doğruldusunda günden güne değişmektedir. Gen kaynaklarımızın önemi tarmsal konjektürde bu yeni çeşitlerin geliştirilebilmesi için gerekli gen/gen kombinasyonlarına sahip olmasından ileri gelmektedir. Gen kaynaklarının mevcut potansiyellerinin ortaya konabilmesi için moleküler ve morfolojik durumunun tam olarak bilinmesi gerekmektedir. Bu tez çalışmasında öncelikli olarak Kırgızistanda yer alan kavun genetik kaynakları çeşitli bölgeler gezilerek, çifçilerle iletişime geçilerek toplanmıştır. 35 Kırgızistan, 14 Tükiye, 4 Rusya ve 2 adet Çin genotip/çeşit tez çalışmasında moleküler morfolojik açıdan karakterize edilmişti. Morfolojik karakterizasyonlarda Uluslararası Bitki Genetik Kaynakları Enstitüsü standartlarına göre ve moleküler karakterizasyonlar 18 adet SSR moleküler markörü ile gerçekleştirilmiştir. Morfolojik karakterizasyonlar iki ülke genotiplerinin ayrı yerde kümelenmesi ile sonuçlanmıştır. Kullanılan SSR moleküler markörlerinde etkili alel sayısının ortalaması 1,757, beklenen heterozigotluk değerinin ortalamasının 0,724, Shanno çeşitlilik indeksinin ortalamasının 0,614 ve polimorfik bilgi içeriği değerinin ortalamasının 0,790 olduğu belirlenmiştir. SSR verilerinden elde edilen dendrogramda genotipler arasındaki ilişkinin simple matching benzerlik indeksine göre 0,247-0,743 olduğu belilenmiştir. Bu verilere yapılan Srtucture analizi sonucunda genotipler iki popülasyona ayrılmış ve bu analiz AMOVA analizi ile de doğrulanmıştır. Moleküler analizler sonucunda Oş, Çüy ve Van kökenli genotipler bir yerde kümelenirken, Manas, Kırgız, Rus, Çin ve Kav kodlu Türkiye genotipler diğer bir kümeyi oluşturmuştur. Çalışma sonucunda Kırgızistan kavun gen kaynakları toplanmış ve her iki üniversitenin Ziraat fakültelerinde koruma altına alınmıştır. Türkiye'ye getirilen bu kavun genetik materyallerinin çeşitli çalışmalarda kullanılma olasılığını ortaya çıkmıştır.

Anahtar Kelimeler: Kavun, SSR, Kırgızistan, Genetik Çeşitlilik, Morfolojik Karakterizasyon, moleküler karakterizasyon, Islah

ABSTRACT

Ph.D THESIS

COLLECTION, IDENTIFICATION of LOCAL KYRGYZSTAN MELON GENOTYPES and DETERMINATION of GENETIC RELATIONSHIP BETWEEN ANATOLIAN MELON GENETIC RESOURCES

Hasan CAN

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY
THE DEGREE OF DOCTOR OF PHILOSOPHY
IN HORTICULTURE

Advisor: Prof. Dr. Önder TÜRKMEN

2020,112 Pages

Jury
Prof. Dr. Önder TÜRKMEN
Prof. Dr. Ertan Sait KURTAR
Prof. Dr. Atilla DURSUN
Prof. Dr. Ali SABIR
Dr. Öğr. Üyesi Ali Tevfik UNCU

Collecting, defining, and protecting genetic resources is one of the high priority issues that are increasingly important in the national and international arena. Breeding and releasing new cultivars are changing based on the demand of consumers and also producers. The importance of our gene resources is due to having the necessary gene or gene combinations to develop these new varieties in agricultural conjuncture. In order to reveal and understand the current potentials of gene sources, the molecular and morphological status that of genetic resources must be determined exactly in terms of agricultural applications. Within the scope of this thesis, primarily melon genetic resources in Kyrgyzstan were collected by visiting various regions and contacting farmers. 35 Kyrgyzstan, 14 Turkey, 4 Russia, and 2 Chinese genotypes/cultivars has been characterized as morphological and molecular aspects within this thesis. The morphological characterizations were performed based on the International Plant Genetic Resources standards and molecular characterizations were performed by using 18 SSR molecular markers. The genotypes belonging to both country collections were separated into two main clusters using the ward method. The SSR markers used within this thesis were exhibited the following results; 1,757 that of the average number of effective alleles, 0,724 that of the average expected heterozygous value, 0,614 that of the average Shanno diversity index value, and 0,790 that of the average of PIC value. In the dendrogram derived from SSR scores, the genetic relationship among genotypes was determined to be 0,247-0,743 according to the simple matching similarity index. As a result of the Structure software analysis made with the same data sets, the genotypes were divided into two subpopulations and this analysis was confirmed by the AMOVA analysis. The molecular analysis resulted in which Osh, Chüy, and Van originated genotypes were separated in the same cluster while in which, Manas, Kyrgyzstan, Russia, China, and Kav coded Turkey genotypes were clustered to another. As a result of the study, the melon genetic resources of Kyrgyzstan were collected from various regions and also this collection was taken under protection in both universities. This melon genetic material brought to Turkey could be used in various studies as the possible new genetic resources.

Keywords: Melon, SSR, Kyrgyzstan, Genetic Diversity, Morphological Characterization, molecular characterization, Breeding

ÖNSÖZ

Akademik hayatta kişilerin eğitici konumuna yükselmelerinin en önemli basamağı doktora sürecinde aldıkları eğitim ve bu eğitimin sonucunda tamamladıkları doktora tezi çalışmalarıdır. Öncelikle danışmanım Prof Dr. Önder TÜRKMEN'in beni öğrenci olarak kabul etmesi ile başlayan yolculuğumuzun önemli ve büyük kısmını sunulmuş olan tez çalışması ile tamamlamış olacağız. Danışmanlar; doktora veya yüksek lisans öğrencilerine akademik hayat için gerekli bilgi, beceri ve donanım kazandırmalarının yanı sıra, onların rol modelleridir. İleride nasıl bir akademisyen olacaklarına danışmanları ile geçirdikleri süre içerisinde karar verirler ve bu şekilde akademik kariyerlerini şekillendirirler. Bu konuda şanslı olduğumu itiraf etmek istiyorum. Çünkü bilgisini, becerisini, rehberliğini, akademik ve hayat tecrübesini her daim cömertçe bana ve diğer lisansüstü öğrencilerine aktaran bir danışman ile çalışma fırsatı buldum. Bu konuda kendisine her zaman minnet ve saygı borçlu olacağım değerli danışmanım sayın Prof. Dr. Önder TÜRKMEN'e beni ekibine kabul ederek yetiştirdiği için çok teşekkür ederim. Tamamlamış olduğum bu tez bana akademik anlamda Dr. unvanını kazandırmakla birlikte her zaman yanımda olacağını beni destekleyeceğini bildiğim danışmanım ile başka bir uzun yolculuğun kapısını aralamış ve bu yolda birlikte yürüyeceğim nice dostlar ve meslektaşlar kazandırmıştır.

Tamamlamış olduğum doktora tezimin moleküler analizleri Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik bölümü laboratuvarlarında gerçekleştirilmiştir. Bu konuda laboratuvarını çalışmamı tamamlamak için bana ve arkadaşlarıma açan, deneyimleri ile bana yol gösteren değerli hocam Dr. Öğr. Üyesi Ali Tevfik UNCU'ya teşekkür ederim.

Doktora tezimin laboratuvar kısmı için gerekli bitki materyali Selçuk Üniversitesi Sarıcalar Araştırma ve Uygulama Çiftliğinde yetiştirilmiştir. Tez materyali kapsamında kavunları yetiştirmede bana destek olan ve *Cucurbitaceae* familyası hakkındaki bilgilerini bizzat arazide uygulamalı olarak gösteren Öğ. Gör. Dr. Musa SEYMEN hocama katkılarından dolayı teşekkür ederim. Son olarak tez çalışması boyunca desteklerini ve yardımlarını hiç eksik etmeyen başta eşim Merve CAN olmak üzere değerli arkadaşlarım Ünal KAL, Yeşim DAL, Necibe KAYAK, Ayşenur ÇETİN ve Gülbanu KIYMACI'ya çok teşekkür ederim. Her birine akademik kariyerlerinde benim ulaştığım bu noktaya sorunsuz ve sıkıntısız bir şekilde gelmelerini dilerim.

Ve son olarak tüm arazi çalışmalarında benden desteğini esirgemeyen, her ihtiyaç duyduğumda beni destekleyen sevgili eşim Merve Can'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Hasan CAN
KONYA-2020

İÇİNDEKİLER

ÖZET iv

ABSTRACT v

ÖNSÖZ vi

İÇİNDEKİLER vii

SİMGELER VE KISALTMALAR ix

ÇİZELGE DİZİNİ xi

ŞEKİLLER DİZİNİ xii

1. GİRİŞ 1

1.1. Kavun Bitkisinin Orijini 1
1.2. Kavundaki Yüksek Genetik ve Morfolojik Çeşitliliğin Sebebi 4
1.2. Kavunun Morfolojik Sınıflandırılması 7
1.3. Kavunda Hastalık Dayanıklılığın Kaynağı 9
1.4. Türkiye'de ve Dünya'da Kavun Üretimi 12
1.5. Kırgızistan ve Türkiye Açısından Kavunun Genetik Çeşitliliği ve Önemi 15
1.6 SSR möleküler markörleri 17

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI 20

3. MATERYAL VE YÖNTEM 34

3.1. Genetik Materyal 34
3.2. Deneme Deseni, Tekrarı ve Kültürel İşlemler 34
3.3. Morfolojik Karaterizasyonlar 38
3.4. Morfolojik Verilerin İstatistiksel Analizi 45
3.5. SSR Primerlerine ait Bilgiler 47
3.6. DNA İzolasyonu, PCR ve Kapillar Elektroforez 47
3.7. Moleküler Verilerin Skorlama ve Polimorfik Bilgi İçeriği Analizi 49
3.8. Genetik Benzerlik Analizi 50
3.9. Popülasyon Structure Analizi 51
3.10. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) 51

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA 53

4.1. Morfolojik Karakterizasyonlar 53
4.1.1. Kalitatif Özellikler 53
1. Yaprak Karakterleri 53
2. Yaprak taban şekli 55
3. Yaprak lobları (dilimleri) 56
4. Yaprak rengi 57
5. Yaprak sap rengi 58

6. Çiçek tipi 59
7. Dişi çiçek erkek çiçek oranı 60
8. Çiçek tomurcuk şekli 62
9. Çiçek rengi 63
10. Yumurtalıkta tüylenme 63
11. Yumurtalık şekli 65
12. Meyve şekli 66
13. Baskın meyve kabuk rengi 67
14. Olgunluk öncesi meyve kabuk rengi 68
15. Meyve iriliği 69
16. Meyve kabuk rengi yoğunluğu 71
17. Kabukta ikincil renk dağılımı 72
18. Meyve eti rengi 74
19. Tohum hilum sonu şekli 75
20. Tohum rengi 76
4.1.2. Kantitatif Özellikler 78
4.1.3. Morfolojik ölçüm ve gözlemler sonucunda elde edilen dendrogram 88
4.2. Moleküler Karakterizasyonlar 92

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER 108

KAYNAKLAR 113

ÖZGEÇMİŞ 132

SİMGELER VE KISALTMALAR

Kısaltmalar

SNP : Tek nükleotid polimorfizmi
CNV : Kopya sayısına bağlı varyasyon
PAV : Varlık/yokluk temelli varyasyon
SV : Yapısal varyasyon
TE : Taşınabilir elementler
QTL : Kantitatif karakter lokusu
NLR : Lösin zengin tekrarları
WMV : Watermelon Mosaic Virüs
CMV : Cucumber Mosaic Virüs
ZYMV : Zucchini Yellow Mosaic Virus (Kavun Hastalığı)
PRSV : Papaya Ringspot Virus (Kavun Hastalığı)
CABYL : Cucurbit Aphid Borne Yellows Luteovirus (Kavun Hastalığı)
CYSDV : Cucurbit Yellow Stunting Disorder Virüs (Kavun Hastalığı)
LIYV : Lettuce Infectious Yellows Virüs (Kavun Hastalığı)
CuLCrV : Cucurbit Leaf Crumple Virus (Kavun Hastalığı)
CVYV : Cucumber Vein Yellowing Virus (Kavun Hastalığı)
SqMV : Squash Mosaic Virüs (Kavun Hastalığı)
MNSV : Melon Necrotic Spot Virüs (Kavun Hastalığı)
PCA : Temel bileşen analizi
FAO : Dünya Gıda ve tarımsal organizasyonu
RAPD : Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA
ISSR : Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm
CAPS : Kesilip Çoğaltılmış Polimorfik Diziler
SSR : Basit tekrar dizisi
PCR : polimeraz zincir reaksiyonu
Nsv : Kavun Hastalığı
Prv : Kavun Hastalığı
Fom-1 : *Fusarium oxysporum* 1.ırk (Kavun Hastalığı)
Fom-2 : *Fusarium oxysporum* 2.ırk (Kavun Hastalığı)
cM : santimorgan
EST-SSR : İfade Edilmiş Dizi Etiketi basit tekrar dizisi
CTAB : Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
PCoA : Temel Koordinat Analizi
AMOVA : Moleküler varyans analizi
TÜİK : Türkiye İstatistik Kurumu
UPGMA : Aritmetik Ortalama ile Ağırlıksız Çift Grup Metodu
ANOVA : Varyans Analizi
ITS : Internal Transcribed Spacer
DNA : Deoksiribonükleik Asit
MAS : Markör destekli seleksiyon
SCAR : Sekansı karakterize edilmiş çoğaltılmış bölgeler
NBS : Nükleotid bağlanma bölgesi
BC1F1 : İlk geriye melezlemede F1 popülasyonu
BC2F1 : İkinci geriye melezlemede F1 popülasyonu
DAP : Diamonyum fosfat
NPK : Azot, fosfor, potasyum

IPGRI : Uluslararası Birki Genetik Kaynakları Koruma Kuruluşu
UPOV : Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği
SÇKM : Suda çözünen kuru madde miktarı
pH : Hidrojen veya hidroksit iyon değerleri
SDS : Sodyum dodesil sülfat
NaCl : Tuz
RNA : Ribonükleik Asit
Rpm : Dakikada devir sayısı
µl : Mikrolitre
nmol : Nanomol
mM : Milimolar
EMR : Polimorfik markör fraksiyonu
PIC : Polimorfik bilgi içeriği
MI : Markör indeksi
SA : Toplam allel sayısı
PA : Polimorfik Allel sayısı
Na : Etkili/Etkin allel sayısı
PA% : Polimorfik allel yüzdesi
BU : Bant uzunluğu
He : Beklenen heterozigotluk
Ho : Gözlenen heterozigotluk
I : Shannon çeşitlilik indeksi
F_{ST} : F istatistiği

ÇİZELGE DİZİNİ

Çizelge 1.1. Kültürü yapılan major *Cucurbitaceae* bitkilerinin coğrafik kökenleri 2

Çizelge 1.2. Bahçe yetiştiriciliği açısından kültürü yapılan kavun grupları ve bu gruplara ait alt gruplar 8

Çizelge 1.3. Kavunda viral hastalıklar ve dayanıklılık kaynakları……...10

Çizelge 1.4. Kavunda oomiset ve mantar kaynaklı hastalıklar ve dayanıklılık kaynakları . …11

Çizelge 1.5. Dünya üzerinde üretimi yapılan önemli kabakgiller ve üretim yapan ülke sayısı13

Çizelge 3.1. Tez çalışmasına dahil edilen Kırgızistan ve Türkiye kavun yerel genotipleri ve bazı standart çeşitler 35

Çizelge 3.2. Deneme alanının farklı derinliklerindenki toprağın besin elmenti içeriği 36

Çizelge 3.3. Ölçümü ve Gözlemi yapılan morfolojik parametreler 39

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılacak SSR primerleri 46

Çizelge 3.5**.** PCR bileşenleri, kullanılan miktarları ve konsantrasyonları 49

Çizelge 4.1. Genotiplerin yaprak uzunluğu, yaprak genişliği, yaprak sapı uzunluğu, meyve büyüklüğü ve meyve uzunluğu özellikleri 79

Çizelge 4.2. Genotiplerin meyve çapı, meyve sapı uzunluğu, meyve sapi kalınlığı, mühür büyüklüğü ve meyve eti kalınlığı özellikleri 84

Çizelge 4.3. Genotiplerin kabuk kalınlığı, SÇKM, pH, tohum ağırlığı ve tohum uzunluğu özellikleri 86

Çizelge 4.4. Çalışmada kullanılan primerlere ait istatistiki bilgiler 94

Çizelge 4.5. Structure programı sonucunda iki alt popülasyona ayrılan genotiplerin üyelik katsayıları 104

Çizelge 4.6. AMOVA anlizi sonuçları 107

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Büyük kavun üreticileri ve yıllara göre üretim miktarları 14

Şekil 3.1. Kavun deneme arazisinden genel bir görünüş (Orjinal) 37

Şekil 3.2. Yetiştiricilik sırasında damalama sulama ile kullanılan gübreler (Orjinal) 38

Şekil 3.3. Kültürel işlemlerden bir görünüş (Orjinal) 38

Şekil 3.4. Morfolojik ölçüm ve gözlemlerden genel bir görünüş (Orjinal)..... 45

Şekil 4.1. Kavun meyvelerinden genel görünüş (Orjinal)..... 53

Şekil 4.2. Genotiplere ait yaprak karakteri frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: tüm (bütünleşik), 3: Pentalobate) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 54

Şekil 4.3. Yaprak karakterlerinden bir görünüş (Orjinal) 55

Şekil 4.4. Genotiplere ait yaprak taban şekli frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: kalp şeklinde 2: Sivri) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 56

Şekil 4.5. Genotiplere ait yaprak loblarının frekanslarını gösteren sütun grafiği (3: sığ, 5: Orta, 7: Derin lob yapısı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 57

Şekil 4.6. Genotiplere ait yaprak rengi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: açık yeşil, 2: yeşil, 3: koyu yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 58

Şekil 4.7. Genotiplere ait yaprak sapı rengi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: açık yeşil, 2: yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 59

Şekil 4.8. Genotiplere ait çiçek cinsiyet tipi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: monoik, 2: andromonoik) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 60

Şekil 4.9. Genotiplere ait dişi çiçek erkek çiçek oranı frekanslarını gösteren sütun grafiği (3: erkek dişi çiçek eşit, 4: erkek çiçek çoğunlukta) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 62

Şekil 4.10. Genotiplere ait çiçek tomurcuk şekli frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: küre, 2: orta, 3: uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 63

Şekil 4.11. Genotiplere ait yumurtalık tüylenme şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: kısa, 2: orta, 3: uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 64

Şekil 4.12**.** Yumurtalıkta tüylenme durumu (Orjinal) 65

Şekil 4.13. Genotiplerin yumurtalık şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: düz, 2: yuvarlak, 3: uzun, 4: çok uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 66

Şekil 4.14. Genotiplerin meyve şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: küresel, 2: basık, 3: kutuplara yassılaşmış, 4: oval, 5: piriform, 7: meşe palamudu) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 67

Şekil 4.15. Genotiplerin baskın meyve kabuk renklerine ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (2: açık sarı, 3: krem, 4: soluk yeşil, 5: yeşil, 6: koyu yeşil, 7: siyahımsı yeşil, 8: turuncu, 9: kahverengi) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 68

Şekil 4.16. Genotiplerin olgunluk öncesi meyve kabuk rengine ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (2: sarı, 3: yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 69

Şekil 4.17. Genotiplerin meyve iriliğine ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: küçük, 2: orta, 3: büyük) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 70

Şekil 4.18. Meyvelerin boyutlarının görünüşü (Orjinal)..... 71

Şekil 4.19. Genotiplerin olgunluk öncesi meyve kabuk rengi yoğunluğuna ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: açık, 2: orta, 3: koyu**)** (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 72

Şekil 4.20. Genotiplerin kabukta ikinci renk dağılımına ait frekansları gösteren sütun grafiği (0: yok, 1: benekli, 2: lekeli, 3: çizgili, 4:bantlı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 73

Şekil 4.21. Genotiplerin meyve eti rengi dağılımına ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: beyaz, 2: yeşil, 3: krem-sarı, 4: turuncu, 5: sarımsı-pembe) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)..... 75

Şekil 4.22. Genotiplerin tohum hilum sonu şekillerine ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: sivri, 2: küt) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 76

Şekil 4.23. Genotiplerin tohum renklerine ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: beyaz, 2: bayaz-sarı, 3: krem, 4: sarı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri) 77

Şekil 4.24. Tohum özelliklerinin ölçümlerinden bir görüntü (Orjinal)..... 77

Şekil 4.25. Farklı meyve tip ve boyutlarından bir görüntü (Orjinal) 82

Şekil 4.26. Kavun genotiplerinde morfolojik ölçüm ve gözlemler kullanılarak Ward metoduna göre yapılan analiz sonucunda ortaya çıkan dendrogram..... 91

Şekil 4.27. Moleküler veriler kullanılarak çizilen dendrogram 98

Şekil 4.28. GeneAIEx programı kullanılarak yapılan Principle Coordinate Analizi 100

Şekil 4.29. Structure programı sonunda ortaya çıkan K değeri 104

Şekil 4.30. Structure analiz sonucu 104

Şekil 4.31. SSR makörleri verilerinden üretilen Moleküler Varyans Analizi grafiği 106

1. GİRİŞ

1.1. Kavun Bitkisinin Orijini

Cucurbitaceae familyası; 98 cins ve 975-1000 tür ile çoğunlukla tropikal ve sub-tropikal bölgelerde yayılış gösteren çiçekli bitkiler ailesinin önemli üyelerinden biri olup, içerisinde hıyar (*Cucumis sativus*), kudret narı (*Momordica charantia*), karpuz (*Citrullus lanatus*), yemlik karpuz (*Citrullus amarus* = *Citrullus lanatus* var. *citroides*), kavun (*Cucumis melo*), kabak (*Cucurbita pepo*) ve su kabağı (*Lagenaria siceraria*) gibi çok sayıda ekonomik öneme sahip türün dahil olduğu önemli bir familyadır (Schaefer ve Renner, 2011; Renner ve Schaefer, 2017; Chomicki ve ark., 2020). Arkeobotanikçiler uzun yıllar boyunca *Cucurbitaceae* familyasının üyelerine ait meyve, tohum ve hatta yaprak kalıntılarını inceleyerek antik kültürlerdeki yerlerini ve rollerini kayıt altına almışlar (Schweinfurth, 1883; Piperno ve ark., 2000; Piperno, 2011). Eski metinler ve resimlerden elde ettikleri bulgular sonucunda *Cucurbitaceae* familyasının üyelerinin Hindistan veya Amerika'dan Akdeniz ve Kuzey Avrupa'ya yayıldığı sonucuna varmışlardır (Paris ve ark., 2012b; 2012a; Paris, 2015).

Birkaç önemli *Cucurbitaceae* familyası türünün Yeni Dünya'da Kolomb öncesi zamanlarda kültüre alındığı görülmektedir (Larson ve ark., 2014). Çizelge 1.1.'den ayrıntılı olarak görüldüğü üzere bunlar genellikle küresel ölçekte önemli olan kabakgil (*Cucurbita* subsp.) türleridir.

Citrullus cinsi *Cucurbitaceae* familyasının Afrika orjinli bir başka ekonomik öneme sahip grubunu temsil eder. Bu grup içerisinde Afrika'da kökeni olan yedi türü vardır. Bu türlerin bazılarının kültürü yapılırken bir kısmı da çalımsı formda toplanarak gıda olarak tüketilmektedir (Chomicki ve Renner, 2015).

Asya ve Malezya bölgeleri *Cucurbitaceae* familyası için oldukça önemli merkezlerdir. Hıyar (*Cucumis sativus*), Kavun (*Cucumis melo*), Su kabağı (*Lagenaria siceraria*), Kudred narı (*Momordica charantia*), Beyaz kabak (*Benincasa hispida*) ve Lif kabağı (*Luffa aegyptiaca*) gibi türlerin ortaya çıktığı genetik açıdan önemli bölgelerdir (Matthews, 2003; Schaefer ve Renner, 2010a; Qi ve ark., 2013; Filipowicz ve ark., 2014). Bunların içerisinden özellikle dikkat çekici olanlar *Lagenaria siceraria* ve *Cucumis melo*'dur. Yapılan çalışmalar bu iki türden biri olan *Lagenaria siceraria*'nın Aysa ve Amerika'da birbirinden bağımsız olarak kültüre alındığını, diğeri olan *Cucumis melo*'nun da Asya ve Afrika olmak üzere iki farklı noktada birbirinden bağımsız olarak kültüre alındığını göstermektedir (Kistler ve ark., 2014; Endl ve ark., 2018).

Çizelge 1.1. Kültürü yapılan major *Cucurbitaceae* bitkilerinin coğrafik kökenleri

Tür	Yaygın ismi	Coğrafik Kökeni	Kültüre Alındığı Yer	Minimum yaşı	Referans
Cucurbita argyrosperma	Kuzey Amerika su kabağı	Meksika	Meksika	-	(Sanjur ve ark., 2002) (Kates ve ark., 2017)
Cucurbita maxima	Kabak	Güney Amerika	Arjantin	4000	Önceki ile aynı
Cucurbita moschata	Bal kabağı				Önceki ile aynı
Cucurbita pepo subsp. *pepo*	Sakız kabağı	Meksika	Meksika	8000-10000	(Smith, 1997) (Sanjur ve ark., 2002) (Kates ve ark., 2017)
Cucurbita pepo subsp. *texana*	Yıldız kabağı	Teksas ve çevresi	Teksas		(Sanjur ve ark., 2002) (Kates ve ark., 2017)
Citrullus lanatus	Karpuz	Sudan	Nil vadisi Çin	5000 400	(Wasylikowa ve van der Veen, 2004) (Chomicki ve Renner, 2015) (Renner ve ark., 2017)
Benincasa hispida	Beyaz kabak	Güneydoğu Asya Avusturalya	Güneydoğu Asya Endonezya	2450 ve öncesi	(Matthews, 2003) (Marr ve ark., 2007) (Schaefer ve ark., 2009)
Cucumis melo subsp. *melo*	Kavun	Hindistan Avusturalya	Asya	2200	(Sebastian ve ark., 2010) (Endl ve ark., 2018)
Cucumis sativus	Hıyar	Hindistan	Asya, Doğu Asya ve Xishuangbanna bölgesi	2500	(Renner ve ark., 2007) (Sebastian ve ark., 2010)
Lagenaria siceraria	Su kabağı	Afrika	Avrasya ve Güney Amerika'da bağımsız olarak	11000 10000	(Kistler ve ark., 2014)
Momordica charantia	Kudret narı	Afrika	Afrika veya Hindiatan (Belirsiz)		(Schaefer ve Renner, 2010b)

Çizelge Chomicki ve ark. (2020) çalışmasından alınmıştır.

Kavun geniş çaplı incelendiğinde durumun söylenildiğinden daha karışık olduğu görülmektedir. Kavuna ait yabani formlar Asya, Afrika ve Avusturalya'da yayılış göstermekle birlikte Madagaskar ve Kuzey Amerika'da yayılış gösteren yabani popülasyonlar şüpheli durumdadır (Decker-Walters ve ark., 2002). Sebastian ve ark. (2010) tarafından yapılan detaylı filogenetik analizler sonucunda; kültür formlarının ataları olan yabani kavun popülasyonları Asya'da yayılış göstermekte, bu popülasyonlar açısından Doğu Asya ve Hindistan'da bulunan yüksek miktarda yerel çeşitlilik nedeni ile Asya'da kültüre alındığı kanısını oluşturmaktadır (Tanaka ve ark., 2007; Dwivedi ve ark., 2010). Aysa kıtasındaki kavuna ait en eski kayıtları Çin'de M.Ö. 3000 yılına kadar ve Hindistan'da ise M.Ö. 2300-1600 yıllarına kadar uzanmaktadır (Vishnu-Mittre, 1974; Luan ve ark., 2008). Bununla

birlikte kavunun ilk ortaya çıkış noktası ile ilgili olarak kafa karıştırıcı sonuçlar Afrika kıtasında bulunan kayıtların incelenmesiyle ortaya çıkmıştır. Afrika'daki çok sayıda yabani formda *Cucumis* türünün yayılış göstermesi ve bu *Cucumis* türlerinin kromozom sayılarındaki çeşitliliğine dayanarak, kavun öncelikle Afrika kıtasında kültüre alınmış olma ihtimalini ortaya çıkarmaktadır (Whitaker ve Davis, 1962; Robinson ve Decker-Walters, 1997). Çünkü mevcut kayıtlar günümüzden yaklaşık 3500-3700 yıl öncesine kadar uzanmaktadır (van Zeist ve de Roller, 1993). Sebastian ve ark. (2010)'nın çalışması bu tartışmaya farklı bir boyut ve yeni bir perspektif kazandırmıştır. Çalışma kapsamında Avustralya'da kavunların en yakın yaşayan yabani formları keşfedilmiş ve bu bölgenin üçüncü bir gen merkezi olma ihtimali ortaya çıkmıştır.

Sonuç olarak Endl ve ark. (2018) modern kavun çeşitlerini oluşturan iki soyun 2 milyon yıl önce oluştuğunu ve bunlardan biri olan *Cucumis melo* subsp. *melo*'nun Aysa kıstası ile sınırlı kalırken diğeri olan *C. melo* subsp. *meloides*'in de Afrika kıtası ile sınırlı kaldığını tespit etmişlerdir. Asya ile sınırlı kalan kökenden meydana gelen kavunlar yaygın olarak ticari çeşitleri ve tüketici tarafından talep gören türlerin oluşumuna yol açarken Afrika kökenine dayanan çeşitlerin Sudan'da tarımının yapıldığını belirtmişlerdir. Bu düşünce ilk olarak Fransız bir botanikçi olan Charles Naudin (1859) tarafından ortaya konulmuştur. Naudin Hindistan orjinli kavunları 'melon sauvage de l'Inde' ve Afrika orjinli olanları da 'melon sauvage d'Afrique' olarak sınıflandırmıştır. Bu sınıflandırma sonucunda Naudin, kültürü yapılan kavunların birden fazla kültüre alma olayının sonucu ortaya çıkmış olabileceği fikrini ileri sürmüştür. Ayrıca 'melon sauvage de l'Inde' Asya'da kültürü yapılan kavunların atası ve 'melon sauvage d'Afrique'nin de Kuzey Afrika'daki kavunları ataları olduğu fikrini geliştirmiştir ve bu fikir Chevalier (1901) tarafından da desteklenmiştir. Naudin ve Chevalier'in ortaya koyduğu bu düşünce ile ilgili kanıtları Endl ve ark. (2018) yılında kanıtlamışlardır. Çalışmaları sonucunda Hindistan'dan çok yıllık ve kuraklığa dayanıklı bir tür olan *Cucumis trigonus*'un *C. melo*'nun en yakın yaşayan akrabaları arasında olduğunu belirtmişlerdir. Araştırmacıların ortaya koydukları en önemli sonuç ise kavunun en az iki farklı noktada (birbirinden bağımsız olarak Aysa ve Afrika'da) kültüre alındığı ve ıslah çalışmalarında Afrika soyu ve Hindistan orijinli *C. trigonusu* türünün iklim değişikliklerine karşı toleranslı kavunların geliştirilmesi için heyecan verici yeni ve değerli genetik kaynaklar olduklarını ifade etmişlerdir.

1.2. Kavundaki Yüksek Genetik ve Morfolojik Çeşitliliğin Sebebi

Uzun süren seleksiyonlar sonucunda kültüre alınmış ve geliştirilmiş çeşitler arasında düşük genetik değişkenliğe sahip genomik bölgeler bulunmaktadır. Bu durumu açıklayan en önemli sebep kültüre alma sırasında istenilen özellikler yönünde seleksiyon sonucu oluşmalarıdır (Sanseverino ve ark., 2015). Son zamanlarda bitkilerde tüm genom seviyesinde genetik değişkenlikleri incelemek için çalışmaların büyük çoğunluğu tek nükleotid polimorfizmlerinde (SNP) yoğunlaşmıştır (Lin ve ark., 2014). Bununla birlikte, genomlar SNP dışında birçok farklı varyasyon tipleri ile doludur ve bu diğer çoklu dizi modifikasyonu, bitki genomu evrimi ile ilgili dinamizm ve genetik değişkenlikten sorumludur. Kopya sayısı varyasyonu (CNV) ve varlık/yokluk temelli varyasyonları (PAV) da dahil olmak üzere yapısal varyasyonun (SV) bitki türlerinde sık olduğu gösterilmiştir (Saxena ve ark., 2014). Transpozonlar, genom içindeki gen dizilerini mobilize etme kapasiteleri nedeniyle CNV ve PAV yapısal varyasyon oluşturan fraksiyonların temelini oluştururlar (Morgante ve ark., 2007). Ayrıca yeni genlerin ve düzenleyici dizilerin zengin bir kaynağı ve bitki genomunun evriminde önemli oyuncular olarak kabul edilirler (Lisch, 2013). Garcia-Mas ve ark. (2012) 375 milyon baz çifti uzunluğundaki sekansladıkları kavun genomunun 27.427 adedini genlerle ilişkilendirmiş, ayrıca sekanslanan dizinin %19.7'sinin taşınabilir elementlere (TE) karşılık geldiğini göstermişlerdir. Sanseverino ve ark. (2015) TE'ler ile ilgili oranın %40'lara çıkabileceğini ifade etmiştir. Kavun açısından kültür formları ve yabani formlar arasında sıklıkla meydana gelen gen alış verişi sebebiyle çok sayıda ara form ve kültür formundan yabani forma dönen genotip ortaya çıkmaktadır (Pitrat, 2012). Bu nedenle, kavunun kültüre alınma süreci genomu açısından oldukça karmaşık olup, bu gelişim günümüzde lokal popülasyonlar ile genetik değişimler aracılığıyla devam etmektedir (Roy ve ark., 2012; Omari ve ark., 2018).

Kavun bitkisine ait gen kaynakları, meyve özellikleri ve hastalıklara dayanıklılık açısından etkileyici bir çeşitliliğe sahiptir (Burger ve ark., 2006; Monforte, 2017). Kavunda meyve çapı, uzunluğu, boyutu, ağırlığı ve et kalınlığının da içerisinde bulunduğu meyve özellikleri poligenik (birden fazla gen tarafından şekillendirilme) kalıtıma sahiptir ve meyve büyüklüğü ile ilgili olarak yapılan bir çalışma sonucunda 67 adet QTL tespit edilmiştir (Zalapa ve ark., 2007; Paris ve ark., 2008). Bir başka morfolojik özellik olan meyve kabuğundaki ağlanma ile ilgili olarak oluşturulan 3 özel popülasyon analiz edilmiş, toplam 16 adet QTL bölgesi tespit edilmiştir (Paris ve ark., 2008; Ramamurthy ve Waters, 2015).

Monforte ve ark. (2014), meyve şekli, meyve ağırlığı ve bazı meyve morfolojisi ile ilgili özellikleri bir araya getirerek kromozomlar üzerinde göstermişlerdir. Çalışmaya göre meyve şekline etki eden QTL bölgeleri kromozomlar bazında aşağıda özetlemişlerdir;

Kromozom 1, *FSMQ1* bölgesi; Kromozomun distal kısmında yer alan bir meta-QTL olan bu bölge hem klasik QTL tespit yöntemi olan özel popülasyon oluşturma hem de bağlantılı haritalama ile tespit edilmiştir. Fenotipik varyasyonun %31'ini açıklama kapasitesine sahiptir. *Agretis* kökenli olup meyveye uzun eliptik şekil kazandırmaktadır.

Kromozom 2, *FSMQ2* bölgesi; Kromozomun bu kısmında yer alan bu bölge de bir meta QTL olup toplam fenotipik varyasyonun %52'sine etki edebilme kapasitesi vardır. Çoğu popülasyonda bu QTL, dişi çiçekte cinsiyet tayinini kontrol eden gen *α* ile birlikte lokalize olmaktadır. Cinsiyet durumuna göre meyvede bazı enzimatik değişimler meydana gelmekte ve bu durum da meyve şeklini etkilemektedir (Monforte ve ark., 2005).

Kromozom 8, *FSMQ8* bölgesi; Kromozomun proksimal ve distal bölgelerinde meyve morfolojisi ile ilişkili bir başka meta QTL'dir. Toplam varyasyonun %22'sini açıklayabilme yeteneğine sahip olan bu bölge meyve uzunluğunu %50 oranında arttırabilmektedir. *Agrestis* kökenli alleli bu aşırı uzamayı kontrol etmektedir.

Kromozom 11, *FSQM11* bölgesi; Bu meta-QTL üç bağımsız popülasyon ile birlikte bir ilişkilendirme çalışmasında tespit edilmiştir. Bu lokusun fenotipik varyasyona olan etkisi % 17'dir ve *agrestis* kökenli alleli meyve uzamasına neden olmaktadır.

Kromozom 12, *FSQM12* bölgesi; Bu meta-QTL, Kore kökenli PI161375 hattının katılımı ile oluşturulan üç popülasyonda tespit edilmiştir. Çoğu kavun çeşidinin meyvesinin üç karpeli vardır ve sadece PI161375 genotipinin oluşturduğu birkaç kavun hattında beş karpelli meyveler üretilmiştir. Kavun meyvesi içinde karpel sayısındaki artışın muhtemelen meyve şeklini etkilediği düşünülmektedir (Monforte ve ark., 2014). *Agrestis* kökenli bu allelin yuvarlak meyveler açısından % 29'a kadar fenotipik varyansı etkilediği görülmüştür. QTL'ler ve meyve ağırlığı ile ilişkilendirmeler tüm kromozomlarda bulunmaktadır. Monforte ve ark. (2014) çalışmalarında meyve ağırlığına etki eden QTL bölgeleri kromozomlar bazında şu şekilde özetlemişlerdir;

Kromozom 2, *FWMQ2* bölgesi; Bu QTL iki farklı popülasyonda tespit edilmiş olup popülasyonlarda toplam fenotipik varyansın % 43'üne kadarına etki ettiği belirtilmiştir. Bir önceki bölüm de kromozom 2 de açıklanan QTL bölgesinde yer alan *α* geni ile birlikte popülasyonda görülmüş ve çiçeğin cinsiyetine etki ettiği gibi meyvenin ağırlığına da etki etmektedir.

Kromozom 3, *FWMQ3* bölgesi; Bu QTL iki popülasyonda tespit edilmiştir, fakat toplam fenotipik varyansı açıklamada deneyler içindeki tekerrürlerde tutarlı sonuçlar ortaya koymamıştır (Eduardo ve ark., 2007a).

Kromozom 8, *FWMQ8* bölgesi; Bu QTL bir önceki meyve şeklini etkileyen genomik bölge ile aynı yerde ve üç farklı popülasyonda tespit edilmiştir. Meyve şeklini etkileyen bölgenin varlığında ağırlık ile ilgili özellikler gözlenmezken, meyve ağırlığını etkileyen bu bölge varlığında meyve şekli ile ilgili özellikler gözlenememektedir (Eduardo ve ark., 2007a). Mevcut durum iki QTL bölgesinin birbirinden bağımız ve farklı bağlantı grupları içerisinde yer aldığının bir başka göstergesidir. Kromozom 8 üzerinde yer alan bölge ağırlık açısından fenotipik varyasyona %14 etki etmekte ve varlığında meyve ağırlığını %40'a kadar azaltabilmektedir.

Kromozom 11, *FWMQ11* bölgesi; *FWMQ11* bölgesi fenotipik varyasyonun % 34'üne etki edebilmekte ve mevcut bölge üç farklı popülasyonda tespit edilmiştir. FWMQ11 ve FWMQ8'in farklı popülasyonlardaki en tutarlı QTL'ler olduğu ve meyve şeklinden bağımsız hareket ettikleri görülmüştür.

Tüm bu bilgiler ışığında kavunda morfolojik çeşitliliğin bu kadar fazla olmasının sebebi hala değişen/gelişen dinamik bir genom yapısına sahip olmasından kaynaklandığı sonucunu ortaya çıkarmaktadır. Ekonomik açıdan önemli olan özellikler genelde birden fazla gen tarafından kontrol edilmektedir. Bu ekonomik önemi yüksek olan özellikler yönünden yapılan seleksiyonlar, aralarında yapılan melezlemeler ve yabani formlar yapılan melezlemeler hala kavunda bu morfolojik çeşitliliğin devamlılığını sağlamaktadır.

Diğer taraftan iki farklı kıtada birden gelişmesi ve kültüre alınması ile birlikte birbirleri ve yabani formlar arasında üretken jenerasyonlar meydana getirebilme özelliği genomik düzeyde yapısal farklılıkların, tek nokta farklılıklarının taşınabilir element kaynaklı farklılıkları ve melezleme sonucu oluşan genetik rekombinasyonlar ile birleşimi sonucu bu kadar farklılığın ortaya çıkması doğaldır. Ekonomik öneme sahip olan bölgelerin açıklandığı gibi farklı dizilimleri sonucunda çeşitli renk, şekil ve boyutlarda meyveler oluşmaktadır. Bunlardan bazıları birlikte kalıtım gösterirken bazıları da birbirinin homoloğu olan bölgeler olup bağımsız kalıtım göstermesi ve bu gölgelerin sayısının oldukça fazla olması ve dolayısıyla farklı kombinasyonlarda dizilmeleriyle geniş bir moleküler ve morfolojik çeşitlilik ortaya çıkmaktadır.

1.2. Kavunun Morfolojik Sınıflandırılması

Pitrat (2017)'ın yapmış olduğu sınıflandırmaya göre kavunlar 19 alt gruptan oluşmaktadır. *melo* cinsinden kavunları ayırma girişimleri olmasına rağmen, botanikçilerin çoğunluğu büyük ölçüde kavunun *Cucumis* cinsine ait olduğu konusunda fikir birliğine varmışlardır. Günümüzde 50'den fazla türün bu cinse ait olduğu bilinmektedir (Ghebretinsae ve ark., 2007; Renner ve ark., 2007). Kültürü yapılan kavunlar, daha iri meyveler, acı olmayan tatlar, daha kalın meyve etleri, daha büyük tohumları ve daha büyük yaprakları gibi bazı kültüre alım özellikleri açısından yabani formdaki kavunlardan ayrılırlar. Kavunun tür içi düzeyde taksonomik sınıflandırmasında esas olarak çiçek ve meyve özellikleri kullanılmaktadır. Bu özellikler şu şekilde sıralanabilir;

- ***Çiçekleri***; çiçeklerin cinsiyeti, sepaller ve Hipanthium ve yumurtalık kılların uzunluğu,
- ***Meyve Büyüklüğü ve Şekli***; yabani formları 30-50gr olabilirken, bugün kültürü yapılan kavunların ağırlığı 35 kg ulaşmıştır.
- ***Ekzokarp veya Epikarp Özellikleri***; Renk, dilimli yapı, tekstür, aroma, tüylenme,
- ***Mezokarp özellikleri***; Renk, tat, tekstür ve aroma
- ***Plasenta ve tohumlar***; Plasenta sayısı, renk, plasentanın birleşme durumu, tohum etrafındaki kılıf, tohum büyüklüğü, tohum rengi ve tohum şekli
- ***Meyve Gelişimi ve depolanması***; meyve olgunlaşması tozlaşmadan olgunluğa kadar 30 günden az ya da 60 günden fazla sürebilir. Depolama durumu oda koşullarında birkaç haftadan birkaç aya kadar değişebilir.

Pitrat (2017), monogenik veya birden çok gen ile (kantitatif) kontrol edilebilen, yukarıda tarif ettiği özelliklerin bir veya birkaçının değişik kombinasyonuna dayanarak doğal bir fenotipik sınıflandırma gerçekleştirmiştir. Sınıflandırma için kullanılan özelliklerin çoğunun bağımsız olduğunu ve kombinasyon sayısının neredeyse sınırsız olduğunu belirtmiştir. **Çizelge 1.2.**'de kültürü yapılan kavunun alt grupları görülmektedir.

Çizelge 1.2. Bahçe yetiştiriciliği açısından kültürü yapılan kavun grupları ve bu gruplara ait alt gruplar

Gruplar	Alt Gruplar
Agrestis grubu	-
Kachri grubu	-
Chito grubu	-
Tibish grubu	-
Adiculus grubu	-
Momordica grubu	-
Conomon grubu	-
Mukawa grubu	Ogon, Nashi-uri, Yuki, Kanro, Ginmakuwa, Seikan alt grupları
Chinensis grubu	-
Flexuosus grubu	Adjor, Tara ve Arya alt grupları
Chate grubu	-
Dudaim grubu	-
Chandalak grubu	Zami, Tachmi, Garma ve Bucharici alt grupları
Indicus grubu	-
Ameri grubu	Ananas, Maculati, Bargi ve Mashhadi alt grupları
Cassaba grubu	Kırkağaç, Hasanbey ve Kuşçular alt grupları
Ibericus grubu	Piel de Sapo, Amarillo, Tendral, Rochet ve Branco alt grupları
Inodorus grubu	Honeydew ve Earl's alt grupları
Cantalupensis grubu	Prescott, Saccharinus, Charentais, Ogen, American Western, American Eastern alt grupları

Pitrat (2017) yapmış olduğu sınıflandırmaya göre çizelge oluşturulmuştur.

Çalışmasının sonunda Pitrat (2017) meyve karakterlilerine dayanan sınıflandırmasında kültür kavunları 19 gruba (**Çizelge 1.2.)** ayırmıştır. Fakat kavunun halen yabani formları ile gen alışverişi içinde oluşu ve meyve açısından yüksek düzeyde morfolojik çeşitliliğe sahip olması sebebiyle oluşan bazı ara formların bu sınıflandırmada tam olarak çizelgeye yerleştirilemeyeceğini de ifade etmiştir. Bu durum, kavunun dinamik genom yapısına sahip olmasından ve yeni melezlemeler sonucunda birçok ara form üretilmesinden kaynaklanmaktadır.

1.3. Kavunda Hastalık Dayanıklılığın Kaynağı

Kavun (*C. melo* L.) yetiştiriciliği sırasında birçok hastalık ve zararlı görülebilmektedir. Bu hastalıkların göreceli olarak önemleri coğrafi bölgelere, kültür tipine (açık alan veya sera yetiştiriciliğine) ve yetiştirme mevsimlerinin iklim koşullarına göre değişmektedir. Kavun tarımında yetiştiricliği sınırlandıran en önemli hasatlıklar; *Fusarium* solgunluğu, külleme ve virüs temelli hasatlıklardır (Pitrat, 2016). Külleme açısından değerlendirilecek olursa; orta derece sıcaklık ve yüksek nem hastalığın gelişmesi için yeterlidir ve açıklanan sebepten dolayı genellikle sera içerisindeki iklim koşulları bu hastalığın ortay çıkışıunı kolaylaştırmaktadır (Kim ve ark., 2013; Hong ve ark., 2018). *Fusarium* solgunluğu açısından bakacak olursak; hastalığı kimyasal ilaç uygulaması ve iyi kültürel uygulamalar yoluyla kontrol etmek zordur çünkü mantar toprakta klamidosporlar olarak hayatta kalır ve ürünlerin kalıntılarında ve kavunla rotasyonla yetiştirilen çoğu ürünün köklerinde kolonize olabilir (Banihashemi ve Dezeeuw, 1975). Kavunda hastalık yapan bu biyotik stres unsurlarına ait sporlar ya da hastalık etmenleri rüzgâr ile veya çeşitli trips ve böcekler ile taşınıp çok kısa sürede geniş alanlara yayılabilmektedir. Yayılma hızının oldukça yüksek olması hastalıklar ile kimyasal mücadelenin zor olmasına sebep olmaktadır. Sürekli olarak pestisit uygulaması üretim maliyetlerini yükseltmektedir (Hussain ve ark., 2016). Hastalık ile en önemli mücadele yöntemimin dayanıklı çeşitler ile yetiştiricilik yapılması konusunda çeşitli araştırmacılar fikir birliğine varmışlardır (Rehman ve ark., 2014). Pestisik kullanımı çoğu kez bu hasatalıklara karşı etkin, ekonomik ve çevreci bir mücadele yöntemi ortaya koyamamaktadır. Diğer bazı mücadele yöntemleri (rotasyon, solarizayon vb.) geniş alanlardaki uygulama yetersizliği de göz önüne alındığında dayanıklı çeşit ıslahı diğer tüm sebze türlerinde olduğu gibi kavun için de ön plana çıkmaktadır.

Son yıllarda tarımı yapılan bitkilerde gözlenen verim artışının çoğunluğu, verim potansiyelinin arttırılmasından ziyade biyotik stres ile daha iyi mücadele, biyotik stres unsurunun daha iyi kontrolü sonucunda meydana geldiği bilinmektedir (De Filippis, 2012). Kavunlarda dayanıklılığı etkileyen mekanizmaların ve genetik kontrollerinin daha iyi anlaşılması ve dayanıklılık genleri ile ilişkili moleküler belirteçlerin tanımlanması, farklı direnç genlerinin belirlenmesi ve piramitlenmesini mümkün kılmaktadıre. Bu durum da daha yüksek düzeyde ve kalıcı olarak dayanıklı genotiplerin geliştirilmesine olumlu katkı yapmaktadır (Pitrat, 2016).

Çizelge 1.3. Kavunda viral hastalıklar ve dayanıklılık kaynakları

Virus	Dayanıklılık kaynağı	Kalıtım modeli	Referans
CMV	Freeman´s Cucumber	Oligogenik resesif	(Karchi, 1975)
	PI 161375	Oligogenik resesif	(Risser, 1977) (Dogimont ve ark., 2000) (Guiu-Aragonés ve ark., 2015)
		Monogenik resesif (*cmv1*)	(Essafi ve ark., 2009)
	Yamatouri	Monogenik dominant (*Creb-2*)	(Grube ve ark., 2000)
WMV	PI 414723	Monogenik dominant (*Wmr*)	(Gilbert ve ark., 1994)
	PI 482420	Monogenik resesif (*wmr-2*)	(Diaz-Pendon ve ark., 2005)
ZYMV	PI 414723	Monogenik dominant (*Zym*)	(Pitrat ve Lecoq, 1984)
		Oligogenik dominant (*Zym-1*, *Zym-2*, *Zym-3*)	(Danin-Poleg ve ark., 1997)
PRSV	PI 180280	Monogenik dominant (Prv^1)	(Webb, 1979)
	PI 180283	Monogenik dominant (Prv^2)	(Kaan, 1973)
	PI 124112	Monogenik dominant (*Prv-2*)	(McCreight ve Fashing-Burdette, 1996)
CABYV	PI 124112	Oligogenik resesif (*cab-1* ve *cab-2*)	(Dogimont ve ark., 1997)
BPYV	Nagata Kin Makuwa	Mononogenik kısmi dominant (My)	(Esteva ve Nuez, 1992)
	PI 161375	Mononogenik kısmi resesif	(Esteva ve Nuez, 1992)
CYSDV	PI 482420 (TGR 1551)	Monogenik dominant (*Cys*)	(López-Sesé ve Gómez-Guillamón, 2000)
	PI 313970	Monogenik resesif (*cys-2*)	(McCreight ve Wintermantel, 2011)
LIYV	PI 313970	Monogenik dominant (*Liy*)	(McCreight, 2000)
CuLCrV	PI 313970	Monogenik resesif (*culcrv*)	(McCreight ve ark., 2008)
CVYV	PI 164323	Monogenik dominant ($Cvy\text{-}1^1$)	(Pitrat ve ark., 2012)
	HSD 2458	Monogenik resesif (*cvy-2*)	(Pitrat ve ark., 2012)
SqMV	China 51	Monogenik resesif (*sqmv*)	(Provvidenti, 1998)
MNSV	Gulfstream, Planters Jumbo	Monogenik resesif (nsv)	(Coudriet ve ark., 1981)
	Doublon	Oligogenik dominant (*Mnr-1* ve *Mnr-2*)	(Mallor Giménez ve ark., 2003)
CGMMV	Chang Bougi	Oligogenik resesif (*cgmmv-1* ve *cgmmv-2*)	(Sugiyama ve ark., 2007)

(Pitrat, 2016)

Bitki kayıplarının değerlendirilmesi karmaşık olsa da, küresel ölçekte bitki üretiminin yaklaşık %4'ünün patojenik bitki virüsleri nedeniyle kaybedildiği tahmin edilmektedir (Popp ve Hantos, 2011). Viral hastalıkları önlemek için, bitkiler çeşitli direnç mekanizmaları geliştirmiştir. Resesif direnç/dayanıklılık genellikle virüsün bulaşıç döngüsünün belirli bir basamağını tamamlamak için ihtiyaç duyduğu bitki genlerinden birinde meydana gelen

mutasyon (lar) ile ilişkilidir (Caranta ve Dogimont, 2008). Dominant direnç/dayanıklılık, çoğunlukla 'gen' karşı gen' etkileşimleri yoluyla virüsün avirülens faktörlerini tanıyan nükleotid bağlayıcı lösin açısından zengin tekrar (NLR) proteinlerini kodlayan genlerle ilişkilidir (Boualem ve ark., 2016). Avirülens faktörleri tanındıktan sonra programlı olarak hücre ölümü başlatılır. NLR genleri genellikle tek bir virüs türüyle sınırlı dar bir direnç spektrumunu bitkiye kazandırır (Schoeny ve ark., 2017). Oligogenik dayanıklılık bağımsız şekilde kalıtım/dağılımı gösteren ve birkaç gen (genlerin ifadelerinin büyük etkileri vardır) tarafından yönetilen özelliklerdir (Agrama ve ark., 2007). Kavun üzerinde hastalığa sebep olan 50'den fazla virüs tespit edilmiş olup, direnç/dayanıklılığı ise sadece bazıları için tanımlanmıştır (Çizelge 1.3.).

MNSV dışında diğer virüslere karşı dayanıklılık genleri çok az sayıda aksesyonda bulunmuştur. Bulunan dayanıklılık kaynaklarının çoğu Hindistan'dan kökenli momordica ve acidulus gruplarına ve Doğu Asya'dan kökenli conomon, makuwa ve chinensis gruplarına aittir.

Birçok oomiset ve mantar türü, farklı büyüme koşullarında kavun patojenleri olarak tanımlanmış olup, direnç/dayanıklılığı ise sadece bazıları için tanımlanmıştır (Çizelge 1.4.).

Çizelge 1.4. Kavunda oomiset ve mantar kaynaklı hastalıklar ve dayanıklılık kaynakları

Oomiset/mantar	**Dayanıklılık kaynağı**	**Kalıtım modeli**	**Referans**
Fusarium solgunluğu	Doublon	Monogenik dominant (*Fom-1*)	(Risser, 1973)
	CM 17187	Monogenik dominant (*Fom-2*)	(Risser, 1973)
	Perlita FR	Monogenik dominant (*Fom-3*)	(Zink, 1985)
	Tortuga	Monogenik resesif (*fom-4*)	(Oumouloud ve ark., 2010)
	BIZ	Oligogenik resesif (*fom 1.2a* ve *fom 1.2b*)	(Herman ve Perl-Treves, 2007)
	Ogon 9	Oligogenik resesif	(Perchepied ve Pitrat, 2004)
	BG-5384	Oligogenik resesif	(Chikh-Rouhou ve ark., 2011)
Yalancı külleme	PI 124111, MR-1	Oligogenik dominant (*Pc-1* ve *Pc-2*)	(Thomas, 1988)
		Oligogenik resesif	(Epinat ve Pitrat, 1994b) (Epinat ve Pitrat, 1994a)
	PI 414723	Monogenik dominant (*Pc-3*)	(Pitrat, 1998)
	PI 124112	Oligogenik dominant (*Pc-4* ve *Pc-1*/ *Pc-2*)	(Kenigsbuch ve Cohen, 1992)
		Oligogenik resesif	(Perchepied ve ark., 2005)
	Hat 5-4-2-1	Oligogenik (*Pc-5, M-Pc-5*)	(Angelov ve Krasteva,

			2000)
Külleme	PMR 45	Monogenik dominant (*Pm-1*)	(Jagger ve ark., 1938)
	PMR 5	Oligogenik dominant (*Pm-1*, *Pm-2* ve *Pm-E*)	(Bohn ve Whitaker, 1964) (Epinat ve ark., 1992)
	AR 5	Oligogenik dominant	(Fukino ve ark., 2008)
	PI 124111	Oligogenik dominant (*Pm-3* ve *Pm-6*)	(Kenigsbuch, 1989)
	PI 124112	Oligogenik dominant (*Pm-4, Pm-5, Pm-F, Pm-G, PmV.1, PmXII.1*)	(Perchepied ve ark., 2005)
	PI 414723	Oligogenik dominant (*Pm-7, Pm-x*)	(Anagnostou ve ark., 2000)
	PI 134198	Monogenik dominant (*Pm-8*)	(Liu ve ark., 2010)
	Nantais oblong	Monogenik dominant (*Pm-H*)	(Epinat ve ark., 1992)
	PI 482420	Monogenik dominant (*Pm-R1-2*), Monogenik dominant (*Pm-R5*)	(Yuste-Lisbona ve ark., 2011a)
	PI 313970	Oligogenik dominant ve resesif (*pm-s, Pm-z, A, B, c, d, e*)	(McCreight ve Coffey, 2011)
	WMR 29	Monogenik dominant (*Pm-w*)	(Epinat ve ark., 1992)
	VA 435	Monogenik dominant (*Pm-y*)	(Pitrat, 1991)
Alternaria	MR-1	Monogenik dominant (*Ac*)	(Thomas ve ark., 1990)
Gummy stem blight	PI 140471	Monogenik dominant (*Gsb-1*)	(Prasad ve Norton, 1967)
	PI 157082	Monogenik dominant (*Gsb-2*)	(Zuniga ve ark., 1999)
	PI 511890	Monogenik dominant (*Gsb-3*)	(Zuniga ve ark., 1999)
	PI 482398	Monogenik dominant (*Gsb-4*)	(Frantz ve Jahn, 2004)
	PI 482399	Monogenik resesif (*gsb-5*)	(Frantz ve Jahn, 2004)
	Hat C1 ve C8	Monogenik dominant (*Gsb-6*)	(Prasad ve Norton, 1967)
	PI 420145	Monogenik dominant (*Gsb-7*)	(Wolukau ve ark., 2007)

(Pitrat, 2016)

1.4. Türkiye'de ve Dünya'da Kavun Üretimi

Cucurbitaceae familyasının en önemli üyeleri ve dünya çapında büyük üretim alanlarına ve ekonomik öneme sahip olan türleri sırasıyla hıyar, kavun, karpuz ve kabak ve kabakgil türevleridir (Çizelge 1.5.). Familyanın bu önemli üyeleri dünya üzerinde çeşitli sayıda ülkede üretilmekte ve bunların yüzde olarak değerleri Çizelge 1.5.'te sunulmaktadır. Çizelge 1.5. incelendiğinde, kabakgiller üyelerinin ekonomik önemi üretim yapan ülkelerin yüzde olarak incelenmesi sonucunda açık bir şekilde görülmektedir. Ekonomik öneme sahip olan bu türler dünya üzerindeki tüm ülkelerin en az yarısı tarafından üretilmektedir.

Çizelge1.5. Dünya üzerinde üretimi yapılan önemli kabakgiller ve üretim yapan ülke sayısı

Kültürü yapılan Bitki	**Türü**	**Üretim yapan ülke sayısı**
Hıyar	*Cucumis sativus*	140 (%71)
Kavun	*Cucumis melo*	99 (% 51)
Kabak ve çeşitleri	*Cucurbita* ssp.	121 (% 62)
Karpuz	*Citrullus lanatus*	121 (% 62)

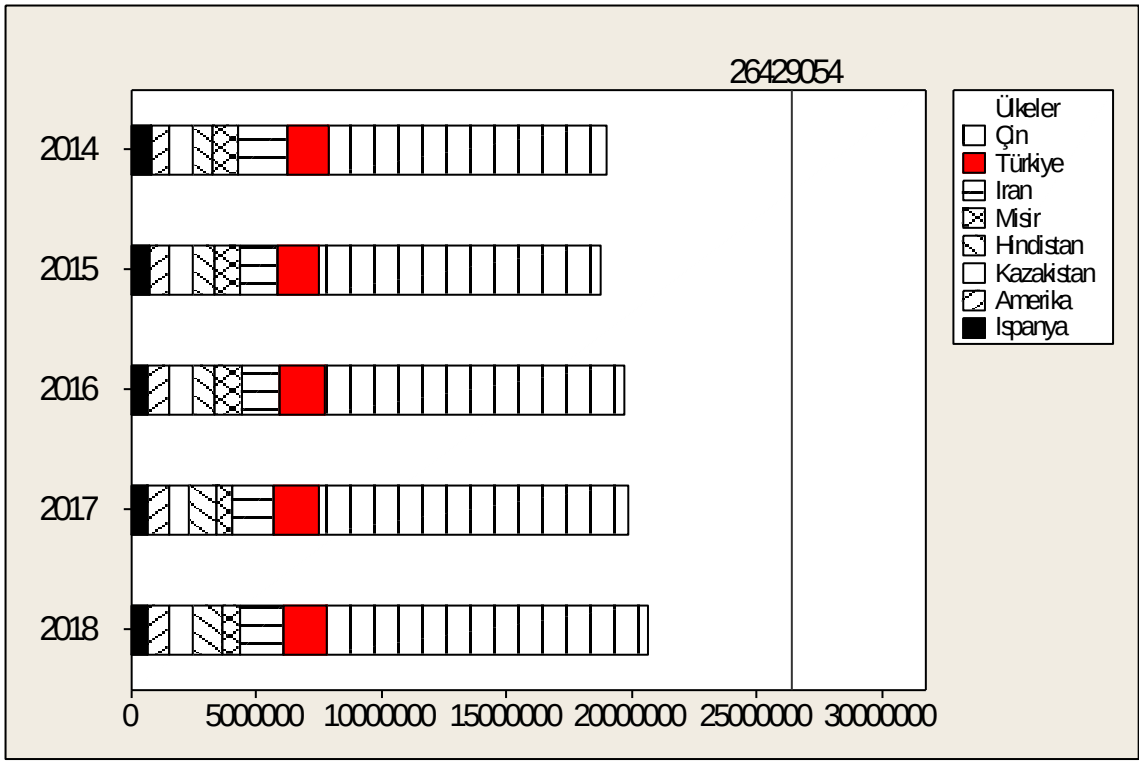
FAO. 2020. FAOSTAT. http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC (Erişim 13.02.2020) (Dünya üzerindeki toplam ülke sayısı = 196)

Çizelge 1.5.'te görüldüğü gibi *Cucurbitaceae* familyası üyelerinden kavun familyanın diğer üyelerinde olduğu gibi yüksek ekonomik öneme sahiptir. Farklı toprak türlerine ve iklimlere uyum sağlama kapasitesi nedeniyle dünyanın çeşitli yerlerinde (Dünya üzerinde bulunan toplam ülke sayısının yarısından fazlasında = 99 farklı ülkede) yetiştirilmektedir.

Kavunun olgun meyveleri taze olarak tüketilmelerinin yanında; reçel, pasta, dondurma, meyve suyu, meyveli yoğurt, meyve salatası, çorba yapımı ve parfümeride değişik şekillerde değerlendirilebilmektedir. Protein içeriği çok fazla olmamakla birlikte, beslenmedeki önemi daha çok şekerler, vitaminler ve mineral maddelerce zengin olmasından kaynaklanmaktadır. Dolayısı ile sağlıklı beslenmede çok önemli bir yere sahiptir.

Ekonomik önemi uluslararası anlamda oldukça yüksek olan kavun üretiminin Türkiye tarımında da yeri ve önemi büyüktür. Türkiye'de kavun tarımı genellikle açık arazide ya da alçak tünellerde yetiştirilmektedir. Fakat açıkta yetiştiriciliğin elverişli olmadığı durumlarda Adana, Mersin ve Antalya gibi seracılığın oldukça gelişmiş olduğu bölgelerde pazarda erkenciliği sağlamak ve yüksek oranda kar etmek adına seralarda askıda yetiştiriciliği de yapılmaktadır (Yarşi ve Sarı, 2006). Bölgelere göre yapılan inceleme sonucunda en fazla kavun %41 ile İç Anadolu Bölgesi'nde ve İç Anadolu Bölgesini üretim açısından sırasıyla Ege Bölgesi (%27), Güneydoğu Anadolu Bölgesi (%15), Akdeniz Bölgesi (%7), Marmara Bölgesi (%5), Doğu Anadolu Bölgesi (%4) ve Karadeniz Bölgesi (%1) izlemektedir (Ünlü, 2012). Kavun üretimi açısından Türkiye'de 4 sırada yer alan Manisa iline ait coğrafi işaretli kavun türü (Kırkağaç) de bulunmaktadır. Türkiye Dünya üzerinde büyük kavun üreticisi ülkeler arasında önemli bir yere sahiptir (Afrika, Avrupa ve Okyanusya gibi kıtaların toplam üretimine eşit ve ya daha fazla üretim gerçekleştirmektedir). Büyük kavun üretici ve ilk 8 sırada yer alan ülkeler sıralandığında Türkiye bu listede yıllar boyunca Çin'in arkasından ikinci sırada yer almıştır. Dünya'da birçok sebze türünde olduğu gibi kavun üretiminde de ilk sırada Çin yer almaktadır. Söz konusu kavun üretimi olduğunda Türkiye bu sıralamada yerini

almış ve bu yeri istikrarla yıllarca korumuş büyük bir kavun üreticisi ülke konumundadır. Bunun diğer bir göstergesi de Afrika, Avrupa ve Okyanusya gibi kıtaların toplam üretimine eşit ya da daha fazla üretim gerçekleştirmesinden kaynaklanmaktadır. Türkiye'nin 2014-2018 yılları arasında ortalama kavun üretim miktarı 1.769.728 tondur (Şekil 1.1.). 2019 yılı üretimi de TÜİK verilerine göre 1.777.059 tondur.



Şekil 1.1. Büyük kavun üreticileri ve yıllara göre üretim miktarları

Büyük kavun üreticisi ülkeler Çin, Türkiye, İran, Mısır, Hindistan, Kazakistan, Amerika ve son olarak İspanya'dır. En büyük üretici olan Çin 2014-2018 yılları arasında ortalama 11.897.329 ton kavun üretmiştir. Aynı yıllar arasında Dünya kavun üretimi ortalaması şekil 1'de görüldüğü üzere 26.429.054 tondur. Çin ve dolayısıyla Aysa kıtası Dünya kavun üretiminin yarından fazlasını üstlenmektedir.

Kırgızistan kavun üretimi miktarları hakkında FAO ve diğer istatistik veri tabanlarında henüz veri bulunmamaktadır. Yapılan kavun üretimi genellikle yerel çeşitlerin yanında yaygın olarak Çin ve Rusya kaynaklı F1 hibrit çeşitlerle devam ettirilmektedir. F1 hibrit çeşitlere dayalı üretim gün geçtikçe Kırgızistan yerel kaynaklarının kullanım oranının azalmasına sebep olmaktadır. Ancak genel olarak Kırgızistan yerel kavun gen kaynaklarının korunduğunu söylemek mümkündür.

1.5. Kırgızistan ve Türkiye Açısından Kavunun Genetik Çeşitliliği ve Önemi

Tarımsal üretim insanlık tarihi kadar eskilere dayanmaktadır. Bu süreç içerisinde özellikle geçtiğimiz yüzyılda bitkisel çeşitliliğin 4'te 3'ünün kaybolduğu tahmin edilmektedir. Özellikle tarımsal öneme sahip bitkilerde modern çeşitlerin yaygınlaşması ile genetik erozyon %95 seviyelerine kadar ulaşmıştır. Günümüzde agro-ekosistemlerin devamlılığı bitkisel ve hayvansal genetik kaynakların varlığı ve devamlılığı ile sağlanmaktadır. Agro-ekosistemlerin devamlılığı ve insanların ihtiyaçları için bitkisel gen kaynakları ham madde kaynağı sağlamaktadır. Bitkisel gen kaynaklarının kaybı stres koşullarına karşı hassasiyeti arttırmaktadır (Clawson, 1985; Pasam ve ark., 2014).

Tüm bitki türlerinde olduğu gibi kavunda da değişen talepler doğrultusunda yeni ıslah programları geliştirilme zorunluluğu vardır. Bu programlar sayesinde bir taraftan üretici ve tüketici taleplerine uygun yeni çeşitler ortaya çıkarken, diğer taraftan bu üstün çeşitlerle rekabet şansı düşük olan yerel gen kaynakları yok olabilmektedirler. Ancak, bu gen kaynakları özelde adı geçen türün devamlılığı genelde Dünyada yaşamının garantisi olarak görülmektedir. Bu açıdan yerel gen kaynakları usulüne uygun olarak derlenmeli, kayıt ve koruma altına alınmalıdır.

Ticari olarak geliştirilmemiş genetik kaynaklar dünyanın birçok yerinde doğal olarak bulunabilir ve yayılış gösterebilmektedir. Bu tür çeşitler, modern ticari çeşitlere kıyasla yüksek verimden sahip olmamakla birlikte gelecekteki ıslah amaçları için kullanılma potansiyeline sahiptirler. Bahçe bitkileri açısındandın artan nüfus ile birlikte üretim talebi arttığı için, endüstriyel üretkenliğin artması daha önce de bahsedildiği gibi genetik kaynakların doğru kullanımına ve bu kaynakları sürdüren çeşitliliğe bağlıdır (Weinberger ve Lumpkin, 2005). Bitki gen kaynakları olarak da adlandırılan bu çeşitliliğin sürdürülmesi ve ıslah programlarına etkin bir biçimde dahil edilmesi mevcut kaynakların cins ve tür özellikleri ile birlikte genetik ve agronomik özelliklerin sistematik biçimde belirlenmesine, belirlenen bu özelliklerin kayıtlarının ayrıntılı bir biçimde oluşturulmasına ve materyallerdeki değişimlerin takip edilmesine bağlıdır (Dal ve ark., 2017).

Yerel popülasyonların ve genetik çeşitliliğin gen merkezleri ya da gen merkezlerine yakın bölgelerde bulunmalarının ihtimali oldukça yüksektir. Türkiye, Anadolu'dan Japonya'ya kadar uzanan flora içerisinde genetik kaynakları ile önemli bir bitki olan kavunun ikincil gen merkezleri arasında yer almaktadır (Pitrat ve ark., 1999). Kırgızistan'ın da kavunun gen merkezlerinden biri olarak görülen Asya'nın güney kısımları ile doğrudan ilişki içerisinde

olmasa da Türkiye örneğinde olduğu gibi ikincil gen merkezi olabileceği ihtimalini ortaya çıkarmaktadır. Hindistan ve Çin gibi iki büyük gen merkezine yakın olması bu çeşitliliğin bir yansımasının bu bölgede bulunma ihtimalini arttırmaktadır.

Gen merkezlerinde yapılacak olan moleküler ve morfolojik tanımlamalar halihazırda ya da ilerleyen dönemlerde ihtiyaç duyulan/duyulabilecek olan karakterlerin ortaya çıkarılmasında ve ıslah programlarının başlatılmasında öncülük edecektir. Islah çalışmalarında başlangıç materyalinin seçilmesi oldukça önemlidir. Geniş genetik çeşitlilik, muhteviyatı tanımlanmış yerel popülasyonlar ıslahı kolaylaştıracak ve amacına uygun yön verilmesini sağlayacaktır.

Büyük miktarlardaki kavun üretimi beraberinde çeşitli sorunları getirmektedir. Özellikle bu sorunların başında üretim alanlarını etkileyen hastalık etmenleri büyük miktarlarda verim kayıplarına neden olmaktadır. Kavun üretim alanlarında ciddi verim kayıplarına sebep olan fungal hastalıklar sırasıyla; kavun solgunluk hastalığı (*Fusarium oxysporum)*, kavun fusarium solgunluk hastalığı, Hıyar mozaik virüsü, Kavun nekrotik spot virüsü, Papaya ringspot virüsü'dir. Hem örtü altı yetiştiriciliğinde hem de açıkta yetiştiricilikte özellikle külleme hastalığı başta olmak üzere viral ve bakteriyal kaynaklı hastalıklar bitki büyümesini ciddi şekilde azaltma, erken yaprak dökümü ve sonuç olarak verim üzerindeki olumsuz etkileri ile kendini göstermektedir. Kabakgillerde ciddi zarara sebep olan külleme hastalığı ele alındığında; hastalığın kontrol altına alınması için kültürel, kimyasal ve biyolojik kontrol uygulamaları da dahil olmak üzere çeşitli uygulamaların bir arada kullanıldığı entegre bir yaklaşım düşünülmelidir (Zhang ve ark., 2016). Bu gibi uygulamalardan kimyasal mücadele şu anda kavunda çeşitli hastalıkları kontrol etmek için uygulanan ana yöntem olmakla birlikte bu strateji zaman alıcı ve yoğun emek gerektirir. Dirençli çeşitlerin geliştirilmesi kimyasal uygulamadan daha etkili, ekonomik ve çevre dostudur (Zhu ve ark., 2018). Bitki genetik kaynaklarındaki çeşitlilik hem bitki yetiştiricileri tarafından kabul gören verim potansiyeli, büyük tohum, kalite gibi özelliklerin hem de ıslahçılar tarafından tercih edilen hastalıklara dayanıklı, yüksek fotosentez kapasitesi gibi özelliklere sahip yeni çeşitler geliştirmek için fırsat sağlar. Germplazmda mevcut olan moleküler genetik varyasyonun kapsamlı olarak çalışılması aynı zamanda ıslahçılar için daha az ön ıslah çalışmalarıyla birlikte daha etkin olarak genetik kaynakları (popülasyon yapısı, allelik zenginliği ve çeşitlilik) kullanmalarına yardımcı olabilecek bilgileri sağlama potansiyeline sahiptir (Govindaraj ve ark., 2015).

1.6 SSR moleküler markörleri

Basit dizi tekrarları (SSR), kısa tandem tekrarları (STR) ve basit dizi uzunluğu polimorfizmleri (SSLP) olarak bilinen mikrosatellitler, prokaryotlarda ve ökaryotlarda bulunur. Özellikle ökaryotların ökromatin bölgesinde ve fonksiyonel gen kodlayan ve kodlamayan nükleer ve organel DNA'da olmak üzere genom boyunca geniş çapta dağılım gösterirler (Phumichai ve ark., 2015). Bu basit dizi tekrarlarının genom boyunca rastgele dağılmadığı hipotezini destekleyecek çok sayıda kanıt bulunmuştur (Vieira ve ark., 2016). Varsayılan durumu destekleyen kanıtlar Temnykh (2001)'nin çeltik ile yaptığı çalışmada ortaya çıkmıştır. Temnykh (2001) çalışmasında mikrosatellitleri uzunluğa göre kategorize etmiş ve ardından da 20 nükleotidden daha uzun kusursuz tekrarlayan mikrosatellitlerin oldukça polimorfik olduğunu fark etmiştir. Ayrıca araştırmacı GC açısından zengin üçlü nükleotid tekrarlarının ~% 80'inin eksonlarda meydana gelirken, AT bakımından zengin üçlü nükleotid tekrarlarının tüm genom (kodlanan dizilerde, okunmayan bölgelerde, intronlar ve genler arası boşluklarda) boyunca dağıldığını belirlemiştir. Dört nükleotid tekrarlarını içeren SSR'lerin çoğunlukla çeltik genomunda kodlanmayan genler arası bölgelerinde konumlandığını ifade etmiştir. Dolayısıyla SSR'lerin genom boyunca sistematik olarak dağıldığı anlaşılmıştır. SSR'lerin gen ifadesini tehlikeye atabilecek yüksek bir mutasyon oranına sahip olması nedeniyle, gen bölgelerinde SSR'lerin oluşumunun daha düşük olduğu ifade edilebilir. Yapılan bazı çalışmalar sonucunda genomun kodlanan bölgelerinde, okuma çerçevesini değiştiren mutasyonlara karşı seleksiyon baskısının bir sonucu olarak, üçlü ve beşli nükleotid tipinde tekrarlara sahip SSR'lerin gen motiflerinde baskın olduğunu görülmüştür (Xu ve ark., 2013).

Genom üzerinde tekrarlanan SSR polimorfizmleri genellikle tüm tekrar birimlerinin (ikili, üçlü, dörtlü vb. nükleotid tekrarı) veya motiflerinin eklenmesinden veya silinmesinden kaynaklanmaktadır. Bu nedenle, farklı bireylerin genomunun sahip olduğu tekrar sayılarındaki farklılıklar bu bireyler arasındaki varyasyonlar olarak ortaya çıkar. Başka bir deyişle, SSR'lerde gözlemlenen polimorfizmler, DNA replikasyonunda polimeraz sırasında meydana gelen hatalardan veya rekombinasyon hatalarının sonucunda oluşur. Eşit olmayan dağılım ve gen dönüşümü gibi rekombinasyon olayları ayrıca SSR dizisi kasılmalarına ve genişlemelerine yol açmakta ve dolayısıyla bireyler arasında polimorfizm oluşmaktadır. SSR'ler, son 20 yılda bitkilerin genotiplendirilmesinde en yaygın kullanılan moleküler markörler olmuştur. Çünkü bilgi üretme potansiyellerinin yüksek olması, kodominant karakterde olmaları, deneysel olarak tekrarlanabilir ve ilgili türler arasında aktarılabilir

olmaları geniş çapta kullanımını sağlamıştır (Mason, 2015). SSR'ler özellikle, yabani türlerde (i) genetik mesafeye bağlı olarak ölçülen çeşitlilik çalışmalarında; (ii) genlerin jenerasyonlar boyunca hareketini ve krossing over oranını tahmin etmede; ve (iii) evrimsel çalışmalarda ve tüm bunların ötesinde genetik ilişkileri belirlemede kullanılmaktadır. Öte yandan, kültür bitkileri için SSR'ler yaygın olarak şu şekilde kullanılmaktadır; (i) bağlantı haritalarının oluşturulması; (ii) kantitatif özelliklere (QTL) sahip lokusların haritalanması; (iii) genotipler arasındaki kinship derecesini tahmin etmede; (iv) markör destekli seleksiyonda kullanılması; ve (v) çeşitlerin DNA parmak izlerinin oluşturulmasında kullanılmaktadır (Jonah ve ark., 2011; Kalia ve ark., 2011).

SSR'ler motife göre şu şekilde sınıflandırılabilir: i) tamamen tek bir motifin tekrarlarından oluşuyorsa mükemmel (perfect); ii) tekrarlar arasında motife ait olmayan bir baz çifti meydana gelirse kusurludur (imperfect); iii) motife birkaç baz çifti dizisi eklenirse bölünmüş (interupted); veya iv) çoklu, bitişik, tekrarlayan motiflerle oluşturulmuşsa kompozit olarak sınıflandırılmaktadır (Mason, 2015).

SSR'lerin 1980'lerde keşfedilmelerinden bu yana genetik belirteçler olarak geniş uygulanabilirliğine rağmen, biyolojik önemi ve fonksiyonları hakkında çok az şey bilinmektedir. İlginç bir şekilde, protein kodlanan bölgelerdeki SSR’lerin genişlemelerinin veya kasılması sonucunda meydana gelen çerçeve kayması mutasyonu veya genişletilmiş toksik mRNA'lar yoluyla genlerin işlev kazanımı veya kaybına yol açabileceğini gösteren önemli veriler bulunmaktadır. 5'-UTR bölgesindeki SSR varyasyonları, transkripsiyon ve translasyonu etkileyerek gen ekspresyonunu düzenleyebilir, buna karşın 3'-UTR bölgesindeki genişlemeler transkripsiyonda kaymaya ve dolayısıyla genişletilmiş mRNA ürününün oluşmasına (splicing mekanizmasını ve diğer hücresel işlevleri bozabilir) sebep olabilir. İntronik bölgelerdeki SSR'ler genlerin transkripsiyonunu, mRNA splicing mekanizmasını veya mRNA’ların sitoplazmaya aktarımı etkileyebilir. UTR bölgelerinde veya intronlarda bulunan üçlü SSR dizileri ayrıca heterokromatin aracılığıyla gerçekleşen gen susturulmasına (işlev kaybı) neden olabilir. Tüm bu etkiler ve değişiklikler nihayetinde fenotipik değişikliklere yol açabilmektedir (Li ve ark., 2004; Nalavade ve ark., 2013). Promotor bölgelerde yer alan tekrar dizilerinin genişlemesi veya daralmasının gen ekspresyonunu düzenlemesinde meydana gelecek olası değişikliklere karşı savunmasız hale getirebilir. Genler arasındaki bölgelerde yer alan ardışık tekrarlar, döngüler oluşturma yoluyla kromatini değiştirerek DNA'nın ikincil yapısında değişikliklere neden olabilir, bu da dolaylı olarak yakındaki genlerin ifadesinde değişiklikler olma ihtimalini arttırmaktadır (Gao ve ark., 2013).

Tüm bu özellikleri göz önüne alınarak SSR markörleri üretildikten sonra genotipleme işlemlerine dahil edilmektedir. Nispeten kolay ve düşük maliyetli bir prosedürdür. Belirli bir SSR lokusunun alellerin varyantları, moleküler genetik laboratuvarlarında rutin olarak kullanılan yöntemler olan agaroz jel elektroforezi veya poliakrilamid jel elektroforezi (PAGE) ile belirlenmektedir. PAGE genotiplemesi daha fazla emek gerektirmesine karşın daha iyi çözünürlük sağlar. Bu çözünürlük tek bir baz çifti de dahil olmak üzere polimorfizmlerin tanımlanmasına olanak sağlamaktadır (Penha ve ark., 2013; Mason, 2015)

Mevcut popülasyonların ya da genotiplerin genetik çeşitliliğinin ve morfolojik özelliklerinin karakterize edilmesi başlangıç materyalinin seçiminde ıslahçılara büyük kolaylıklar getirmekle birlikte ıslah programına doğru yön vermesini sağlamaktadır. Mevcut popülasyonlarda yapılacak olan taramalar yeni karakterlerin ve dayanıklılık mekanizmalarının ortaya çıkarılmasını sağlayacaktır. Solmaz ve ark. (2016b)'nın yaptığı kavunda morfolojik taramalarda *Podosphaera xanthii* 3. Irkına dayanıklılık sağlayan yeni bir genotip tespit etmiş olabileceklerini bildirmiştir.

Kırgızistan'da mevcut olan kavun genetik kaynaklarının toplanması, morfolojik ve SSR yöntemi kullanılarak moleküler karakterizasyonun gerçekleştirilerek Anadolu kökenli genetik kaynaklar ile genetik ilişkilerini ortaya koymaktır. Kırgızistan genetik çeşitlilik açısından Orta Asya coğrafyası (Hindistan gibi kavun farklılaşma merkezi) yakın bir bölge olduğu için elde edilecek sonuçların oldukça değerli olacağı öngörülmektedir. Çin ve Rusya kökenli F1 hibrit kavun çeşitlerinin Kırgızistan kavun yetiştiriliciliğinde kullanılmış olmasına karşın genetik kirlenmenin az olduğu ve bölgede yetiştirilen yerel popülasyonların değerli olacağı öngörülmektedir. Dolayısıyla mevcut genetik potansiyelin SSR markör sistemiyle ortaya konularak Kırgızistan yerel kavun gen kaynaklarının uluslararası arenada bir başka yerel koleksiyon ile kıyaslanması ve kısmen uluslararası statüsünün belirlenmesi sağlanacaktır. Anadolu ve Kırgızistan kökenli oluşturulacak olan koleksiyon üzerinde yapılacak olan moleküler ve morfolojik özelliklerin incelenmesi, Solmaz ve ark. (2016b)'ında olduğu gibi yeni dayanıklılık içeren kaynakları ortaya çıkarma ihtimali olduğu gibi mevcut popülasyondaki morfolojik karakterleri ve diğer agronomik özellikler açısından üstün olan genotiplerin belirlenmesi ve bu genotipler ile yapılacak olan ıslah çalışmalarında başlatıcı ve öncü bir çalışma olacaktır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Yeni ve dayanıklı çeşitlerin geliştirilebilmesi için mevcut genetik materyalin agronomik ve moleküler potansiyelinin tam olarak ortaya konulması gerekmektedir. Global olarak, germplazmların % 80'inin moleküler karakterizasyon verisi olmadığı ve yine bu germplazmların % 95'inin agronomik değerlendirme verisi olmadığı tahmin edilmektedir (Xu, 2010). Bahsedilen veriler olmadan koleksiyonların saklanması ve korunmasının bir anlamı olmayacak ve pratik uygulamalara katkısı oldukça düşük olacaktır. Dolayısıyla bu açıdan yapılacak olan çalışmalar ıslahçılar ve Dünya germplazmlarına katkı sağlaması sebebiyle ayrı öneme sahip olacaktır.

Bahçe bitkileri yetiştiriciliği açısından kavunun sınıflandırıldığı gruplar ve alt gruplar yukarıda kavunun morfolojik ve moleküler çeşitliliği bölümünde açıklanmıştır. Dolaysısıyla morfolojik karakterizasyon çalışmaları bu açıklanan ve bahçe yetiştiriciliği yapılan grupların herhangin birisinde bağımsız olarak veya birden fazla grubu içerecek şekilde gerçekleştirilebilir.

Sari ve Solmaz (2007) 2004 yaz ve sonbahar mevsiminde değerli kavun genetik kaynaklarına sahip olan Ege, Orta Anadolu, Akdeniz, Marmara-Trakya ve Güneydoğu Anadolu Bölgesinden 64 adet kavun aksesyonunu toplamışlardır. Toplanan bu aksesyonların morfolojik karakterizasyonu bazı meyve karakterleri (uzunluk, çap, boyuna bölümün şekli, olgun meyve zemin rengi, meyve kabuk ikincil renkleri, pistil açıklığının büyüklüğü, oluklar, yüzey ve ağ oluşturma) baz alınarak yapılmıştır. Genotipler aralarındaki ilişkilerine göre farklı gruplara ayrılmıştır. Yapılan kümeleme analizi, genotiplerin dört grupta toplandığını ortaya koymuştur. Ayrıca bu gruplardaki genotiplerin arasında da bazı varyasyonlar gözlenmiştir.

Liu ve ark. (2004) 72 aksesyonda fenotipik çeşitliliğin analizi ve raf ömrünü belirlemek için içerisindeki raf ömrü ile ilgili özelliklerin de yer aldığı 35 morfolojik ve fizyolojik karakteri gözlemlemişlerdir. Yapılan temel bileşen analizi sonucunda bitki ve meyvenin gelişme süresi, tohum ve meyvenin büyüklüğü, raf ömrü, gövde kıl oluşumu, meyve etindeki su oranı, ağsı yapı, pedinkülün çıkarılması, epidermisin olgunlukta hızlı sararması, brix değeri ve meyve et ve epidermisinin rengi gibi özelliklerin çalışmada incelenen kavun aksesyonlarını ayırt etmek için başlıca karakterler olduğunu belirlemişlerdir. Analiz sonucunda ortaya çıkan dağılıma göre, Asya kökenli olan Acidulous ve Makuwa grubuna ait kavunların kısa büyüme süreleri, küçük tohumlar, ince perikarp ve kısa raf ömrü nedeniyle yakından ilişkili olduğu buna karşın; Amerikan kökenli reticulatuslar ve Avrupa

kökenli *cantalupensis* ler turuncu etli klimakterik meyveler ve olgunlukta epidermisin hızlı sararması nedeniyle oldukça yakından ilişkili olduğu görülmüştür. Çalışmanın nihayetinde raf ömrü iyi olan aksesyonların çoğunlukla *sakarinus* ve *inodorus* grubu içerisinde olduğunu tespit etmişlerdir.

Benzer bir çalışmada Escribano ve Lázaro (2009); İspanya'nın tarihsel olarak kavun yetiştiriciliğinde önemli yere sahip Madrilean bölgesine ait 14 yerel kavun genotipini 54 adet kalitatif ve kantitatif özellik kullanarak agro-morfolojik açıdan karakterizasyonunu gerçekleştirmişlerdir. Morfolojik özellikleri belirlerken özellikle İspanyada yetiştiriciliği yapılan kavun genotiplerinin tipik özelliklerini yansıtan karakterleri referans olarak belirlemiş ve seçmişlerdir. Bitki, meyve, tohum ve fenolojik özellikleri kapsayan bu morfolojik özellikleri ile ilgili olarak alınan veriler çok değişkenli çözümleme analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda Villaconejos bölgesinden toplanangenotiplerin morfolojik olarak referans özellikleri belirlemede kullanılan aksesyonlardan oldukça farklı olduğu görülmüştür. Sadece Piel de Sapo çeşidi ile yüksek benzerlik gösteren yerel popülasyonlar belirlenen bu referans özelliklerlerle ile ortak morfolojik yakınlıklar göstermiştir. Çalışma sonucunda, dünya çapında gelecekteki ıslah programları açısından *inodorus* grubunun genetik tabanını zenginleştirmek için bu aksesyonların korunması gerektiğini önermişlerdir.

Szamosi ve ark. (2010) Macaristan ve Türkiye kökenli kavun koleksiyonlarının (tipik yerel popülasyonlar ve çeşitli kaynaklardan toplanan aksesyonlar da dahil olmak üzere) morfolojik özelliklerini karşılaştırmak için toplam 58 gentoipi incelemişlerdir. Çalışma kapsamındaki kavun genotipleri; özellikle varyasyon olduğu düşünülen ve belirli bölgeleri temsil eden Macaristan ve Türkiye aksesyonlarını içermektedir. Morfolojik karakterizasyon için modifiye UPOV tanımlayıcı listesinden 70 adet kalitatif karakter seçilmiştir. Kalitatif karakterler ile birlikte 17 adet kantitatif karakter (3 fide, 3 yaprak, 2 çiçek, 9 meyve özelliği) de çalışma kapsamında ölçülmüştür. Çalışma sonuçları hem Macaristan hem de Türkiye koleksiyonuna dahil kavun genetik kaynaklarının morfolojik özellikler açısından geniş bir çeşitliğe sahip olduğunu göstermiştir. Ayrıca çalışma sonuçları, gerçekleştirilecek ıslah programları için değerli aksesyonları seçme konusunda önemli bulgular sağlamıştır. Değerlendirilen kalitatif ve kantitatif özellikler açısından her iki ülkenin aksesyonlarının oldukça farklı olduğu görülmüştür. Ancak, Inodorus grubunun çok değişkenli analiz sonucunda her iki ülke aksesyonlarının birbirine bezediği saptanmıştır.

Ali-Shtayeh ve ark. (2017) Filistin bölgesine ait toplam 50 kavun aksesyonu içeren *flexuosus* grubuna ait koleksiyonu 17 adet morfolojik karakteri kullanarak karakterizasyonunu gerçekleştirmiştir. Değerlendirilen aksesyonlar *C. melo* var. *flexuosus* grubunun 4 önemli

yerel popülasyonuna ait üyeler olup sırasıyla; Yeşil Baladi, beyaz Baladi, Yeşil Sahouri ve Beyaz Sahouri olarak isimlendirmişlerdir. Popülasyonlar arasındaki ilişkileri belirlemek ve bu karakterlerden çeşitlerin tanımlanmasında faydalanmak için PCA ve kümeleme analizi yapılmıştır. Temel bileşen analizi, bu çalışmada incelenen kavun genotiplerini ayırt etmek için meyve rengi, meyve yüzeyindeki birincil renklenme ve meyve yüzeyinde ikincil renklenme, meyve eti renginin temel karakterler olduğunu ortaya koymuştur. Temel bileşenler analizindeki dağılım şemasına ve kümeleme analizi sonucu oluşan dendrograma göre *C. melo* var. *flexuosus*: Yeşil Baladi, Beyaz Baladi, Yeşil Sahouri ve Beyaz Sahouri olarak farklı kümeler oluşturmuştur. Çalışma sonucunda Baladi ve Sahouri yerel popülasyonlarının birbirinde oldukça farklı olduğu ve en yüksek benzerliğin de Beyaz Baladi genotipleri içerisinde tespit edildiğini belirtmişlerdir.

Bir başka Orta Doğu ülkesi olan İran'dan Soltani ve ark. (2010) *flexuosus* ve *dudaim* gruplarına dahil yerel kavun genotipleri arasındaki çeşitliliği, morfolojik ve fizyolojik özellikleri inceleyerek belirlemeye çalışmışlardır. İncelenen 31 adet morfolojik ve fizyolojik özellik toplanan yerel popülasyonlar arasında önemli farklılıklar göstermiştir. Bazı *flexuosus* aksesyonları, meyve şeklinin uzun, meyve renginin açık, meyve yüzeyin ağsı yapılar ve meyve etinin tatlı olmaması gibi tipik morfolojik karakterler sergilemiştir. Morfolojik ve fizyolojik karakterlere ait kümeleme analizi İran yerel kavun aksesyonlarını yedi gruba ayırmıştır. Bu yedi grup içerisinde *dudaim* grubu yerel popülasyonlar net bir şekilde *flexuosus* grubundan ayrılmıştır.

Vietnam'a ait yerel kavun genotiplerinin toplandığı ve morfolojik olarak karakterize edildiği bir başka çalışma da Nhi ve ark. (2010) tarafından gerçekleştirilmiştir. Bu kapsamda topladıkları 59 adet kavun yerel popülasyonun arasındaki çeşitliliği ortaya koymak için morfolojik ve moleküler (RAPD) karakterizasyon analizi yapmışlardır. Yerel kavun popülasyonlarının meyvelerinin morfolojik karakterleri açısından oldukça çeşitlilik gösterdiğini belirlemişlerdir. Analize dahil edilen 5 adet kültürü yapılan kavunlardan "Dua le" ve "Dua vang" *makuwa* grubunda, "Dua gang" *conomon* grubunda ve "Dua bo" da *momordica* grubunda yer almıştır. Kültürü yapılan beşinci kavun varyetesi olan "Dua thom" ile ilgili doğru sınıflandırma yapılamamıştır.

Kavunun gen merkezleri arasında Aysa kıtası önemli bir rol oynadığı için çalışmaların çoğunluğu bu bölgelerden toplanan materyaller üzerinde gerçekleştirilmiştir. Parvathaneni ve ark. (2011) da Hindistan kökenli 13 adet kavun aksesyonunda morfolojik karakterizasyon gerçekleştirmişlerdir. Bu kapsamda 19 adet morfolojik karakter kullanmışlardır. Kullanılan bu

morfolojik özelliklerin analizi sonucunda *Cucumis* ssp. türlerine ait aksesyonlar 6 adet alt gruba ayrılmıştır.

Guliyev ve ark. (2018) Asya kökenli bir başka kavun koleksiyonunda morfolojik ve moleküler karakterizasyon gerçekleştirmiştir. Azerbaycan'ın çeşitli bölgelerinden toplanan 48 kavun genotipi arasındaki genetik benzerliği, fenotipik ve moleküler özelliklerini karşılaştırılarak belirlemişlerdir. Genetik çeşitliliği tanımlamak için 11 agro-morfolojik özellik ve 10 polimorfik basit dizi tekrar (ISSR) primeri kullanılmıştır. Temel bileşen analizi, toplam varyasyonların % 78'ini açıklayarak agro-morfolojik özellikleri ilk dört eksende gruplandırmıştır. En yüksek varyasyon hektar başına verim (% 20.32) ve meyve boyu (% 17.35) karakterlerinde gözlenmiştir. Verim için hesaplanan kalıtım derecesi 0.96 olarak bulunmuştur. Morfolojik özelliklerin analizi, aksesyonları dört kümede gruplandırmıştır.

İran-Turan coğrafyası da kavun genetik çeşitliliğinin sıklıkla çalışıldığı bir bölgedir. Özellikle İran kavunun ikincil gen merkezleri arasında yer alıp çok sayıda yerel popülasyon tanımlanmıştır. Maleki ve ark. (2018) da İran kökenli 27 adet aksesyon (içlerinde *inodorous, cantalupensis, reticulatus, ameri* ve *dudaim* gruplarından üyelerin bulunduğu) ve toplam 270 adet birey üzerinde genetik ilişkileri belirlemek için morfolojik ve ISSR moleküler markörlerini kullanmışlardır. Moleküler veriler kullanılarak yapılan kümeleme analizi İran kavun aksesyonlarını iki ana kümeye ayırmıştır. Tüm yerel popülasyonlar ayrıca kavun genetik çeşitliliğini ortaya koyan 10 adet morfolojik özelliğe dayanarak değerlendirilmiştir. Bayesian analizine göre popülasyon 1'de toplam on yerel popülasyon, popülasyon 2'de sekiz ve popülasyon 3'te dokuz yerel kavun popülasyonu yer almıştır. Bu tür çalışmalarda genelde UPGMA analiz yöntemi kullanılmaktadır. Bu çalışmada kullanılan Bayesian yöntemi ve UPGMA yöntemi benzer sonuçlar üreterek birbirinin doğruluğunu kanıtlamıştır.

Dünya’nın farklı bir noktasından, Brezilya’dan, Valadares ve ark. (2018) beş farklı bölgeden topladıkları *momordica* grubuna ait kavun genotiplerinin genetik ilişkilerini tahmin etmek için çeşitli morfolojik karakterleri kullandılar ve bu morfolojik karakterlerin toplamda genotipleri birbirinden ayrıştırmaya olan göreceli katkısını belirlediler. Çalışmada iki *cantaloupensis* grubunu, iki ticari *inodorus* ve *momordica* grubu olmak üzere toplam 19 kavun değerlendirilmiştir. Mevcut genotipler 42 adet morfolojik karakter kullanılarak karakterize edilmiştir. Veriler, Tocher ve UPGMA gruplama yöntemlerine içerisinde Mahalanobis genetik benzerlik matrisi kullanılarak analiz edilmiştir. Hiyerarşik UPGMA ve Tocher gruplama yöntemleri gibi her iki çok değişkenli tekniğe göre dört farklı benzerlik grubu elde edilmiştir. Çözünür katı içeriği (Brix), tohum uzunluğu, meyve uzunluğu ve

kotiledon uzunluğu gibi karakterler genotipler arasındaki genetik ayrışmaya yaklaşık % 53.86 katkıda bulunarak gruplamaya en çok katkı sağlayan karakterler olmuştur.

Benzer bir çalışmada Andrade ve ark. (2019); topladıkları 42 adet Brezilya yerel kavun aksesyonunda ve dört ticari çeşidi de referans olarak kullanarak meyve kalitesi özelliklerini ve üretimi etkileyen morfo-agronomik karakterizasyonu gerçekleştirmişlerdir. Deney Brezilya'nın kavun yetiştiriciliği açısından en verimli bölgesi olan Kuzeydoğu Bölgesi'nde üç farklı ortamda gerçekleştirilmiştir. Morfo-agronomik özellikler olarak; 100 tohum ağırlığı, meyve ağırlığı, bitki başına oluşan meyve sayısı, meyve çapı, meyve uzunluğu, bu ikisinin birbirine oranı, meyve eti kalınlığı, meyve sertliği ve brix içeriği gibi özellikler kullanılmıştır. Yapılan ANOVA analizine göre, değerlendirilen tüm özellikler açısından genotiplerin toplandığı konumlar arasında önemli farklılıklar olduğu görülmüştür ve bu durum da konumların fenotipik kazancı etkilediğini göstermiştir. Değerlendirilen morfolojik özellikler içerisinden Brix içeriği çok değişkenli kümelenme oluşumu ile genotiplerin ayrıştırılmasına en önemli katkıyı yapan meyve özelliğidir. Bu aksesyonlarda tespit edilen genetik çeşitlilik/değişkenliğin, farklı üretim bölgelerine iyi adapte olmuş ve yüksek verime sahip, daha üretken çeşitler elde etmek için ıslah programlarında kullanılabileceği çalışma sonucunda belirtilmiştir.

Popülasyon genetiği, ekolojik genetik, evrimsel çalışmalar ve bitki ıslahı gibi birçok alanda yapılan çalışmaların merkezinde bireylerde yer alan kalıtsal polimorfizmler yatmaktadır. Kalıtsal polimorfizmin incelenmesini sağlayan en önemli genetik araçların arasında moleküler markör teknolojileri gelmektedir. Popülasyon genetiğine yönelik ideal moleküler yaklaşım, tek, basit ve güvenilir bir deneyde tüm genomu kaplayan yüzlerce polimorfik markörü ortaya çıkarmasıdır (Luikart ve ark., 2003). Moleküler markör sistemlerinden SSR geçmişte sıklıkla kullanılmış, halen geçerliliğini sürdüren, güvenilir, maliyeti düşük, uygulaması için fazla araç ve gereç gerektirmeyen pratik ve ekonomik markör sistemlerinin başında yer almaktadır. Kullanılacak olan SSR markör sistemi genetik ilişkileri ortaya koymakla birlikte pek çok alana katkı sağlamaktadır. Bu alanların başında markör sistemleriyle genetik haritalamalar yapmak ve agronomik açıdan önemli özelliklerin kalıtımını sağlayan bölgeleri tespit etmektir.

López-Sesé ve ark. (2002) çoğunluğu *inodorus* grubu olmak üzere 15 İspanyol kavun aksesyonun her birinden 16 birey dahil edilerek yapılan çalışmada popülasyon yapısını incelemek için, 36 primer tarafından üretilen 100 RAPD bandı ve 12 mikrosatellit (SSR) lokusu tarafından üretilen 23 allel kullanılarak varyasyon değerlendirilmiştir. RAPD (0.421 ± 0.099) ve SSR-tabanlı (0.285 ± 0.141) genetik mesafe hesaplamaları kullanılarak yapılan

kümeleme analizi neticesinde incelenen aksesyonların çoğunun benzer ve tutarlı bir şekilde gruplandırıldığı görülmüştür. Bununla birlikte, gözlemlenen nispeten yüksek düzeyde heterojen yapısı incelenen İspanyol kavunlarının nispeten geniş bir genetik arka plana sahip olduğunu göstermiştir.

Ritschel ve ark. (2004) çalışmalarını SSR markörlerini geliştirmeye yönelik olarak gerçekleştirmişlerdir. Çalışmanın gerçekleştirildiği yıllarda kavun ve *Cucurbitaceae* ailesi üyelerinde yeterli sayıda moleküler markör bulunmamaktaydı. Dolayısıyla araştırmacılar genetik haritalama çalışmalarında, moleküler karakterizasyon çalışmalarında ve markör destekli seleksiyon çalışmalarına katkı sağlayacağı düşüncesiyle toplamda 144 adet SSR markörüne ait primer tasarlayıp, sentezlemişler ve 67 adedini çeşitli kavun ve hıyar aksesyonlarında denemişlerdir. 67 adet SSR primeri içerisinden 65 adedi denedikleri kavun popülasyonlarında polimorfizm göstermiştir. Ayrıca geliştirdikleri bu markörlerin % 50'si diğer bir *cucurbitaceae* üyesi olan hıyar türünde de çalışmıştır. İlk kez genomik kütüphanelerden elde ettikleri verilere dayanarak geliştirdikleri SSR markörleri ile başarıya ulaşarak kavunda çeşitli amaçlarda kullanılmak üzere çok sayıda markör üretmişlerdir.

Genetik çeşitlilik çalışmaları Dünya üzerinde birçok farklı ülkede yapılmış ve halen yapılmaya devam etmektedir. Bu çalışmalardan bir tanesi Szabó ve ark. (2005)'nın Macaristan kökenli yerel popülasyonlar ve bu poülasyonlardan elde edilen DNA'nın orta çağdan kalma kavun DNA'sı ile kıyaslanmasına dayanmaktadır. Çalışmada 47 adet yerel popülasyon ve bir adet soyu tükenmiş (15. yüzyılda) bir örnekten elde edilen tohum kalıntısının DNA'sı kullanılmıştır. ITS bölgelerindeki SNP farklılıkları ile birlikte allel farklılığını tespit etmek için SSR markör sistemi kullanılmıştır. Kullanılan 20 adet SSR primer çiftinden 8 adedi genotipler arasında birbirinin aynısı 40 adet fragman üretirken kalan primerler ile birlikte toplamda 487 adet fragman üretilmiştir. Mikrosatellit alellerinin sekans analizi, çekirdek sekansların birim sayısındaki değişikliklere bağlı olarak farklı fragman uzunlukları olduğunu göstermiştir. SPSS11 programı kullanılarak SSR alellerinden (allellerin varlığına ya da yokluğuna dayalı olarak) üretilen dendrogram sonucunda ortaçağ kavunun kayıtlı bir kavun çeşidi olan Hógolyó ile yüksek genetik benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Bazen de araştırmacılar sadece DNA sekans verilerini kullanarak SSR markörü geliştirmeyi amaçlamışlar ve çalışma sonunda geliştirdikleri bu primer çiftlerini kavun koleksiyonları üzerinde denemişlerdir. Bu çalışmaya örnek olarak Fukino ve ark. (2007)'nın geliştirdikleri SSR primer çiftleri verilebilir. Zenginleştirilmiş kavunda genomik DNA kütüphanelerinden (içlerinde çeşitli sayılarda (CA)n, (CT)n, (AAG)n, ve (ATG)n tekrarlar yer alan) toplam 183 SSR markörü geliştirmişlerdir. Oluşturulan bu kütüphaneler içerisinden

markör geliştirme çalışmalarına en yüksek katkıyı (CT)n kütüphanesi sağlamıştır ve bu kütüphaler içerisinde dinükleotit tekrar motifleri, trinükleotit tekrar motiflerinden daha sık gözlenmiştir. Geliştirilen bu SSR markörleri arasında 50 adet SSR primer çifti rastgele olarak seçilmiş ve yedi grubu temsil eden 19 kavun aksesyonu arasındaki polimorfizmleri değerlendirmek için kullanılmıştır. 50 adet SSR markörlerinin tamamı aksesyonların çoğunda başarıyla çalışmış ve bunların içerisinden 42 adedi 19 kavun aksesyonunda polimorfizm göstermiştir.

Fernandez-Silva ve ark. (2010) çalışmalarında kavun meyve morfolojisi ile ilgili QTL ve bu QTL'lerin ıslah programında kullanılabilirliğini belirlemeye çalışmışlardır. Çalışma esnasında QTL'i belirlemek için SSR markörleri ile karakterasyon gerçekleştirmişlerdir. Genetik materyal olarak Piel de Sapo (PS), PS2, PS3, Vedrantais, Amarillo (yellow canary), PI 124112, PI 385966, PI 161375, Ames24297 ve PI 435288 aksesyonları kullanılmıştır. Çeşitli melezlemeler ve kendilemeler sonucunda oluşturdukları yakın izogenik hatlar CMAT35, CMCTN35, CMCTN38, CMTCN41, CMAGN75, CMAGN79, TJ2, TJ31, ECM81, ECM88, ECM122 ve ECM230 gibi kavun popülasyonları arasında yüksek düzeyde polimorfizm gösteren SSR markörleri ile haritalanmıştır. Çalışma sonucunda *fw4.4, fs6.4* ve *fs12.1* gibi QTL bölgelerinin ıslah programında kullanılmaya uygun olduğunu tespit etmişlerdir.

SSR markörleri sadece genomik DNA sekanslarından geliştirilmezler. Bazı SSR markörleri transkriptomik olarak da geliştirilebilir. Bunlara EST-SSR denir. Kong ve ark. (2011) çalışmalarında Çin kökenli bazı yerel kavun genotipleri arasında genetik çeşitliliği ortaya çıkarmak için EST-SSR geliştirmişlerdir. Toplamda 27 adet yerel popülasyon kullanmışlardır. Kullanılan 22 EST-SSR marköründen 19 EST-SSR polimorfik bilgi üretmiş ve bu 19 polimorfik markör içerisinden 13'ünün yeni fonksiyonları ifade ettiğini belirtmişlerdir. Üretilen SSR markörlerinin kaynağı genomum transkribe olan kısmı olduğu için bu şekilde yeni fonksiyonlara sahip EST-SSR tanımlamaları oldukça muhtemeldir. Üretilen her lokusa için polimorfik bilgi içeriği değerinin ortalamasının 0.46 olduğu ve bu değerin 0.21 ila 0.68 arasında değiştiği tespit edilmiştir. UPGMA yöntemiyle kümeleme analizi yapılan kavun genotipleri ince kabuğa sahip olanlar ve normal kabuğa sahip olanlar olarak yüksek güvenilirlikte ayrıştırılmıştır.

Yuste-Lisbona ve ark. (2011b)'nin çalışmasında bu fungal hastalığa karşı bağlantı haritası oluşturmaya çalışmıştır. Yaptıkları çalışmada dayanıklı ve hassas ebeveynlerden melezleyerek oluşturdukları F2 hatlarında 188 AFLP, 39 RAPD, 111 SSR, 14 SCAR/CAPS/CAPS ve bazı morfolojik karakterleri kullanarak haritalama çalışmalarını

tamamlamışlardır. Ortalama 3,6 cM aralıklı bir bağlantı haritası oluşturmayı başarmışlardır. Çalışma sonucunda bir adet fungal etmenin (1,3 ve 5. Irkına karşı) dayanıklılığı büyük oranda sağlayan QTL bölgesi tespit etmişlerdir.

Kacar ve ark. (2012) Türkiye'den topladıkları kavun popülasyonlarının genetik çeşitliliğini araştırmışlardır. Bu kapsamda Türkiye'nin farklı illerinden toplanan 81 kavun genotipini ve INRA / Fransa'dan alınan 15 referans kavun genotipini de ekleyerek Türkiye kavunlarının arasındaki genetik çeşitliliği belirlemişlerdir. 20 adet polimorfik bant üreten SSR markörü kullanmışlardır. Üretilen SSR skorları kullanılarak binary martriks oluşturulmuştur. Kümeleme analizi için UPGMA, genetik mesafe matrisine dayalı bir kümeleme dendrogramı oluşturmak için kullanılmıştır. 20 SSR primer çifti kullanılarak toplam 123 allel çoğaltılmış ve skorlanmıştır. Üretilen SSR allellerinin analizinden geliştirilen dendrogramdaki benzerlik 0.22 ile 1.00 arasında değişmiştir. Araştırmacılar ürettikleri moleküler verilere dayanarak, bu Türkiye aksesyonlarının arasındaki genetik çeşitliliğin nispeten yüksek olduğu sonucuna varmışlardır.

Genetik çeşitlilik çalışmaları ile birlikte SSR markör sistemleri moleküler olarak genotipleri haritalama çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. Bu tür bir çalışmaya örnek olarak Wang ve ark. (2016b) dayanıklı ve hassas genotiplerden 230-250 arasında birey içeren F2 haritalama popülasyonu gösterilebilir. Çalışmalarını külleme ve bazı meyve kalite unsurları ile ilgili QTL bölgelerini tespit etmeye yönelik gerçekleştirmişlerdir. Çalışma kapsamında 642 adet SSR markörü kullanarak çalışmayı tamamlamışlar ve bir adet külleme hastalığını etkileyen QTL bölgesi tespit etmişlerdir.

SSR markör sistemi sadece Dünya'nın çeşitli bölgelerinden toplanan yerel kavun genotipleri arasında genetik çeşitlilik belirlemek amacıyla kullanılmamıştır. Markör sistemi piyasada bulunan ticari çeşitler arasında genetik çeşitliliği belirleme kapasitesine sahiptir. Bu amaçla Carvalho ve ark. (2017b) çalışmalarını ticari kavun çeşitleri arasındaki moleküler ilişkileri ortaya koymak olarak şekillendirmişlerdir. Bu kapsamda gen bankasından temin ettikleri 87 adet kavun genopi (72 adedi ticari çeşit olan ve bu ticari çeşitlerin 44 adedi inodorus, 28 adedi kantalop ve 15 adet introdüksüyon materyalini) üzerinde moleküler analizlerini gerçekleştirmişlerdir. 44 adet SSR primerini kullanarak 202 adet allel skorlamışlar ve primer başına 4,59 allel, polimorfizm bilgi içeriği 0,458 ve üreterek beklenen heterozigotluk (expected heterozygosity) 0,519 bularak çalışmalarını tamamlamışlardır. 72 adet kavun genotipinin 25 adet SSR primeri ile birbirinden ayrıştırılabileceği kanaatine varmışlardır.

SSR markör sistemleri PCR uzun süredir birçok tür ve çeşitte genetik ilişkileri belirlemek amacıyla kullanılmış ve günümüzde kullanılmaya devam edilmektedir. Yapılan güncel çalışmalardan bir tanesi de Lázaro ve ark. (2017)'nın çalışmasıdır. Bu çalışmada İspanyol yerel kavun genotiplerinin hem agromonik hem de moleküler değerlendirmesi SSR markör sistemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Çalışma kapsamında 62 adet İspanyol yerel çeşidi ve referans olarak da 2 adet hibrit kavun çeşidi genetik materyal olarak kullanılmıştır. Bu kapsamda 39 adet morfolojik karakter ve 9 adet SSR markörü moleküler ve morfolojik karakterizasyon çalışmaları için kullanılmıştır. Morfolojik analizler sonucunda genel anlamda kavun genotiplerinin iki grup altında toplandığını (klimakterik ve klimakterik olmayan şeklinde) ve talebe göre özellikleri taşıyan kavun genotiplerinin 60 adet bireyden oluşan klimakterik olmayan grup içerisinde olduğu tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda İspanyol kavun koleksiyonunun yüksek derece genetik çeşitlilik taşıdığı sonucuna varmışlardır.

Genetik çeşitlilik çalışmaları özellikle primer ve sekonder gen merkezi olan bölgelerde yoğunlaşmıştır. Çin de kavun genetik çeşitliliği açısından oldukça önemli bir bölgede yer almaktadır. Zhang ve ark. (2017b) çalışmasında Kuzeybatı Çin'deki Sincan Uygur Özerk Bölgesi'nden toplanan yerel kavun genotiplerinde 19 adet polimorfik SSR markörü yardımıyla genetik çeşitliliği belirlemişlerdir. Toplam 55 adet polimorfik allel üretilmiştir. Markör başına 2 ila 5 arasında değişen miktarda allel üretilmiş ve markör başına allel ortalaması da 2,89 olarak tespit edilmiştir. Ortalama polimorfizm bilgi içeriği 0,42 olarak belirlenmiş ve tüm genotipler üzerinde 0,06 ve 0,71 arasında değişiklik göstermiştir.

Ticari çeşitler ve yerel popülasyonlar ile birlikte SSR markör sistemi özel olarak oluşturulmuş deneysel popülasyonlarda da genetik ilişki belirleme çalışmalarında kullanılmıştır. Li ve ark. (2018)'nın çalışmasında ise 113 adet deneysel popülasyon içerisinden 24 adet kavun çeşidi adayı ve 6 adet ebeveyn 159 SSR primer çifti ile analiz edilmiştir. Bu 159 adet SSR primer çiftinden 18 adet polimorfik sonuç veren ve genotipleri birbirinden ayırma gücüne sahip SSR markörü ile çalışmalarını tamamlamışlardır. Markörlerin polimorfizm bilgi içeriği 0,5618 ve 0,7885 arasında değişmekle birlikte ortalamasının 0,6807 olduğu tespit edilmiştir. Analiz edilen bu genetik materyalden 30 adedinin yeni bant profili gösterdiğini ve bunların potansiyel çeşit adayları olduğunu belirtmişlerdir.

Bir başka genetik farklılaşmanın fazla olduğu bölgelerden toplanan kavun genotipleri üzerinde genetik ilişki çalışma da Çin ve Hindistan kökenli genotiplerde gerçekleştirilmiştir. Çalışmalarını temel olarak Çin ve Hindistan kökenli 163 adet kavun genotipi (153 adet *agrestis* grubu ve 10 adet *C. melo* subsp. *melo*) üzerine şekillendiren Wang ve ark. (2018) genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısı analizi ile genotipleri birbirinden ayırmaya

çalışmışlardır. 12 adet kavun kromozomunda dağılım gösteren 37 adet SSR primeri kullanılmıştır. Markör başına 3 ila 16 allel arasında değişen ve ortalama markör başına 7,40 allel üretilerek çalışma tamamlanmıştır. Polimorfizm bilgi içeriği 0,524 olarak belirlenmiştir. SSR verilerini kullanarak genotipleri 2 ana grup altında incelemişlerdir. Çin ve Hindistan *agretis* gruplarının net bir şekilde bu iki farklı grupta yer aldığını ve farklı gen havuzlarına sahip olduklarını tespit etmişlerdir.

Büyük miktarlardaki kavun üretimi beraberinde çeşitli sorunları getirmektedir. Üretim alanlarını etkileyen hastalık etmenleri büyük miktarlarda verim kayıplarına neden olmaktadır. Kavunda biyotik stres unsurlarından ulusal ve uluslararası düzeyde en büyük verim kayıpları ve zararlanmaya sebep olan hastalıkların başında külleme, kavun *Fusarium* solgunluk hastalığı, Hıyar mozaik virüsü, Melon necrotic spotted virus, Papaya ring spot virüsü gelmektedir. Bu hastalıklar ile ilgili yapılan moleküler taramalara örneklerden bazıları sırasıyla aşağıda sunulmaktadır.

Seçilmiş olan bazı hastalıklar da genetik çeşitlilik çalışmalarına dahil edilebilmektedir. Bu durumu açıklayan örnek çalışmalardan birisi de Reddy ve ark. (2016) çalışmalarıdır. Reddy ve ark. (2016); topladıkları Hint kavun aksesyonlarının genetik çeşitliliğini, popülasyon yapısını ve bu aksesyonlarda seçilmiş olan bazı hastalık ve zararlılara karşı direnç lokuslarının durumunu belirlemeyi amaçlamışlardır. Hint Bahçe Bitkileri Araştırma Enstitüsü'nde bulunan 91 aksesyonu 36 adet SSR markörü ve 7 adet hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık durumunu gösteren moleküler markör ile taramışlardır. Genetik çeşitlilik analizine göre aksesyonlar 4 ana grup altında toplanmıştır. Taranan hastalıklar açısında ise 10 adet aksesyonun taranan tüm hastalıklar açısından faydalı allelleri içerdiği tespit edilmiş ve fenotipik validasyonlardan sonra ıslah programlarına dahil edilebileceği ve gen piramitlemede kullanılabileceği ifade edilmiştir. Çalışma sonucunda Hint kavun aksesyonlarının değerli bir genetik rezervuar olduğunu, korunması ve ıslah programlarında kullanılması için stratejiler geliştirilmesi gerektiğini vurgulamışlardır.

Hastalıklara karşı dayanıklı hatlar ve çeşitler bulunmasına rağmen günümüzde moleküler markör geliştirme çalışmaları devam etmektedir. Araştırmacıların amacı kolay uygulanabilen, kullanışlı ve kesin sonuçlar üreterek hızlı tarama imkanı sunan markörler geliştirmektir. Bu amaçla Hassan ve ark. (2018) çalışmalarında, gummy stem blight hastalığına duyarlı 'Cornell ZPPM 339' ve hastalığa dirençli 'PI482399' hatları arasındaki bir melezleme sonucunda oluşturdukları F1 popülasyonundan 168 F2 hattı elde etmişlerdir. F2 popülasyonunda 3:1 oranında duyarlı ve dirençli genotipler gözlemlemişler, bu da hastalığın tek bir resesif gen tarafından kontrol edildiğini göstermiştir. Araştırmacılar dayanıklı / duyarlı

hatlardan elde etikleri ve hastalığa karşı dayanıklılık sağlayan bölgeyi sekanslamışlardır. Sekans verilerine göre dayanıklılık sağlayan bölgede ilk intron bölgesinde bazı nükleotidlerin silinmesi, 2. ekson bölgesinde 2 bazlık bir çerçeve silinmesi ve 4. ekson bölgesinde 7 baz çiftlik bir baz eklenmesi olduğu belirlenmiştir. Böylece araştırmacılar bu verilerden faydalanarak GSB9-kh-1 ve GSB9-kh-2 gibi hastalıkla ilgili iki adet hastalığı tespit etmeye yarayan moleküler markör geliştirmişler ve bu markörleri oluşturdukları F2 ve sonrasındaki popülasyonda teyit etmişlerdir.

Günümüzde farklı farklı dayanıklılık kaynakları farklı ülke koleksiyonlarından tanımlanmaya devam etmektedir. Bunlardan bir tanesi de Santos ve ark. (2019) Brezilya'da morfolojik olarak belirledikleri dayanıklılık kaynaklarıdır. İki grubu temsil eden altı genotip (grup I - duyarlı: grup II - dirençli) kısmi diallel melezleme planına göre melezlemeleri gerçekleştirmişlerdir. Melezleme sonrasında genotipler, 0 (dirençli) ila 4 (duyarlı) ve bunlarında arasında bir derecelendirme ölçeği kullanılarak hastalık oluşumuna göre değerlendirilmiştir. Genel kombinasyon yeteneği açısından PI 420145 ve PI 482398 aksesyonlarının GSB dayanıklı hatlar geliştirilmesinde etkili bir şekilde kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Özellikle PI 482398, PI 420145 ve PI 140471 aksesyonları ve JAB-20 arasında yapılan resiprokal melezleme sonucunda GSB dayanıklı hatlar oluşturulmasında anne ebeveyne bağlı kalıtımsal etkinin olduğu ifade edilmiştir.

Kavunda *Fusarium* solgunluğu ile ilgili markör geliştirme çalışmaları günümüzden oldukça öncesine kadar uzanmaktadır. Yapılan ilk çalışmalar arasında olan Wang ve ark. (2000)'nın çalışması sonucunda ırk 0 ve 1'e karşı dayanıklılık sağlayan *Fom-2* ile ilgili markör geliştirmişlerdir. Bu amaçla dayanıklı ve duyarlı genotiplerden izole ettikleri DNA örneklerini karıştırarak iki bulk grubu oluşturmuşlardır. AFLP taraması yaptıkları bu iki grup üzerinde *Fom-2 ile* ilişkili olduklarını düşündükleri 15 adet markör belirlemişlerdir. Bu markörlerin durumlarını geriye melezleme sonucundaki oluşturdukları popülasyonun 60 bireyinde takip etmişler iki adet aday markör belirlemişlerdir. Ayrıca Daha önceden kullanılan RAPD ve bir başka AFLP markörü de çalışmada kullanılmıştır. Dominant karakterde olan bu iki markör co dominant hale dönüştürülmüş ve 45 adet kavun aksesyonunda *Fusarium* dayakllığını taramada kullanılmıştır. Üretilen fragment uzunlukları ve dayanıklı fenotip arasında yüksek düzeyde korelasyon tespit edilmiştir.

Kavun genotiplerinin, *Fusarium* solgunluğuna karşı dayanıklılık durumunun inokülasyon yoluyla morfolojik olarak taranması kontrollü koşullar altında dahi zordur ve inokülasyona bitkilerin verdiği tepkilerde geniş değişkenlik gözlenebilir. Burger ve ark. (2003a) bu değişkenliği iklimlendirilmiş odada gerçekleştirdikleri deneyde Irk 1'e duyarlı 17

genotipin fide aşamasında incelemişlerdir. Araştırmacılar moleküler yöntemlerle tarama yaparak hastalığa dayanıklılık taramalarını garanti altına almışlardır. Özellikle CAPS ve SCAR moleküler markörlerini kullanarak 24 adet aksesyon ve *Fusarium'a* karşı direnç olarak geliştirilen ıslah hatlarını dirençlilik açısından karakterize etmişlerdir. Yaptıkları çalışma sonucunda SCAR moleküler markörlerinin dayanıklı genotipleri seçme konusunda pratik ve ıslah çalışmalarında kullanılabilir olduğunu belirtmişlerdir.

Oumouloud ve ark. (2010) *Fusarium* solgunluğuna karşı farklı bir dayanıklılık kaynağı belirlemişlerdir. Kavunlarda bulunan Fom-2 geni *Fusarium* solgunluğuna karşı dayanıklılığı, bir nükleotit bağlanma bölgesi (NBS) ve lösin açısından zengin tekrarları (LRR'ler) içeren bir proteini kodlayarak sağlar. Araştırmacılar çeşitli coğrafik bölgelerden *Fusarium* solgunluğuna dirençli 11 kavun aksesyonunda Fom-2 geninin LRR bölgesini klonlamak ve çoğaltmak için Fom2-LRR1639 primerini kullanmışlardır. Elde edilen sonuçlar LRR bölgesinin yapısının, bu dirençli aksesyonların sekizi arasında yüksek oranda korunduğunu ve daha önce karakterize edilen PI-161375 hattındaki dirençli allele benzer olduğunu ortaya koymuştur. Sekiz aksesyondan farklı olarak, PI-124111, daha önce MR-1 hattında açıklananla aynı dirençli allele sahip eşsiz bir hat olarak belirlenmiştir. Araştırmacılara göre bu sonuç, Cum-355'in aynı özgünlüğe sahip yeni bir dirençli *Fom-2* aleline sahip olduğunu göstermektedir. *Fom-2* dirençli ve duyarlı aleller için iki adet (SCAR) markörü, Fom2-R408 ve Fom2-S342 geliştirilmiştir. Araştırmacılara göre, geliştirilen bu markörlerinin kavundaki *Fom-2* geni için markör destekli seleksiyonun güvenilirliğini, maliyetini ve etkinliğini artırması beklenmektedir.

Wang ve ark. (2011) da çalışmasını *Fusarium* solgunluğuna karşı moleküler markör geliştirme çerçevesinde şekillendirmiştir. *Fom-2* geninin lösin açısından zengin tekrar (LRR) bölgesine ait olan dizi içeresinde yaptıkları analize göre 3 adet tek nokta farklılığı belirlemişlerdir. Nükleotid farklılıklarından ürettikleri CAPS ve allele özgü primer çiftleri ile hastalık dayanıklılığı arasında ilişki kurmaya çalışmışlardır. Dayanıklı ve duyarlı hatları SNP farklılıklarından ürettikleri CAPS markörleri ile belirlemeyi başarmışlardır. Sonuç olarak, Fom-2 geninin LRR bölgesinde bulunan SNP kullanılarak geliştirilen SNP tabanlı fonksiyonel markörlerin, *Fusarium* solgunluk direnciyle bağlantılı olduğunu ve kavun ıslah programında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Sousaraei ve ark. (2017) gerçekleştirdikleri markör destekli seleksiyonda Fusarium solgunluğu hastalığına dayanıklılığını (Isabelle daynıklılık kaynağı) seçilmiş bazı duyarlı çeşitlere (Garmak ve Tile-torogh gibi çeitlere aktarılmıştır) aktarmaktır. Nükleotit farklılıklarından faydalanarak iki adet allele özgü primer çifti, Fom2-R409 ve Fom2-S253,

sırasıyla dirençli ve duyarlı alelleri amplifiye etmek için tasarlanmıştır. Dayanıklılık kaynağını veren ebeveyn olarak Isabelle ve geriye melezlemede ise geliştirilecek olan çeşitler Garmak ve Tile-torog kullanılmıştır. BC1F1 ve BC2F1 nesillerindeki dirençli bitkiler ilk önce yapay patojen inokülasyonu kullanılarak tespit edildi ve sonraki aşamada bitkilerde direnç kaynağını doğrulamak için geliştirilen fonksiyonel markörler kullanılmıştır. Geliştirilen markörlerin inokülasyon denemesinden daha hassas ve verimli olduğu ve kavun genotiplerinin *Fusarium* solgunluğu taranmasında güvenilir araçlar olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Egzotik kavun aksesyonu olan PI 161375, "Sonwang Charmi" (SC) çeşidinde Cucumber Mosaic Virus (CMV) dayanıklılığı daha önce yapılan çalışmalarda oligojenik, resesif ve kantitatif olarak tanımlanmıştır ve bu dayanıklılığın XII (LGXII) bağlantı grubu içerisinde major bir QTL olduğu belirtilmiştir. Essafi ve ark. (2009) CMV dayanıklılığını Piel de Sapo (PS) genomuna SC aksesyonlarını kullanarak oluşturdukları yakın izojenik hat (NIL) popülasyonunu kullanarak karakterize etmişlerdir. LGXII bağlantı grubunu taşıyan NIL SC12-1 isimli yakın izogenik popülasyonun CMV P9 ve P104.82 ırklarına dayanıklı olduğu belirlenmiştir. Bu bölgede yapılan genetik haritalama çalışmaları sonucunda *cmv1* bölgeyi tanımladılar ve CMV P9 ve P104.82 ırklarına dayanıklılık sağladığını göstermişlerdir. Detaylı çalışmalar sonucunda cmv1 bölgesinin oligogenik kalıtım gösterdiğini ve içerisindeki genlerden en az birinin *(cmv1*) toplam direnç kazandırdığını belirtmişlerdir. Guiu-Aragones ve ark. (2016) sonraki yıllarda *cmv1* ile yaptıkları çalışmalarında demet kını hücrelerinden floem hücrelerine virüs ilerlemesini kısıtlayarak dayanıklılık mekanizmasını gerçekleştirdiğini açıklamışlardır.

Bazı araştırmacılar kavun koleksiyonlarını birden fazla hastalık açısından moleküler markörleri kullanarak tarama yapmışlardır. Solmaz ve ark. (2016b) böyle bir çalışmada Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan kavun genetik kaynaklarındaki hastalık direncini tespit etmişlerdir. Toplam 85 kavun ve 15 *flexuous* grubu kavun genotibinde *Fusarium* solgunluğuna (ırk 1 ve 2), külleme (yarış 3) gibi mantar kaynaklı hastalıklar ve Cucumber Mosaic Virus (CMV) ve Zuccuni Yellow Mosaic Virus (ZYMV) gibi virüs kökenli hastalıklar açısıdan dayanım durumları değerlendirildi. *Fusarium* solgunluğu ırk 1 için, sekiz genotip dirençli, 86 genotip duyarlı olduğu ve *Fusarium* solgunluğu ırk 2 için ise genotiplerin toplamının % 54'ünün dayanıklı, %28'inin duyarlı olduğu tespit edilmiştir. Test edilen tüm genotipler arasında sadece iki genotipin ('Kav 60' ve 'Kav 277') küllemeye karşı dirençli olduğu görülmüştür. İki genotip ('Kav 281' ve 'Ac 33') CMV'ye karşı dirençli bulunurken, genotiplerin hiçbiri ZYMV'ye dirençli olmadığı rapor edilmiştir.

Mallor-Giménez ve ark. (2003) 'Doublon' kavun genotipine virüsün mekanik olarak inokülasyonu sonucunda sadece lokal reaksiyon gösterdiğini, bunun dışında herhangi bir sistemik semptom geliştirmediğini ve virüsün sadece lokal lezyonlarla sınırlı kaldığını tespit etmişlerdir. Bu reaksiyonu, MNSV'ye karşı yeni bir direnç kaynağı olarak düşünmüşlerdir. Çalışmalarını da 'Doublon' × 'ANC-42' (duyarlı bir hat) melezlemesinden meydana gelen bireyler ve bu bireylerin davranışın genetik altyapısını incelemek üzerine şekillendirmişlerdir. Bu karakteri kontrol eden Kavun nekrotik direnci 1 (*Mnr1*) ve Kavun nekrotik direnci 2 (*Mnr2*) olarak isimlendirdikleri iki tam dominant gen rapor etmişlerdir. 'Doublon' ve 'PMR-5' (*nsv* dayanıklılık kaynağına sahip) arasındaki melezlemeden üretilen popülasyonlarda bu genlerden biri ile *nsv* arasındaki genetik bağlantı olduğu da bildirilmiştir. Belirlenen bu iki bölge arasındaki genom üzerindeki harita mesafesinin 19 cM olduğu tahmin edilmektedir.

Bu tez çalışması kapsamında özellikle Kırgızistan kavun gen kaynaklarının derlenmesi, tanımlanması, kayıt altına alınması ve Anadolu kavunları ile genetik ilişki oranının belirlenmesi amaçlanmaktadır. Böylece bu materyalin ileride ıslah programlarında kullanılması olasılığı ortaya çıkabilecektir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Genetik Materyal

Tez çalışması kapsamında kullanılmış olan genetik materyal; genellikle Prof. Dr. Önder TÜRKMEN'in koleksiyonunda yer alan Anadolu'nun çeşitli bölgelerinden toplanmış Türkiye yerel kavun genotipleri ve Kırgızistan'ın çeşitli bölgelerinden toplanmış yerel ve standart kavun genotipleri yer almaktadır. Kav koduna sahip genotipler Çukurova Üniversitesi Bahçe Bitkileri Bölümü öğretim üyesi Prof. Dr. Nebahat SARI tarafından temin edilmiştir (Sarı ve Solmaz, 2018). Kırgızistan kavun genetik kaynakları genellikle yetiştiriciliğin yapıldığı Oş, Celal Abad, Batken ve Bişkek (Çüy bölgesi) bölgelerinden yetiştiriciliğin yapıldığı sezonda (2018 yılı sonbaharında) çiftçiler, tarımsal araştırma enstitüleri ve genetik kaynakların sıklıkla bulunduğu yerlerden (yerel pazarlar) toplanmıştır. Bu kapsamda hâlihazırda toplanmış olan mümkün olduğu kadar çok ve farklı kavun genotipi moleküler ve morfolojik çalışmalar için kaynak materyal olarak kullanılmıştır.

Ayrıca, Kırgızistan kökenli genetik materyallerin genetik eğiliminin hangi ülke koleksiyonuna daha çok benzediğini ya da bağımsız bir grup olarak kümelendiğini tespit etmek amacıyla Rusya ve Çin kökenli bazı standart çeşitler tez çalışmasına dahil edilmiştir. Fakat bu genotipler üzerinde sadece SSR markörleri kullanılarak genetik çeşitlilik belirlenmiş ve morfolojik karakterizasyonu yapılmamıştır. Kırgızistan-Türkiye Manas Üniversitesi'nde var olan kaynaklar çalışmaya ilave edilmiştir. Çalışmada kullanılan genetik kaynakların listesi **Çizelge 3.1.**'te yer almaktadır.

3.2. Deneme Deseni ve Kültürel İşlemler

Tez çalışmasına dahil edilen genetik materyal Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi bünyesindeki Sarıcalar Araştırma ve Uygulama çiftliğinde 2019 yılı vejetasyon döneminde yetiştirilmiştir. Deneme arazisine ilk toprak işleme sırasında yapılan toprak analizi sonuçları baz alınarak taban gübresi olarak dekara 15 kg/da DAP (Diamonyum fosfat) gübrelemesi yapılmıştır.

Çizelge 3.1. Tez çalışmasına dahil edilen Kırgızistan ve Türkiye kavun yerel genotipleri ve bazı standart çeşitler

Kırgızistan Genotipleri	Bölgesi	Türkiye Genotipleri	Bölgesi
A	Bilinmiyor	Kav 1	Diyarbakır
K	Bilinmiyor	Kav 3	Mardin
Kırgız A	Çüy bölgesi	Kav 4	Şanlıurfa
Kırgız C	Çüy bölgesi	Kav 6	Diyarbakır
Kırgız D	Çüy bölgesi	Kav 252	Ankara
Kırgız E	Çüy bölgesi	Kav 256	Konya
Kırgız F	Çüy bölgesi	YYÜ 6	Van
Kırgız G	Çüy bölgesi	YYÜ 19	Van
Kırgız H	Çüy bölgesi	YYÜ 13	Van
Kırgız İ	Çüy bölgesi	YYÜ 22	Van
Manas 1	Bilinmiyor	YYÜ 25	Van
Manas 2	Bilinmiyor	YYÜ 30	Van
Manas 3	Bilinmiyor	Iğdır	Iğdır
Manas 4	Bilinmiyor		
Manas 5	Bilinmiyor		
Manas 6	Bilinmiyor		
Manas 7	Bilinmiyor		
Manas 8	Bilinmiyor		
Ç 01	Çüy bölgesi		
Ç 02	Çüy bölgesi		
Ç 03	Çüy bölgesi		
Ç 04	Çüy bölgesi		
Ç 05	Çüy bölgesi		
Ç 06	Çüy bölgesi		
Ç 07	Çüy bölgesi		
Ç 08	Çüy bölgesi		
Ç Son	Çüy bölgesi		
Ç09	Çüy bölgesi		
J 01	Jelal-Abad bölgesi		
J 02	Jelal-Abad bölgesi		
Oş 01	Oş bölgesi		
Oş 02	Oş bölgesi		
Oş 03	Oş bölgesi		
Oş 04	Oş bölgesi		
Oş 05	Oş bölgesi		
Standart Çeşitler	**Bölgesi**	**Standart Çeşitler**	**Bölgesi**

Rus 1	Standart çeşit	Soyhan	Standart çeşit
Rus 2	Standart çeşit		
Rus 3	Standart çeşit		
Rus 5	Standart çeşit		
Çin 1	Standart çeşit		
Çin2	Standart çeşit		

Denemede sıra üzeri ve arası mesafeler 0.8x2 m olacak şekilde 10.04.2019'de kavun genotipleri araziye tohum olarak ekilmiştir. Her kavun genotipinden toplam 12 bitki olacak şekilde ocak usulü ekim ve her ocakta ortalama olarak 3-4 tohum gelecek şekilde arazi ekim işlemi gerçekleştirilmiştir. Ekimin hemen ardından damlama sulama sistemi ile sulama işlemi yapılmıştır. Ekimi takip eden haftalarda çimlenmeyen yada 12 bitkiden az olan genotipler viyollerde fide haline getirilen bitkiler ile 12'ye tamamlanmaya çalışılmıştır. Araziye ekilen bitkiler 3-5 gerçek yapraklı döneme geldiğinde her ocakta tek bitki kalacak şekilde bitki seyreltme işlemi yapılmıştır **(Şekil 3.1.)**.

Çizelge 3.2. Deneme alanının farklı derinliklerindenki toprağın besin elmenti içeriği

Toprak derinliği (cm)	**N (ppm)**	**P (ppm)**	**Ca (ppm)**	**K (ppm)**	**Mg (ppm)**	**Na (ppm)**	**Cu (ppm)**	**Fe (ppm)**	**Mn (ppm)**	**Zn (ppm)**	**B (ppm)**
0-30	29,01	9,40	7314,28	891,47	465,73	142,99	1,74	4,06	13,56	0,75	0,82
30-60	22,79	3,84	7374,92	425,41	429,07	157,50	1,72	5,17	10,28	0,26	0,93
60-90	37,30	5,07	7449,64	397,77	482,43	125,47	2,00	5,51	11,31	0,40	0,15

Seymen (2020) izni alınarak kullanılmıştır.

10 Haziran 2019 tarihinde bitkilere damlama sulama sistemi kullanılarak dekara 1 litre hesabı ile içerisinde NPK bulunan sıvı organo-mineral gübre (Synergy), dekara 2 litre olacak şekilde sıvı organik gübre (Evergreen Soil) ve azotlu gübre çözeltisi dekara 2 litre olacak (Nitrosol) şekilde uygulanmıştır (**Şekil 3.2.** ve **Şekil 3.3.**). Yapılan gübrelemeler **çizelge 3.1**'deki toprak analizi sonuçlarına göre gerçekleştirilmiştir. Kavun fideleri ilk kol atma dönemine geldiğinde boğaz doldurması, çapalama, otların temizlenmesi gibi bakım ve kültür işlemleri uygulanmıştır (Vural ve ark., 2000).



Şekil 3.1. Kavun deneme arazisinden genel bir görünüş (Orijinal)

Kavun genotipleri çiçeklenme dönemine ulaştığında, hastalık ve zarlılardan korumak için Topas külleme ilacı ve *Fusarium* solgunluğu için damlama sulama sitemiyle kök bölgesine Cebir ilacı teknik talimatlarda önerilen kullanım şekli dikkate alınarak zirai mücadele işlemi gerçekleştirilmiştir.

Tez çalışması kapsamında her genotipten morfolojik ölçüm ve gözlemler en az 7 bitkiden ve meyve pomolojik özellikleri ile ilgili ölçüm ve gözlemler ise en az 5 meyveden olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Ayrıca her genotipten sonraki jenerasyonlarda kullanılmak üzere seçilen bitkiler kendilenmiştir. Kendilenen bitkilerden bazılarında tohum elde edilirken bazılarında tohum elde edilememiştir. Çünkü bazı kendilemelerin meyve bağladığı görülmüş, fakat bu meyveler bir süre sonra kurumuştur. Dolayısıyla kendileme dönemi geçen bitkilerden tekrar kendileme yapılamamıştır.



Şekil 3.2. Yetiştiricilik sırasında damalama sulama ile kullanılan gübreler (Orijinal)



Şekil 3.3. Kültürel işlemlerden bir görünüş (Orijinal)

3.3. Morfolojik Karaterizasyonlar

Bitkiler arasında homojen büyüme gözlenmeye başladığı andan itibaren vejetasyon boyunca, yetiştirilen kavun genotiplerin morfolojik özelliklerinin belirlenmesi için çeşitli zamanlarda ölçümler ve gözlemler yapılmıştır. Genotiplerin fenotiplerini ortaya koymak ve değerlendirmek için IPGRI'nin (The International Plant Genetic Resources Institute)

geliştirmiş ve yayınlamış olduğu kavun fenotip tanımlayıcı kriterlerinden yararlanılarak oluşturulan Çizelge 3.3. kullanılmıştır (IPGRI, 2003).

Çizelge 3.3. Ölçümü ve Gözlemi yapılan morfolojik parametreler

Özellikler	Açıklamalar	Rakamsal İfade	Sınıflandırma
1. Yaprak karakterleri	Tüm	1	
	Üç loblu	2	
	Beş loblu	3	
	3- palmately loblu	4	
	5-palmately loblu	5	
	Diğer	99	
2. Yaprak taban şekli;	Kalp şekli	1	
	Sivri	2	
	Diğer	99	
3. Yaprak lobları	Sığ	3	
	Orta	5	
	Derin	7	
4. Yaprak rengi;	Açık yeşil	1	
	Yeşil	2	
	Koyu yeşil	3	
	Değişken	4	
	Diğer	99	
5. Yaprak ayası uzunluğu	Dar	3	<8.15
	Orta	5	8.15-8.71
	Geniş	7	>8.71
6. Yaprak ayası genişliği	Dar	3	<11.11
	Orta	5	11.11-11.96
	Geniş	7	>11.96
7. Yaprak en/boy indeksi	Yaprak genişlemesiyle, yaprak uzunluğuna bölünür, ana dalların ortasındaki yaprakların ölçülmesi		
8. Yaprak sapı uzunluğu	Kısa	3	≤3cm
	Orta	5	3.1-10cm
	Uzun	7	10cm≤)
9. Yaprak sapı rengi;	Açık yeşil	1	
	Yeşil	2	
	Koyu yeşil	3	
	K.yeşil-mor	4	
	Diğer	99	
10. Çiçek cinsiyet tipi	Monoecious	1	
	Andromonoecious	2	
	Gynoecious	3	
	Erkek kısır	4	
	Dişi kısır	5	
12. Dişi çiçek/erkek çiçek oranı;	Sadece dişi	1	
	Çoğunlukla dişi	2	
	Dişi-erkek eşit	3	
	Çoğunlukla erkek	4	
	Sadece erkek	5	
	Diğer	99	
13. Çiçek tomurcuk şekli (açılmadan hemen önce);	Küre	1	
	Orta	2	
	Uzun	3	
	Diğer	99	

14. Çiçek tomurcuk büyüklüğü (açmadan hemen önce);	Küçük	3	
	Orta	5	
	Büyük	7	
15. Çiçek büyüklüğü;	Küçük	3	
	Orta	5	
	Büyük	7	
16. Çiçek rengi;	Beyaz-sarı	1	
	Sarı-krem	2	
	Sarı	3	
	Koyu sarı	4	
	Turuncu	5	
	Yeşil	6	
	Diğer	99	
17. Yumurta tüylenme;	Kısa	1	
	Orta	2	
	Uzun	3	
18. Yumurtalık şekli;	Düz	1	
	Yuvarlak	2	
	Uzun	3	
	Çok uzun	4	
Meyve Karakterleri (aksi belirtilmediği sürece, meyve karakterleri, meyveler, olgunlaştığında ölçülecek)			
19. Meyve şekli;	Küresel	1	
	Basık	2	
	Kutuplara yassılaşmış	3	
	Oval (eliptik)	4	
	Piriform (armut gibi)	5	
	Yumurta şeklinde	6	
	Meşe palamudu	7	
	Uzamak	8	
	Tarak	9	
	Diğer	99	
20. Meyve büyüklüğü;	Çok küçük	1	<100g
	Çok küçük-küçük	2	100-200g
	Küçük	3	201-450g
	Küçük-orta	4	451-800g
	Orta	5	801-1200g
	Orta-büyük	6	1201-1600g
	Büyük	7	1601-2000g
	Büyük-çok büyük	8	2001-2600g
	Çok büyük	9	>2600g
21. Baskın meyve kabuk rengi;	Beyaz	1	
	Açık sarı	2	
	Krem	3	
	Soluk yeşil	4	
	Yeşil	5	
	Koyu yeşil	6	
	Siyahımsı yeşil	7	
	Turuncu	8	
	Kahverengi	9	
	Gri	10	
	Diğer	11	
22. Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi;	Beyaz	1	
	Sarı	2	
	Yeşil	3	
	Gri yeşil	4	
	Diğer	9	
23. Meyve uzunluğu;	Kısa	1	<16.0

	Orta	2	16.01-18.50
	Uzun	3	>18.51
24. Meyve çapı;	Dar	1	<14.21
	Orta	2	14.21-15.67
	Geniş	3	>15.67
25. Meyve iriliği;	Küçük	1	
	Orta	2	
	Büyük	3	
26. Olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğu;	Açık	1	
	Orta	2	
	Koyu	3	
27. Kabuk desen rengi (ikincil kabuk rengi);	Yok	0	
	Sarı	3	
	Kahverengi	5	
	Yeşil	7	
28. Kabuktaki ikincil renk dağılımı;	Yok	0	
	Benekli	1	
	Lekeli	2	
	Çizgili	3	
	Bantlı	4	
29. Meyve sapı uzunluğu;	Kısa	3	<23.81
	Orta	5	23.81-28.57
	Uzun	7	>28.57
30. Meyve sapı kalınlığı (mm);	İnce	3	<6.10
	Orta	5	6.10-6.72
	Kalın	7	>6.72
31. Mühür büyüklüğü;	Küçük	3	15
	Orta	5	15-35
	Büyük	7	35
32. Meyve eti kalınlığı (mm);	İnce	1	<27.42
	Orta	2	27.42-32.18
	Kalın	3	>32.18
33. Kabuk kalınlığı;	İnce	1	<5.83
	Orta	2	5.83-7.44
	Kalın	3	>7.44
34. Meyve eti rengi;	Beyaz	1	
	Yeşil	2	
	Krem-sarı	3	
	Turuncu	4	
	Sarımsı-pembe	5	
	Diğer	99	
35. Meyvede SÇKM (%)	Düşük	3	<11.89
	Orta	5	11.89-13.20
	Yüksek	7	>13.20
36. Meyvede pH	Düşük	3	<6.01
	Orta	5	6.01-6.20
	Yüksek	7	>6.20
37. Tohum ağırlığı (5. tohumda);	Az	1	13 mg >
	Orta	2	13-40 mg
	Çok	3	40 mg<
38. Tohum hilum sonu şekli;	Sivri	1	
	küt uçlu	2	
39. Tohum rengi;	Beyaz	1	
	Sarı-Beyaz	2	
	Krem-Sarı	3	
	Sarı	4	
	Açık Kahverengi	5	
	Kahverengi	6	
	Diğer	99	

40. Tohum büyüklüğü (mm)	Çok küçük	1	<5 mm
	Küçük	2	5-8 mm
	Orta	3	9-12 mm
	Büyük	4	12-16 mm
	Çok büyük	5	>16 mm
41. Tohum şekli (uzunluk/en)	Yuvarlak	1	<2.1
	Eliptik	2	2.1-2.5
	Oval	3	>2.5
	Üç köşeli	4	
	Çam tohumu	5	
	Diğer	99	
42. Tohum sayısı;	Az	1	<10
	Orta	2	10-100
	Fazla	3	>100

(IPGRI, 2003)

Yaprak karakterleri; Bitkinin orta kısmındaki yaprak genişlemesini tamamladığında ortaya çıkan şekil değerlendirilerek bu gözlem yapılmış ve yaprak karakterlerini değerlendirmek için her genotipten 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak taban şekli; Bitkinin orta kısmındaki yaprak genişlemesini tamamladığında ortaya çıkan şekil değerlendirilerek bu gözlem yapılmış ve yaprak taban şeklini değerlendirmek için her genotipten 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak lobları; Bitkinin orta kısmındaki yaprak genişlemesini tamamladığında ortaya çıkan şekil değerlendirilerek bu gözlem yapılmış ve yaprak lobluluğunu değerlendirmek için her genotipten 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak rengi; Bitkinin orta kısmındaki yaprak genişlemesini tamamladığında ortaya çıkan şekil değerlendirilerek bu gözlem yapılmış ve yaprak rengini değerlendirmek için her genotipten 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak ayası uzunluğu; Ana dal ortasında yer alan yapraktan, yaprak sap bitimi ile yaprak ucu arasında kalan mesafe cm cinsinden ölçülmüş ve yaprak ayası uzunluğunu değerlendirmek için 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak ayası genişliği; Ana dal ortasında yer alan yapraktan, yaprak sap bitimi ile yaprak ucu arasında kalan mesafe cm cinsinden ölçülmüş ve yaprak ayası genişliğini değerlendirmek için 8 bitki kullanılmıştır.

Yaprak en/boy indeksi; Ölçülmüş olan Yaprak ayası uzunluğu ve Yaprak ayası genişliğinin birbirine oranlanması ile elde edilmiş değerdir ve her genotip için 8 bitki de bu değer elde edilmiştir.

Yaprak sapı uzunluğu; Ana dal ortasında yer alan yapraktan, yaprak sapının birleştiği nokta ile ana gövde arasında kalan mesafe cm cinsinden ölçülmüş ve yaprak sap uzunluğunu değerlendirmek için 8 bitki kullanılmıştır.

Çiçek cinsiyet tipi; Kavun genotiplerinin ana gövdesi üzerinde ilk meyve gözlendiğinde her genotipten 8 bitki kullanılarak çiçek cinsiyet tipi belirlenmiştir.

Dişi çiçek/erkek çiçek oranı; Kavun genotiplerinde dişi ve erkek çiçek sayıları 8 bitki gözlenerek elde edilmiş orandır.

Çiçek tomurcuk şekli; Kavun genotiplerinde çiçek tomurcukları açılmadan hemen önce ve 8 bitkide olacak şekilde çiçek tomurcuk şekli gözlenmiştir.

Çiçek tomurcuk büyüklüğü; Kavun genotiplerinde çiçek tomurcukları açılmadan hemen önce ve 8 bitkide olacak şekilde çiçek tomurcuk büyüklüğü gözlenmiştir.

Çiçek büyüklüğü; Kavun genotiplerinde açmış olan çiçekler tablodaki kriterlere göre değerlendirilmiş ve bu değerlendirmede 8 bitki kullanılmıştır.

Çiçek rengi; Her kavun genotipinden yeni açılmış olan 10 adet çiçeğin taç yaprakları, tablodaki kriterlere göre değerlendirilerek sınıflandırılmıştır.

Yumurta tüylenme; Her genotipe ait yumurtalık üzerindeki tüyler kumpas yardımıyla ölçülmüş ve tablodaki kriterlere göre sınıflandırılarak yumurta tüylenme şekline her genotipten 10 yumurtalık ölçülerek karar verilmiştir.

Yumurtalık şekli; Her genotipe ait yumurtalıklar tablodaki kriterlere göre sınıflandırılarak yumurtalık şekline her genotipten 10 yumurtalık gözlenerek karar verilmiştir.

Meyve şekli; Meyveler olgunluğa ulaştığı dönemde, her kavun genotipinden 5 meyve kullanılarak gözlem alınmıştır.

Meyve büyüklüğü; Her kavun genotipinden hasat edilmiş meyvelerin ayrı ayrı ağırlıkları tartılmış ve meyvelerin ortalama ağırlıkları tablodaki kriterler göz önüne alınarak sınıflandırılmıştır.

Baskın meyve kabuk rengi; Her genotipten hasat edilmiş 5 meyvede, meyvenin en büyük yüzey alanını kapsayan renk gözlenmiş ve baskın meyve kabuk rengine karar verilmiştir.

Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi; Her genotipten hasat edilmemiş ve olgunluğa henüz ulaşmamış 5 meyve kullanılarak, meyvenin en büyük yüzey alanı kapsayan renk gözlenmiş ve olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengine karar verilmiştir.

Meyve uzunluğu; Hasat edilmiş olan her kavun genotipinden 5 meyvede, meyvenin çiçek burnu ile meyve sapı arasında kalan mesafe “cm” olarak ölçülmüş ve meyve uzunluğuna karar verilmiştir.

Meyve çapı; Hasat edilmiş olan her kavun genotipinden 5 meyveye ait çap “cm” olarak ölçülmüş ve meyve enine karar verilmiştir.

Meyve şekli; Genotiplere ait meyvelerin olgunlaştığı dönemde, her genotipten 5 meyvede olacak şekilde gözlem alınmış ve meyve şekline karar verilmiştir.

Meyve iriliği; Genotiplere ait meyvelerin en az %25'nin yapısı tablodaki kriterlere göre değerlendirilerek meyve iriliğine karar verilmiştir.

Olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğu; Her genotipten hasat edilmiş 5 meyvede, meyvenin en büyük yüzey alanını kapsayan rengin yoğunluğu gözlenmiş ve olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğuna karar verilmiştir.

Kabuk desen rengi (ikincil kabuk rengi); Her genotipten hasat edilmiş 5 meyvede, meyvenin en büyük yüzey alanını kapsayan rengin dışında kalan ikincil renk gözlenmiş ve ikincil kabuk rengine karar verilmiştir

Kabuktaki ikincil renk dağılımı; Genotiplere ait meyveler üzerindeki lekelerin, tabloda verilen kriterlere göre değerlendirilmesi ile karar verilmiş olup bu gözlem 5 meyvede gerçekleştirilmiştir.

Meyve sapı uzunluğu; Hasat zamanına ulaşmış genotiplere ait meyvelerin, bitkiye bağlandığı nokta ile meyveye bağlandığı nokta arasında kalan mesafe (mm) belirlenerek karar verilmiş olup her genotipten 5 meyve ölçülerek belirlenmiştir.

Meyve sapı kalınlığı; Hasat zamanına ulaşmış genotiplere ait meyvelerin, bitkiye bağlandığı bölgeden 1 cm uzaklıktaki meyve sapının kalınlığı kumpas yardımıyla ölçülmüş (mm) ve meyve sap kalınlığına her genotipten 5 meyve kullanılarak karar verilmiştir.

Mühür büyüklüğü; Genotiplerde meyvelerin sap kısmının bulunduğu yerin tam zıt yönünde, meyve mührünün bulunduğu kısmın büyüklüğü kumpas yardımıyla ölçülmüş ve mühür büyüklüğüne her genotipten 5 meyve ölçülerek belirlenmiştir.

Meyve eti kalınlığı; Hasat zamanına ulaşmış genotiplere ait meyvelerin dış kabuk kalınlığı ve çekirdek evi arasındaki mesafe 5 meyvede kumpas yardımıyla ölçülerek meyve eti kalınlığına karar verilmiştir.

Kabuk kalınlığı; Hasat zamanına ulaşmış genotiplere ait meyvelerin 5 adedinde meyve et kısmının sonu ile meyvenin yüzeyi arasında kalan kısmın kumpas yardımıyla ölçülmesi sonucunda kabuk kalınlığına karar verilmiştir.

Meyve eti rengi; Hasat zamanına ulaşmış genotiplere ait meyvelerin 5 adedinde tabloda yer alan kriterler doğrultusunda değerlendirilerek meyve et rengi belirlenmiştir.

Meyvede SÇKM (%); Refraktometre yardımı ile her genotipe ait suda çözünebilir kuru madde miktarları 5 meyvede olmak koşuluyla hasat olgunluğuna ulaşmış meyvelerde ölçülmüştür.

Meyvede pH; pH metre kullanılarak genotiplerin asidite oranları her genotipte 5 meyve kullanılarak hasat olgunluğuna ulaşmış meyvelerde ölçülmüştür.

Tohum ağırlığı (5. tohumda); Her genotipten hasat edilmiş olan 5 meyvede oda koşullarında kurutulmuş olan tohumlar arasından rastgele seçilen 5 adet tohumun ağırlığı 0.01 g hassasiyetindeki terazi kullanılarak "g" cinsinden belirlenmiştir.

Tohum hilum sonu şekli; Her genotipten hasat edilmiş olan 5 meyvede oda koşullarında kurutulmuş olan tohumlar arasından rastgele seçilen 5 adet tohumun hilum sonu şekli tablodaki kriterlere göre gözlemlenmiştir.

Tohum büyüklüğü; Her genotipten 5 meyveden alınarak kurutulan tohumlardan 5'er adet tohumun boyu ve eni dijital kumpast kullanılarak "mm" cinsinden ölçülmüştür.

Tohum şekli; Hasat edilmiş genotiplerin 5 meyvesine ait tohumlardan ölçülmüş olan en ve boy uzunlukları birbirine oranlanmış ve tablodaki kriterlere göre sınıflandırılmıştır.

Tohum sayısı; Hasat edilmiş genotiplerin 5 meyvesine ait tohumların miktarı sayılarak tohum sayısına karar verilmiştir (**Şekil 3.4.**)



Şekil 3.4. Morfolojik ölçüm ve gözlemlerden genel bir görünüş (Orijinal)

3.4. Morfolojik Verilerin İstatistiksel Analizi

İncelenen bu morfolojik özellikler kullanılarak genotipler arasındaki ilişkiyi belirlemek adına tüm veriler kümeleme analizine tabi tutulmuştur. Bu analiz için SPSS bilgisayar programında bulunan Ward metodundan faydalanılmıştır. Yine SPSS bilgisayar

programı kullanılarak aynı verilere temel bileşenler analizi (PCA) ile faktör analizi yapılmıştır.

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılacak SSR primerleri

SSR	Sekans	Referans
CM07	F: TTTCCCGCATTGATTTTCTC	KONG ve ark. (2007)
	R: GAGAAACGCTTCCCACAAAC	
CM16	F: TGCCTGTTGTGATTGAGGAG	
	R: TTCTTCTTACCTCCGCCAAA	
CM21	F: CGGGGAATTTGTGCTCTATG	
	R: CCCAAACAAAGCCAAAAGAA	
CM53	F: CTGCCGTGAAGGAGAAGAAC	
	R: AGCCTCAATCCCCAATCTCT	
CM55	F: CCTCTCTCTTTCCCCACCTC	
	R: GAAACAGAAGGAGCCACAGC	
CM43	F: CTCTTCCAATCACCGCCTCT	
	R: AAGGAGGAGCATGAGGGAAT	
CM39	F: GATTTCCCCTCCGAACTCTC	
	R: TTGCCCTAAAACCCTCACAC	
CM17	F: CCTTCATCATCATCATCGTCA	
	R: GACCGGCAGTGGACATAGTT	
CM05	F: TCCAACGAAATCCCACTGTT	
	R: AGCCGTTCTTCCGGATAGTT	
CM30	F: TCAAACCTAAACCCTAAACCTAACC	
	R: AGGATGATCGGGGAAGAAAT	
CMGA104	F: TTACTGGGTTTTGCCGATT	Chiba ve ark. (2003)
	R: AATTCCGTATTCAACTCTCC	
CMCTT144	F: CAAAAGGTTTCGATTGGTGGG	
	R: AAATGGTGGGGGTTGAATAGG	
CMTA134a	F: ACGTGCTTCAGTAAACATG	
	R: CCGACATTGAAAACCAACTTC	
CMAGN68	F: GGAAGGAAATTAGCATGCAC	Gonzalo ve ark. (2005)
	R: GCCACTCTGTCTTTCTTCC	
CMAGN73	F: ATCCAACTCGACCAAGAAAC	
	R: CAGCTCTACAACAACATCTC	
CMMS2-3	F: ATCACCCACCCCACCACTGCCAAAA	Danin-Poleg ve ark. (2001)
	R: CCTTGAAAAACCACCAACATAACAC	
CMTAA166	F: GGAACAGACACCTCTTCTGAG	KONG ve ark. (2007)
	R: TCCGTCTACAAGCGTGACTGT	
CMMS14-1	F: CATTGCTACTATTGTCGTCGTTGCT	Chiba ve ark. (2003)
	R:TTTCTTTCTTTTCCGTATCCATTTT	
CMMS33-1	F: TGTAATAGGATGACCAAGGGGAGTT	
	R: TTCAGGAGCTACAACAAGATTTCAA	
CMMS3-1	F: AAATATAAGCAAACCAAAGTTGACC	
	R: CCGGGATATACGGACATACACACAC	
CMMS12-4	F: GATGCGGTGAGAAAGAGTTGAGAGA	
	R: AGAGGGAGAGAGTTTGTAAAAAAAT	
CMMS004	F: GCCCAACGGACACACTCACTCACAC	
	R: GAGGGAGTAAGAATAAGAAGAAGAA	
CMMS15-4	F:GTCCGCCATCGCCACTACAAATCAA	
	R:CTCCGTAAAACCTTCTTCCTCTCTC	

3.5. SSR Primerlerine ait Bilgiler

Kavun genotiplerinin genetik çeşitliliğini belirlemek üzer farklı kaynaklardan polimorfik bilgi içeriği yüksek olan SSR markörleri seçilmiştir. Seçilmiş olan primerler referans kaynaklarda belirtilen moleküler markörlerin sentezlenmesi ve toplanan kavun genotiplerinden izole edilmiş olan DNA'lar üzerinde referans kaynaklarda belirtildiği koşullar altında uygulanması ile gerçekleştirilmiştir. Seçilen genomik SSR markörlerine ait sekans bilgileri primer ve referans bilgileri Çizelg **3.4.**'de yer almaktadır

3.6. DNA İzolasyonu, PCR ve Kapillar Elektroforez

DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu için yaprak örnekleri arazide yetiştirilen bitkilerden alınmıştır. Her bir genotipten en az 7 bitkiden olmak koşuluyla toplam minimum 56 x 7 = 392 adet DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. İzolasyonu sonucunda elde edilen DNA'lar ile yeni geliştirilmiş SSR markörleri ve hastalık ile ilgili moleküler markörler kullanılarak hastalık taramaları moleküler olarak gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonu aşamasında kullanılan kimyasallar ve izolasyon protokolüne ait basamaklar şu şekilde sıralanmaktadır;

- Araziden alınan yaprak örnekleri izolasyona başlamadan önce 100 mg olacak şekilde tartılmış ve 2 ml'lik eppendorf tüplere pens yardımıyla yerleştirilmiştir.
- Tüplerin üzerine ekstraksiyon çözeltisi (750 µl CTAB + 50 µl SDS (%10 luk) + 50 µl NaCl (3M)) olacak şekilde eklenmiştir.
- Tüplerin içerisine parçalamayı sağlayan bilyeler eklenerek Qiagen TİssueLyzerII cihazında dokuların parçalama işlemi gerçekleştirilmiştir.
- TİssueLyzerII cihazında sonra tüplere 85 µl β-mercaptoethanol (% 0.2) eklenmiş ve vorteks ile karışması sağlanmıştır.
- Örnekler 65°C olan blok ısıtıcıda yaklaşık 1 saat bekletilmiştir.
- Blok ısıtıcıdan sonra RNA kalıntılarını yok etmek için tüplere 3 µl Rnase A eklenip 15 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir. Böylece DNA içerisindeki RNA kalıntıları yok edilmiştir. Bu işlem DNA kalite jelinden sonra gerekli görüldüğünde tekrarlanmıştır.
- Oda sıcaklığında bekletilmiş olan örneklerin üzerine 935 µl Phenol:cloroform:isoamylalkol (25:24:1) eklemiş, vorteks ile karıştırılmış ve tekrar 3 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir.

- Phenol:cloroform:isoamylalkol aşamasından sonra 9000 rpm'de 10 dakika boyunca santrifüj edilmiştir.
- Üst fazdan yeni 1,5 ml'lik deney tüplerine 400-600 µl arasında herhangi bir fazı bozmadan şeffaf olan kısımdan aktarılmıştır.
- Yeni tüplere aktarılan üst fazın üzerine önceden dolapta bekletilmiş soğuk isopropanol (% 100) 0,6 volume olacak şekilde eklenmiştir. (1000 µl süpernatant için 600 µl isopropanol olarak eklenir)
- Tüpler hafifçe karıştırılmış (DNA'nın en kırılgan olduğu aşama olduğu için) ve +4 ^{o}C sıcaklıkta 45 dakika ila 1 saat arasında bekletilmiştir.
- İzole edilen DNA'nın çöktürülmesi amacıyla bekletilmiş örnekler 15.000 rpm'de 5 ila 10 dakika arasında santrifüj edilmiştir.
- Deney tüpünün dip kısmında çökmüş olan DNA'ya zarar verilmeden sıvı kısmı tüpten uzaklaştırılmıştır
- Son olarak dip kısmındaki DNA'yı 1000 µl %70'lik ethanol eklenerek 15.000 rpm'de 5-10 dakika santrifüj edilerek yıkanmıştır.
- Deney tüplerinin içinde alkol kalmayacak şekilde kurutulmuştur (ortalama 50 ^{o}C'de 2-3 dakika)
- Kurutulan örnekler 100 µL distile su kullanılarak bir gün boyunca +4 ^{o}C'de bekletilmiş ve DNA'nın çözünmesini sağlanmış, işlemlere bu aşamadan sonra devam edilmiştir.

İzolasyonu yapılmış olan DNA örneklerinin saflığı ve miktarları, Nanodrop spektrofotometre cihazı kullanılarak ölçülmüş ve sonraki aşamalarda kullanılmak üzere uygun konsantrasyonlarda seyreltilmiştir. Bu ölçümler sonucunda kalite ve konsantrasyon açısından yetersiz bulunan örneklerde tekrar izolasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Seyreltilmiş olan her bir genotipe ait 7 adet DNA'dan eşit miktarda alınarak bir bulk DNA karışımı oluşturulmuş ve genetik çeşitlilik analizi için geliştirilen SSR markör taramaları bu bulk DNA karışımı üzerinde çalışılmıştır.

Polimeraz Zincir Reaksiyonları

Seçilmiş olan genomik SSR primerleri ile moleküler karakterizasyonları gerçekleştirmek için **Çizelge 3.4.**'de yer alan primer listelerine uygun PCR koşulları oluşturularak reaksiyonlar gerçekleştirilmiştir. Kalite jeli ve konsantrasyonu ölçülmüş olan

DNA örnekleri 25 ng/µl olacak şekilde ara stoklara seyreltilmiştir. Reaksiyon bileşenleri aşağıdaki **Çizelge 3.5.**'de yer almaktadır.

PCR reaksiyonları her bir primer için 35 döngü olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Reaksiyonlara ait sıcaklık döngüsü aşağıdaki gibi ayarlanmıştır;

1.	Başlangıç Denatürasyon basamağı	95 ^{o}C	10 dakika
2.	Denatürasyon basamağı	95 ^{o}C	30 saniye
3.	Annealing (Bağlanma) basamağı	primere özgü	30 saniye
4.	Uzama basamağı	72 ^{o}C	30 saniye
5.	Sonlanma basamağı	72 ^{o}C	10 dakika
6.	Bekleme basamağı	+4 ^{o}C	∞

Numaralandırılmış olan reaksiyon basamaklarından **1**. Basamak 1 kez, **2-4**. arasındaki basamaklar toplam 35 kez, **5.** basamak bir kez tekrar edilmiştir.

Çizelge 3.5. PCR bileşenleri, kullanılan miktarları ve konsantrasyonları

Bileşen	**Miktar (µl)**	**Konsantrasyon**
AmplitaqGold® PCR Tamponu	2	2X
dNTP (Promega)	1	0,2 mM her birinden
$MgCl_2$	1	2,5 mM
Primer F	1	300 nmol
Primer R	1	300 nmol
AmplitaqGold® polimeraz enzimi	1	0.5 ünite
DNA	1	25 ng/µl
PCR hassasiyetinde su	12	-
Toplam	**20**	**-**

Kapiler Elektroforez

56 adet kavun genotipine ait DNA örnekleri kullanılarak çoğaltılmış olan yeni geliştirilmiş EST-SSR ve hastalık ile ilgili markörler, Qiaxcel Fragment Analyzer (Qiagen Sample&Assay Technologies) kapiler elektroforez sistemi ile görüntülenmiştir. Bu amaçla Qiaxcel DNA High Resolution Kitin kullanıma hazır kapiler kartuşu, dye-gel karışımı ile doldurulmuş, kapiler elektroforezde reaksiyon sonuçlarını görüntülemek için kullanılmıştır. Böylelikle SSR markör setinin oluşturduğu polimorfik bantlar ve alel sayıları skorlanmıştır.

3.7. Moleküler Verilerin Skorlama ve Polimorfik Bilgi İçeriği Analizi

Kantitatif olarak, polimorfizm derecesi genellikle iki farklı yöntem ile ölçülür. Bunlardan biri heterozigotluk (Nei genetik uzaklık yaklaşımı) olarak bilinir ve iyi formülize

edilip çalışılmıştır (Nei ve Roychoudhury, 1974). Diğer ve en önemlisi olan Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri, genellikle genetik olarak bağlantı analizinde kullanılan bir markör (lokus) için polimorfizmin bir ölçüsü olarak kullanılır (Botstein ve ark., 1980; Shete ve ark., 2000). Her bir SSR markörü için polimorfizm bilgi içeriği (PIC- Polymorphism information content) Anderson ve ark. (1993) tarafından tanıtılan formüle göre hesaplanmıştır;

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{k} p_i^2$$

pi i'inci allel'in sıklığını (frequency) ve k ise her lokus için farklı allel'lerin toplam sayısını vermektedir.

Genotiplere ait genetik yapıların tahmin edilmesi için kullanılan diğer önemli kriterler şu şekilde sıralanmıştır; polimorfik lokuslar ve bunlara ait yüzdeleri, polimorfik lokuslarda gözlemlenen allel sayıları (Na), bu lokuslardaki etkili allel sayıları (Ne), Nei (1987) belirttiği gözlenen heterozigotluk değeri (Ho) ve beklenen heterozigotluk değerleri ile (He), Shannon sabiti (I) ve standart hataları hesaplanarak çeşitlilik analizlerinde kullanılmıştır. (GenAlEx)

EMR = n_p x (n_p/n) (Chesnokov ve Artemyeva, 2015)

n; bir marköre ait toplam skorlanan bant sayısı, n_p; bir marköre ait polimorfik bant sayısıdır. Üretilen bu veriler kullanılarak takip eden formül ile markör indeksleri hesaplanmıştır.

MI = PIC x EMR (Chesnokov ve Artemyeva, 2015)

Ayrica genotipler üzerinde kullanılan markörlerin Fiksasyon indeksleri aşağıda sunulan formül kullanılarak hesaplanmıştır;

$F_{st} = (H_e - H_o)/H_e$

3.8. Genetik Benzerlik Analizi

SSR marköri; bütün genotiplere ait özgün bir lokus için mikrosatellite değerleri: var için 1, yok için 0 ve heterozigot bireyler içinde 0.5 gibi değerlerle skorlanmıştır ve elde edilen veriler text dosyasına dönüştürülerek DARwin 6 yazılımında analize hazır hale getirilmiştir. Genotipler arasındaki genetik ilişkiyi (benzerliği) ortaya çıkarmak için DARwin 6 paket programı kullanılarak analizi gerçekleştirilmiştir ve genotipler arasındaki genetik uzaklık değerleri belirlenmemiştir. Genotipler arasındaki genetik uzaklık değeri Nei'nin genetik benzerlik indeksi (The Nei index of genetic similarity) kullanılarak hesaplanmıştır (Nei ve Li, 1979).

Genotipler arasındaki benzerliğin bir başka ölçütü olan ve genetik mesafeler baz alınarak gerçekleştirilen temel koordinat analizleri (PCoA) de yapılmıştır. Buna göre genotipler arasındaki ilişki mevcut değerin 0' a yaklaşması benzerliğin az olduğunun; 1' e yakın olması durumu ise

genetik olarak birbirlerine yakın olduklarının göstergesi olarak değerlendirilmiştir. Bu verilerin değerlendirilmesi ve görselleştirilmesinde Darwin 6 paket programından sıklıkla faydalanılmıştır (Perrier ve Jacquemoud-Collet, 2006).

3.9. Popülasyon Structure Analizi

İçerisinde standart çeşit ve yerel kavun genotiplerini de içeren toplam 57 adet kavunda yukarıdaki aşamalar sonucunda geliştirilmiş olan EST-SSR markörleri PCR reaksiyonları sonucunda kapillar elektroforezde yürütülmüş, sonuçlar skorlanmış ve genotipler arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek amacıyla kullanılmıştır. Kavun genotipleri arasındaki poülasyonun durumunu ortaya koymak için bu çalışmalarda sıklıkla kullanılan STRUCTURE programı kullanılmıştır (Pritchard ve ark., 2000). Programın temel prensibi skorlanan bireyler arasında bulunan ayırt edici allelleri kullanarak popülasyon içerisindeki grupları belirlemeye çalışmaktır. Skorlanan lokuslardaki allellere ait frekanslar kullanılarak oluşturulan sayı popülasyonunu temsil eden grup sayısı olarak belirlenir ve sayı değeri K değerine karşılık gelmektedir. Mevcut kavun popülasyonundaki K değerini belirlemek amacıyla 1-10 arasında varsayımda bulunularak analiz yapılmıştır (Evanno ve ark., 2005). Programın burn in period ve burn-in lenght ayarları 5000-50.000 Markov Chain Monte Carlo tekrarı ve K değerlerinin her biri için 3 tekrar olacak şekilde ayarlanmış ve analiz gerçekleştirilmiştir. Bu analiz sonucunda elde edilen K değerleri için en yüksek olasılıklı olan ΔK değerini hesaplamak için de STRUCTURE HARVESTER programı kullanılmıştır (Earl ve vonHoldt, 2012). Ortaya çıkan ΔK değeri bize popülasyondaki grup sayısını vermektedir.

3.10. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

Moleküler Varyans Analizi (AMOVA), popülasyonların farklılaşmasını /birbirinden ayrışmasını doğrudan moleküler verilerden tahmin etmek ve bu farklılaşma hakkında oluşturulan hipotezleri test etmenin etkili ve kuvvetli bir yöntemidir. Çeşitli moleküler veriler - moleküler markör verileri (örneğin, RFLP veya AFLP), doğrudan sekans verileri veya bu moleküler verilere dayanarak oluşturulan filogenetik ağaçlar - bu yöntem kullanılarak analiz edilebilir. AMOVA, her türlü ham moleküler (Örneğin; a 1 x n matriksi 1 ve 0 gibi verilerden oluşur ve burada bir markörün varlığını 0 ise yokluğunu ifade eder) veriyi bir Boolean pi vektör olarak ele alır işler ve sonuç çıkartır. Bir markör bir nükleotit bazının varlığı yokluğu, bir baz sekansı değişikliği, bir kısaltılmış/delesyona uğramış bir fragment veya bir mutasyon

olayı olabilir. Oluşturulan vektör çiftleri arasındaki öklid mesafeleri (Euclidean distances) sonraki aşamada bir haplotipin Boolean vektörünün formülü (pj-pk)'ye göre hesaplanır. Pj ve pk vektörlerindeki değerlerin n boyutlu uzayda kesişimleriyle gösterilen noktalar olarak görselleştirilirse, öklid mesafesi basitçe bu iki nokta arasındaki en kısa mesafeye eşit bir skalayı ifade etmektedir. Ortaya çıkan bu en kısa mesafenin karesi alınarak Kareli Öklid mesafeleri hesaplanır. Bu kareli öklid mesafeleri Boolean vektörlerinin tümü için çift yönlü olarak hesaplanır. Hesaplanan bu Boolean matrislerinden alt-matrisler oluşur ki bunlarda popülasyonun ayrıştığının bir göstergesidir (Excoffier ve ark., 1992).

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Morfolojik Karakterizasyonlar

Kırgızistan'nın farklı bölgelerinden toplanmış olan 35 adet genotip ve 13 adet Türkiye genotipi 25 adet kalitatif ve 17 adet kantitatif olmak üzere toplam 42 adet özelliğin ölçülmesi ve gözlemlenmesi sonucunda birbirleri arasındaki ilişki değerlendirilmiştir (**Şekil 4.1.**)



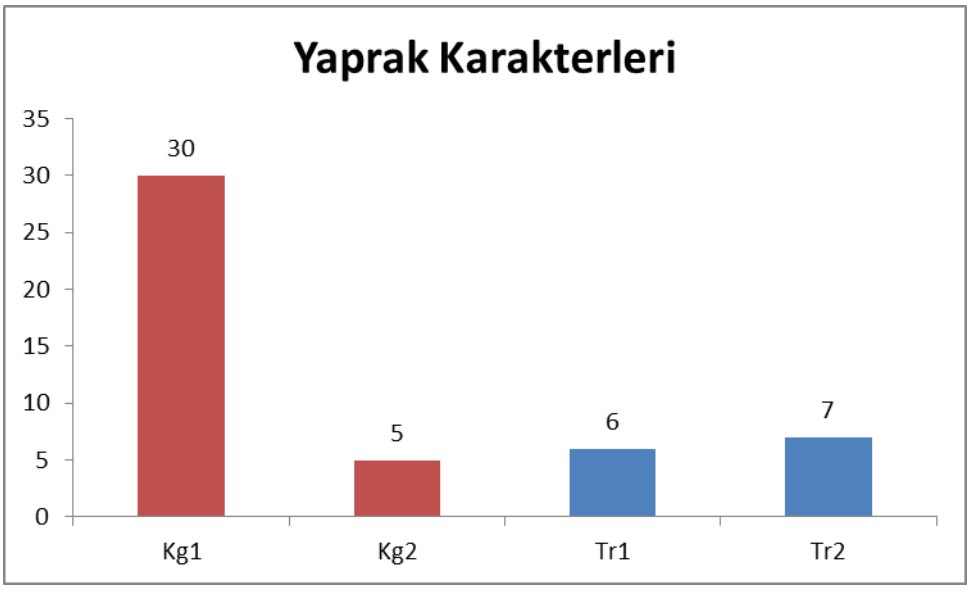
Şekil 4.1. Kavun meyvelerinden genel görünüş (Orijinal)

4.1.1. Kalitatif Özellikler

1. Yaprak Karakterleri

Kırgızista'nın çeşitli bölgelerinden (35 adet) ve Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden toplanmış (13 adet) ve toplamda 48 adet olan genotipler yaprak karakterleri açısından gözlenmiştir. Yapılan gözlem sonucunda yaprak karakterleri açısından genotiplerin %25'i 5

dilimli ve kalan %75'nin de tüm (bütünleşik) karaktere sahip olduğu Şekil 4.2'de gösterilmiştir (Şekil 4.3.). Kırgızistana ait genotipler (35 adet) içerisinde %85,7'si bütünleşik (30 adet) ve %14,2'sinin (5 adet) de pentalobat olduğu belirlenmiştir. Türkiye genotiplerinin (toplam 13) 6 adedi bütünleşik ve 7 adedinin de pentalobat olduğu görülmüştür. Bilindiği gibi bitki yaprakları fotosentetik besin temini, gaz değişimi, besin maddelerinin dağıtımı ve su taşınımı için oldukça önemlidir (Tsukaya, 2006). Yaprak şekli ve yaprak kenarındaki derin loblara sahip yapraklar ısı transferini iyileştirebilir ve böylece yaprak sıcaklığının azalmasını sağlayabilir. Ayrıca, yaprak yapısı ve lobları yaprak tarafından üretilen gölge miktarı üzerinde etkilidir. Bu durumun bitkinin fotosentezde aktif olarak kullandığı ışık miktarı üzerine doğrudan etkisi vardır (Niklas, 1989; Vogel, 2009). Soltani ve ark. (2010)'daki çalışmalarında İran kökenli kavun genotiplerini moleküler ve morfolojik olarak karakterize etmişlerdir. Bu çalışmada: yaprak karakterleri ile yapılan faktör analizinde morfolojik karakterizasyonu açıklamada %9.9 oranında diğer bazı bazı karakterler ile birlikte çalışmaya katkı sağlamıştır. Zhang ve ark. (2012) Asya kökenli kavun ve hıyar genotiplerinin yaprak karakterlerini, bütün, kordat, üçgen, reniform ve pentalobat olmak üzere beş tür yaprak şekli kaydedilmiştir. Erdoğan (2016) göller bölgesinden topladığı 94 adet yerel genotipte % 67'si tam, % 5.3'ü üç loblu, % 8.5'i beş loblu, % 16'sı üç loblu ve % 3.2'si de diğer grupta yer aldığını belirtmiştir. Tez çalışmasında yer alan materyallerin yaprak karakterleri açısından pentalobat ve tüm (bütünleşik) olarak iki gruba ayrıldığı görülmektedir. Yapılan çalışmalar ile kıyaslandığında tez kapsamındaki genetik materyal belirlenen bu sınırlar arasında yer aldığı görülmektedir.



Şekil 4.2. Genotiplere ait yaprak karakteri frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: tüm(bütünleşik), 3: Pentalobate)(Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

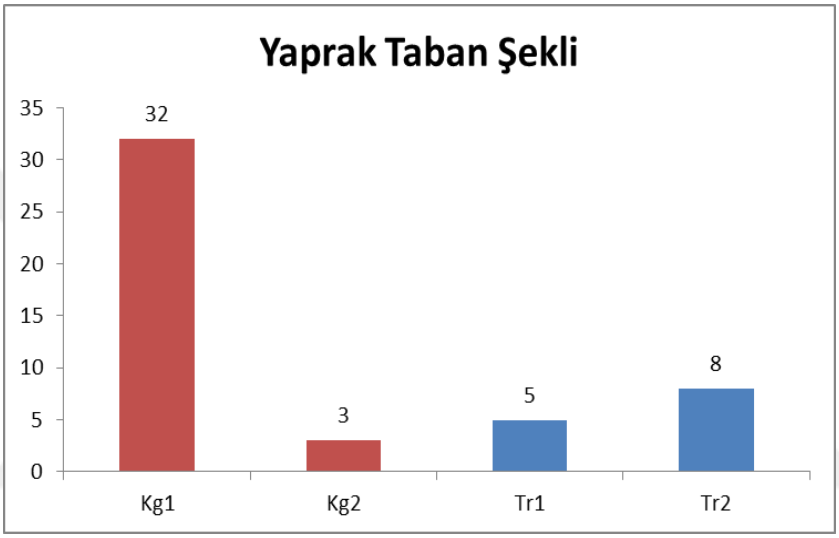


Şekil 4.3. Yaprak karakterlerinden bir görünüş (Orijinal)

2. Yaprak taban şekli

Yaprak taban şekli açısından tez çalışmasına dahil edilen genotipler gözlemlenmiş ve genotiplerin %23'si (11 genotip) sivri şekil gösterirken kalan %77'inin (37 adedi) yaprak taban şeklinin düz olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.4). Kırgızistan genotipleri kendi içerisinde %90'ı (32 adet) düz ve %10'u (3 adet) sivri olarak belirlenmiştir. Türkiye genotiplerinde bu durum 5 adedi düz ve 8 adedi sivri şeklinde gözlemlenmiştir. Szamosi ve ark. (2010) Türkiye ve Macaristan genotipleri üzerindeki çalışması neticesinde %62'si kalp şeklinde olmasına karşın %38'inin sivri olduğu belirlenmiştir. Liu ve ark. (2004) çalışmalarında toplam 72 adet kavun genotipini 35 adet morfolojik karakteri kullanarak karakterize etmişlerdir. Morfolojik karakter içerisinde yaprak taban şekli de yer almış ve temel bileşenler analizine katkı sağlamıştır. Sensoy ve ark. (2007) çalışmasında da UPOV kriterleri arasında yer alan bu

özellikten faydalanılmıştır. Ayrıca Trimech ve ark. (2013) çalışmasında, yaprak taban şeklini belirleyen terminal lob uzunluğu araştırmacıların morfolojik olarak karakterizasyonu gerçekleştirmelerinde yüksek korelasyon göstererek temel bileşenler analizine katkı sağlamıştır. Sensoy ve Sahin (2012) çalışmasında terminal loba göre yaptıkları sınıflandırmada 30 adet genotip içerisinden %3,3'ünde sivri, %6,6'sını orta düzeyde uzun ve kalan %90,1'inin de tüm olduğunu ifade etmişlerdir. Çalışmamız sonucunda elde edilen sonuçlar yapılmış çalışmalar ile benzerlik göstermiştir. Elde edilen sonuçlar neticesinde çizilen dendrogram ile ilişki net bir şekilde ortaya konulmuştur.

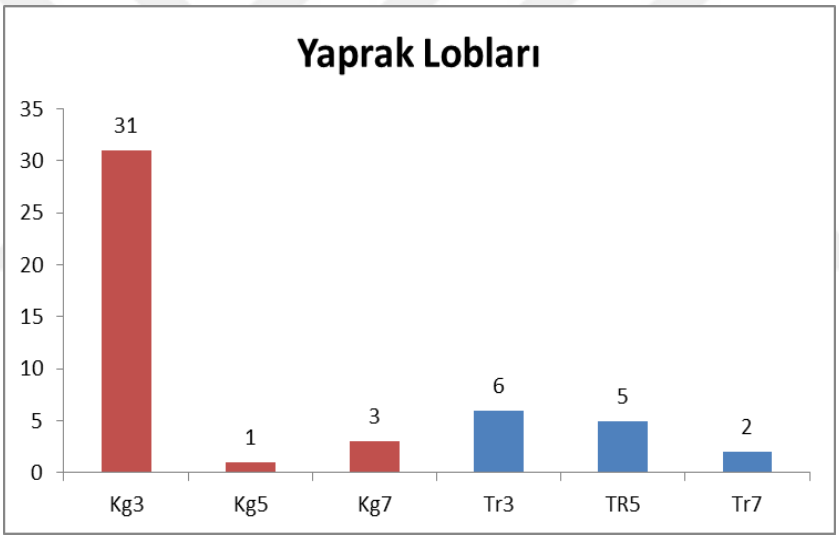


Şekil 4.4. Genotiplere ait yaprak taban şekli frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: kalp şeklinde 2: Sivri) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

3. Yaprak dilimliliği

Morfolojik karakterizasyon çalışmalarında yaprak loblarının durumu sıklıkla kullanılmaktadır. Yapraklarda lobların bulunması ve bunların derinliği bir derecede bitkinin güneş ışığından faydalanma oranına etki etmektedir. Loblar bitkilerde güneş yanığını önleyebileceği göz önüne alındığında, özellikle güneşli bölgelerde/tarafta büyüyen bitkiler için oldukça yararlı olduğu belirtilmiştir (Gao ve ark., 2014). Bu durum yaprak karakterlerinde de belirtilmiş olup bu iki karakter birbirleri ile yakından ilişkilidir. Kavun genotiplerinin yapılan gözlemler sonucunda yaprak lobları durumu şu şekilde tespit edilmiştir; genotiplerin %77'si (37 adet) loblar sığ, %12,5 loblar orta (6 adet) ve %10,5'inde (5 adet) ise loblar derindir (Şekil 4.5). Kırgzistan genotipleri kendi içinde değerlendirildiğinde; genotiplerin %88,5'i (31 adet) sığ, %8,5'i derin (3 adet) ve %3'ü (1 adet) de orta derecede lob

yapısına sahip olduğu görülmüştür. Türkiye genotiplerinde sırasıyla 6 adet sığ 5 sdet orta ve 2 adet de derin lob yapısında yapraklar olduğu gözlenmiştir. Szamosi ve ark. (2010) çalışmasında Türk ve Macaristan kökenli kavun genotipleri üzerinde yaptığı çalışmada genotiplerin %22'sini sığ, %40'ını orta ve %38'ini de derin olarak sınıflandırmışlardır. Trimech ve ark. (2013) Tunus kökenli 29 adet kavun genotiplerine ait lob durumunu şu şeklide özetlemiştir; genotiplerden 10 adet genotip lob açısından zayıf (3.0 < X2 < 3.1), 8 adedi (X2 = 5,3) ve 6 adedi (X2 = 6,5) de skorlanmıştır. Yapılan çalışmalar ile kıyaslanacak olursa tez kapsamındaki genotipler daha çok sığ kategorisinde bir yayılma göstermiştir. Orta ve derin lob sayısına ait genotip sayıları azdır. Verilmiş olan bu çalışmalarda yüzde ve ya genotip sayıları birbirine yakındır, hatta Szamosi ve ark. (2010) çalışmasında yüzde olarak yığılma daha çok orta ve derin lob kısmında görülmektedir.



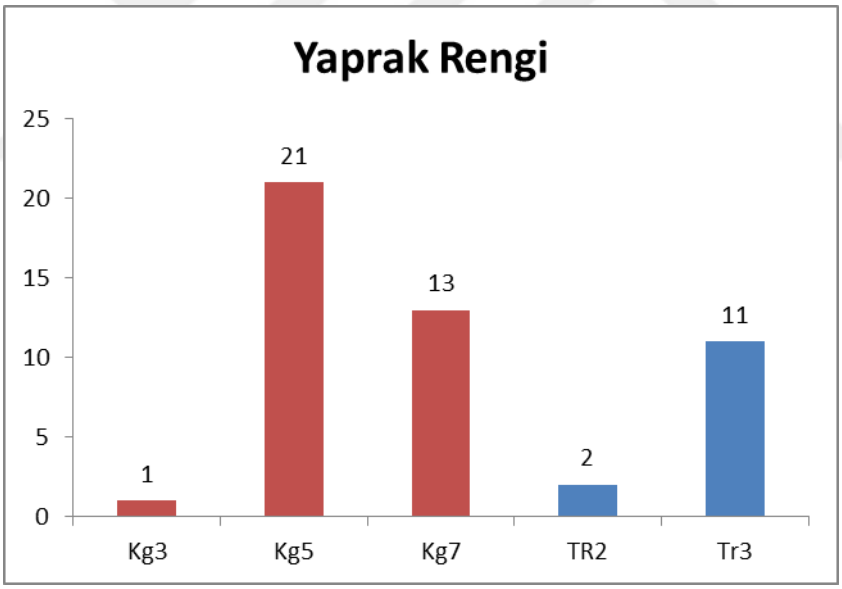
Şekil 4.5. Genotiplere ait yaprak loblarının frekanslarını gösteren sütun grafiği (3: sığ, 5: Orta, 7: Derin lob yapısı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

4. Yaprak rengi

Klorofil içeriği ve kloroplast gelişimi doğrudan fotosentezin etkinliği ile ilgilidir (Ming ve ark., 2016). Klorofil biyosentez mekanizmasında yer alan çok sayıda gen olduğu için, bu genlerin veya bunların düzenleyicilerinin herhangi birindeki mutasyonlar, klorofil içeriğinde (yok veya eksik) değişikliklere ve dolayısıyla yaprak veya bitki renginde değişikliklere yol açabilir (Masuda, 2008). Bitki yaprak rengi varyasyonuna, klorofil sentezini

ve bozulmasını doğrudan veya dolaylı olarak etkileyen, böylece klorofil içeriğini belirleyen genetik mutasyonlar neden olur (Gao ve ark., 2016).

Çalışma kapsamındaki genotiplerin %2,1'i açık yeşil, %47,9'u yeşil ve %50'si koyu yeşil olarak gözlemlenmiştir (Şekil 4.6.). Kırgızistan genotiplerinin %60'ı (21 adet) yeşil, %37'si (13 adet) koyu yeşil ve %3'ü (1 adet) açık yeşil olduğı gözlemlenmiştir. Buna karşılık Türkiye genotipleri çoğunlukla koyu yeşil (11 adet) yapraklardan oluşmuştur. Sadece 2 genotipin yeşil olduğu gözlemlenmiştir. Pitrat (2008) genellikle doğu Asya'da yetiştirilen conomon, chinensis ve makuwa türü kavunların yapraklarının koyu yeşil olduğunu bildirmiştir. Lázaro ve ark. (2017) 62 adet İspanyol kavun genotipinde yaprak renk durumlarını morfolojik karakterizasyonda kullanmışlardır. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarında 58 kavun genotipini kullanmışlar ve yaprak renkleri açısından bu genotipleri %2 açık yeşil, %74 yeşil ve %24'ü de koyu yeşil olarak sınıflandırmışlardır. Tez çalışması sonuçları renk açısından benzer sonuçlar sergilemektedir. Yeşil ve koyu renkler çoğunluktadır.

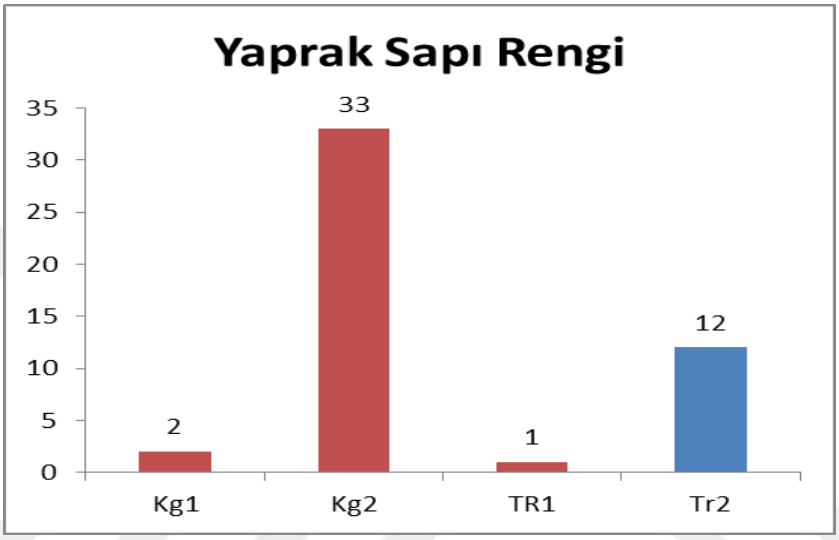


Şekil 4.6. Genotiplere ait yaprak rengi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: açık yeşil, 2: yeşil, 3: koyu yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

5. Yaprak sap rengi

Genotiplerin yaprak sap renkleri Uluslararası Bitki Genetik Kaynakları Enstitüsü standartlarında belirtilen açık yeşil, yeşil, koyu yeşil, yeşil-mor ve diğer renkler açısından gözlemlenmiştir. Gözlemlenen bu renk skalasından mevcut genotipler içerisinde sadece yeşil ve açık yeşil renkler ile karşılaşılarak bu renkler kaydedilmiştir. Bu kapsamda genotiplerin

%6,3'i (3 adet) açık yeşil ve kalan %93.7'u (45 adet) yeşil olarak belirlenmiştir (Şekil 4.7.). Kırgızistan genotipleri kendi içerisinde yaprak sap renkleri açısından %94,2'si (33 adet) yeşil ve %5,8'i (3 adet) açık yeşil şeklinde olduğu görülmüştür. Türkiye kökenli genotiplerde yaprak sap renkelerinin büyük çoğunluğunun (12 adet) yeşil olduğu görülmüştür. Yapılan çalışmada yer alan genotiplerde yaprak sap renklerinde ciddi farklılaşmalar gözlenmemiştir. Bu özellik açısından genotipler içerisinde geniş bir çeşitlilik bulunmamakla birlikte morfolojik karakterler kullanılarak çizilen dendrograma katkı sağlamıştır.



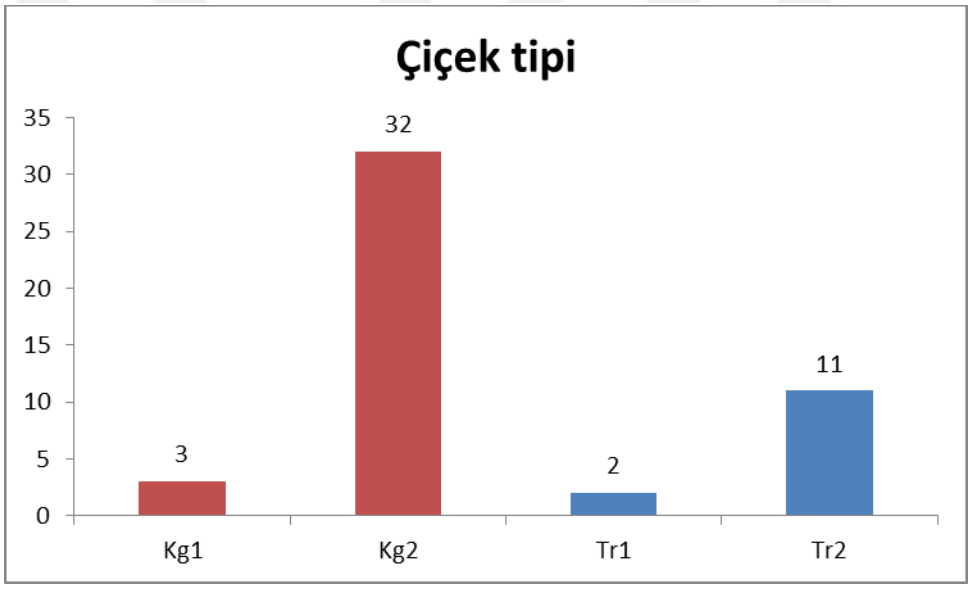
Şekil 4.7. Genotiplere ait yaprak sapı rengi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: açık yeşil, 2: yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

6. Çiçek tipi

İki ana gen, G (ginoik için) ve A (andromonoik çiçek için) klonlanmış olsa da, kavunda cinsiyet ayırım süreci oldukça karmaşıktır ve ilgili mekanizmalar kompleks gen ağı tarafından yönetilmektedir. Basitçe kavunda monoik bitkilerin iki ana gen açısından ifadesi şu şekildedir; monoik bitkiler (AAGG), ginoik bitkiler (AAgg), hermafrodik bitkiler (aagg) ve andromonoik bitkiler de (aaGG) kalıtım şemasına sahiptir (Gao ve ark., 2015). Diğer *cucurbitaceae* ailesinin üyelerinde olduğu gibi, kavunun yabani formları monoik çiçek yapısına sahiptir. Bununla birlikte, bugün kültürü yapılan kavun çeşitlerinin üçte ikisi andromonoik çiçek yapısına sahiptir. *flexuosus, acidulus* ve *momordica* grubu kavunların çoğu monoik çiçek yapısındayken, *cantalupensis, reticulatus, inodorous* ve *makuwa* grubu kavunların çoğu da andromonoik çiçek yapısına sahiptir (Abdelmohsin ve ark., 2008).

Çalışmada yer alan genotipler çiçek cinsiyetleri açısından %10,4'ü (5 adet) monoik ve kalan % 89.6'sı da andromonoik olarak skorlanmıştır (Şekil 4.8.). Kırgızistan genotipleri

çiçek cinsiyeti açısından %91,4 (33 adet) oranında andromonoik ve %8,6 sı da (3 adet) monoik karakter sergilemiştir. Kg kodlu genotipler çoğunlukla monoik karakter sergilemiştir. Bu genotiplerin Çin kaynaklı standart çeşitlerle yakın genetik ilişki gösterdiği moleküler analizler sonucunda görülmüştür. Türkiye kökenli genotipleri 2 adedi hariç 11 adedi andromonoik karkteresahiptir. Szamosi ve ark. (2010) Türk ve Macar kavun genotiplerinde yaptıkları gözlemler sonucunda %28'inin monoik ve kalan 72'sinin andromonoik olduğunu rapor etmişlerdir. Lee ve ark. (2013) toplam 36 adet kavun genotipinde %83,5'nin (30 adedinin) andromonoik, %11'nin monoik ve %5,5'nin de hermafrodik olduğunu bildirmiştir. Bu kapsamda değerlendirildiğinde çalışmadaki kavun genotiplerine ait çiçek yapıları belirtildiği gibi önceki yapılmış çalışmalar ile uyumlu olduğu görülmektedir. Belirtildiği gibi; kültürü yapılan kavun genotiplerinin çoğunluğunun adromonoik yapıda olması tez çalışmasında ve önceki çalışmalarda görülmektedir.

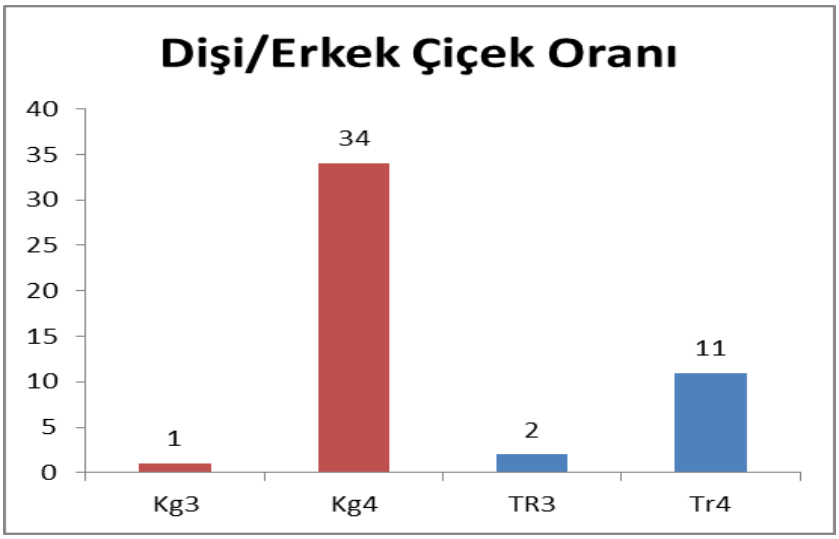


Şekil 4.8. Genotiplere ait çiçek cinsiyet tipi frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: monoik, 2: andromonoik) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

7. Dişi çiçek erkek çiçek oranı

Cucurbitaceae ailesi üyeleri bol miktarda çiçek üretmekte ve bitki cinsiyet tipine sahip olmakla birlikte cinsiyet tayininin düzenlenmesi verim ve kalitesini doğrudan etkileyebilmektedir. Bununla birlikte, erkek ve dişi çiçeklerin dağılımı *Cucurbitaceae* ailesinin farklı türlerinde veya tür içindeki farklı çeşitlerde değişiklik göstermektedir (Li ve ark., 2019). Özellikle kavun göz önüne alındığında çeşitli oranlarda erkek/dişi çiçek oranına göre sınıflandırmalar yapılmaktadır. Uluslararası Bitki Genetik Kaynakları Enstitüsü

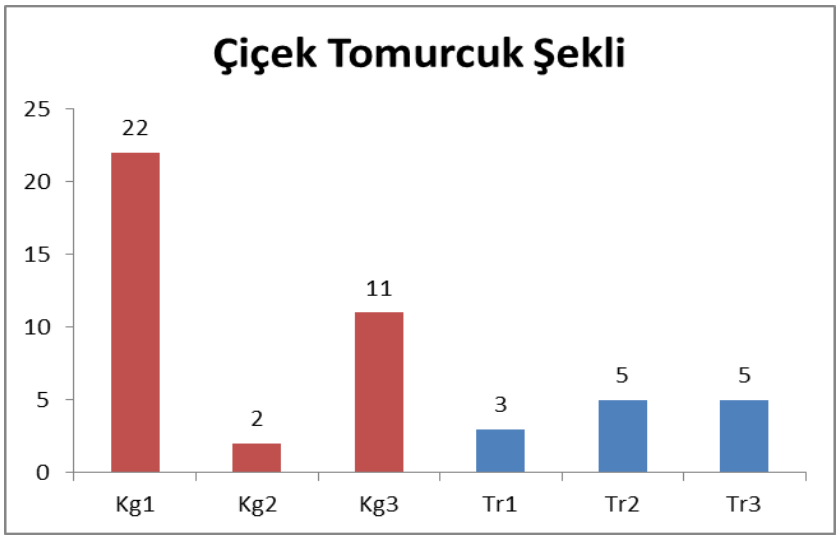
sınıflandırmasına göre kavunlar; sadece dişi çiçek, çoğunlukla dişi çiçek, dişi=erkek çiçek, çoğunlukla erkek çiçek ve yalnızca erkek çiçek gibi kategorilerde incelenmektedir. Bu durum göz önüne alındığında, tez çalışmasına dahil edilen kavun genotiplerinin %6,3'ü erkek ve dişi çiçek sayısı eşit olarak (3 adet) ve kalan %93,7'sinde (45 adet) de erkek çiçeklerin çoğunlukta olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.9). Kırgızistan genotipleri dişi çiçek erkek çiçek oranları açısından %97'sinde (34 adet) erkek çiçeklerin çoğunlukta olduğu gözlemlenmiştir. Sadece bir genotipte erkek dişi çiçekler eşit olarak gözlemlenmiştir. Bu noktalarda bitkiler tüm erkek çiçekleri tam olarak geliştirememiş olsa da çiçek sayıları eşit düzeyde olduğu görülmüştür. Türkiye genotiplerinde bu durum sadece iki genotipte görülmüştür. Kalan 11 genotipte erkek çiçekler çoğunluktadır. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarında erkek ve dişi çiçekleri ayrı ayrı inceleyerek rapor etmişlerdir. Çalışmalarında erkek çiçek açısından genotiplerin %7'sini erkek çiçek sayısı açısından düşük, %83'sini orta düzeyde ve kalan %10'unu da erkek çiçek açısından yoğun olarak skorlamışlardır. Aynı çalışmada, dişi çiçek açısından genotiplerin %14 dişi çiçek sayısı açısından düşük, %81'i orta düzeyde ve %5'inde de yoğun dişi çiçek gözlemişlerdir. Genel olarak kavun çeşitleri beş sarı renkli petal yaprağı olan erkek ve hermafrodit çiçeklere sahiptir (Kııll ve ark., 2016). Kavunda bir hermofrodit çiçeğe düşen erkek çiçek sayısının oranı 9 ila 16 arasında değiştiği rapor edilmiştir (Tschoeke ve ark., 2015). Tez çalışması kapsamındaki genetik materyalin de %93,7'sı bu orana uymakta ve genellikle erkek çiçekler çoğunluktadır. Sadece % 6,3'ünde bu oran (1:1) birbirine eşittir. Bu genotiplerde her dişi çiçeğin meydana geldiği yerden bir adet erkek çiçek meydana gelmiştir. Bunların bazıları gelişimini tamamlayamamakla birlikte bazıları gelişimini tamamlayıp polen üretecek olgunluğa ulaşmıştır.



Şekil 4.9. Genotiplere ait dişi çiçek erkek çiçek oranı frekanslarını gösteren sütun grafiği (3: erkek dişi çiçek eşit, 4: erkek çiçek çoğunlukta) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

8. Çiçek tomurcuk şekli

Kavunun da dahil olduğu kabakgillerde meyve boyutu ve şekli, yumurtalığın ve meyvenin büyümesi sırasında meydana gelen fizyolojik süreçlerin karmaşık bir etkileşimi sonucunda ortaya çıkar (Tanksley, 2004). Bazı güncel çalışmalar neticesinde, bazı özel kavun ve salatalık popülasyonlarında yumurtalıkların büyüklüğü ve şekli ile meyve boyutu ve şekli arasında güçlü korelasyonların tespit edilmesinin yanı sıra bu özellikleri etkileyen önemli major QTL bölgeleri tespit edilmiştir (Ramamurthy ve Waters, 2015). José ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada çeşitli şekil ve boyutlarda olabileceğini rapor etmişlerdir. Bu familyanın üyelerinde çiçek tomurcuk şekli birçok gen tarafından kontrol edilmektedir. Dolayısıyla şekil ve büyüklükleri açısından morfolojik özellikler içerisinde ayırt edici bir özelliğe sahiptir. Çalışma kapsamındaki genetik materyale ait çiçek tomurcuk şekli frekansları şekil 4.10'de verilmiştir. Bu bilgiler ışığında genotiplerin %52'si küre (25 adet), %.33,3'ü (16 adet) uzun ve %14,7'si de (7 adet) orta olarak gözlemlenmiştir. Kırgızistan kökenli genotiplerin tomurcuk şekli açısından %62,8'i (22 adet) küre şeklinde, %31,4'ü (11 adet) uzun kategoride yer almıştır. Türkiye genotiplerinde bu durum 2 adet küre, 5 adet orta ve 5 adet uzun genotip şeklinde gözlemlenmiştir. Yabani kavunlar genellikle küçük (yaklaşık 30-50 g) ve oval veya yumurta ovaryuma sahipken, kültür formları daha büyüktür (35 kg'a kadar) ve düz (uzunluk: çap = 0.6) ile çok uzun (uzunluk: çap> 10) şeklinde ovaryuma sahiptir (Pitrat, 2017).



Şekil 4.10. Genotiplere ait çiçek tomurcuk şekli frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: küre, 2: orta, 3: uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

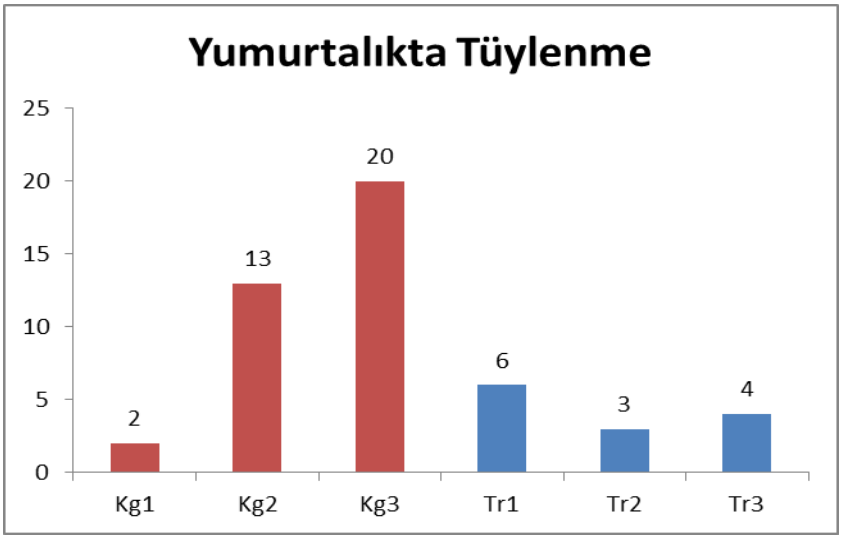
9. Çiçek rengi

Tozlaştırıcının (arı, böcek vb.) uzun mesafedeki görsel olarak cezbedilmesi, çiçeklerin renk, boyut ve şekli gibi birincil özelliklerine bağımlı olmakla birlikte, özellikle tozlaşma hizmetlerine bağımlı türler için (kavun örneğinde olduğu gibi), üreme başarısını sağlayan ana mekanizmalardan biridir (Hein, 2009). Kavun çiçekleri andromonoik olduğu için sahip olduğu hem erkek staminat hem de hermafrodit çiçeklerinde polen ve nektar üretmektedir; bu nedenle kavun, meyve kalitesini ve miktarını artırmak için arı yardımıyla tozlaşmaya gerek duyar (Rodrigo Gómez ve ark., 2016). Tez çalınmasında kullanılan genetik materyallerin tamamı (%100) sarı çiçekler meydana getirmiştir. Çiçek rengi açısından Kırgızistan ve Türkiye kaynaklı genotiplerde herhangi bir farklılık gözlemlenmemiştir. Szamosi ve ark. (2010) yapmış oldukları çalışmalarında inceledikleri genetik materyallerin (Macaristan ve Türkiye kavunları) tamamının sarı renkte çiçek meydana getirdiğini belirtmişlerdir. Mancak (2013) ve Frary ve ark. (2013) gibi araştırmacılar da Türk kavun genotiplerinde yaptığı çalışmasında bu tez çalışmasındaki sonuçları doğrular nitelikte tamamı sarı olarak kategorize edilmiştir.

10. Yumurtalıkta tüylenme

Kavun içerisinde bulunan yüksek düzeyde meyve varyasyonu, geleneksel olarak tür-içi sınıflandırmaya kolayca uyum sağlamaz. Yumurtalıkta tüylenme kavunlarda genotiplerin birbirlerinden ayırt edilmesinde önemli bir kriterdir. Bu yüzden Kirkbride (1993) kavun

türlerinin sınıflandırılmasında yumurtalıkların ve genç meyvelerin tüylenmesine bağlı olarak iki alt türden oluşması gerektiğini önermiştir. Bu kapsamda; yumurtalıklarında ve genç meyvelerinde kısa tüyleri olan kavunlar alttür *agrestis*'e, yumurtalıklarında ve genç meyvelerinde yaygın olarak uzun tüyler bulunan kavunlar ise *melo* alttürüne dahil edilmiştir. Araştırmacılar tarafından yumurtalık tüylenmesi gibi tek özelliğine dayanan biraz öznel bir sınıflamada beklendiği gibi çeşitli kavun gruplarının iki alt türe yerleştirilmesi konusunda tartışma yaratmıştır (Moing ve ark., 2020). Tez çalışmasına dahil edilen genetik materyalin %16,7'si (8 adet) kısa ovaryum tüylenmesi, %33,3'ünde (16 adet) orta düzeyde ovaryum tüylenmesi ve %50'si gibi büyük çoğunluğu (24 adet) ise uzun yumurtalık tüylenmesi göstermiştir (**Şekil 4.11** ve **Şekil 4.12.).** Kırgızistan genotiplerinin %57'si (20 adet) uzun tüylenme, %37'si (13 adet) orta tüylenme ve %6'sı da (2 adet) kısa tüylenmes sergilemiştir. Türkiye genotiplerinde de kısa ve orta (9 adet) tüylenme hakimdir. Kırgızistan genotiplerinde ise bu durum orta ve uzun tüykenme şeklinde kendini göstermiştir. Her iki genetik kaynak arasındaki belirgin farklılıklardan bir tanesi de yumurtalık tüylenme durumudur. Önceki yapılmış çalışmalarda; Szamosi ve ark. (2010) araştırmalarında genotiplerin %10,5'ini zayıf tüylü, %72,5'ini orta tüylü ve %17'sini de uzun tüylü olarak belirlemişlerdir, Ali-Shtayeh ve ark. (2017) *flexuosus* grubuna ait olan kavunların tamamını kısa ovaryum tüylerine sahip olduğunu ifade etmişlerdir. Uzun tüylü ovaryuma sahip türlerin genellikle Hindistan ve Doğu Asya da yayılış gösterdiği, kısa tüylü ovaryuma sahip türlerin ise çoğunlukla Hindistan ve Orta ve Batı Asya, Avrupa ve Yeni Dünya'da yayılış gösterdiği bilinmektedir (Swamy, 2017). Verilen bilgilere göre uzun ve kısa tüylü genotiplerin çalışmada yer alması normal gözükmektedir.



Şekil 4.11. Genotiplere ait yumurtalık tüylenme şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: kısa, 2: orta, 3: uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

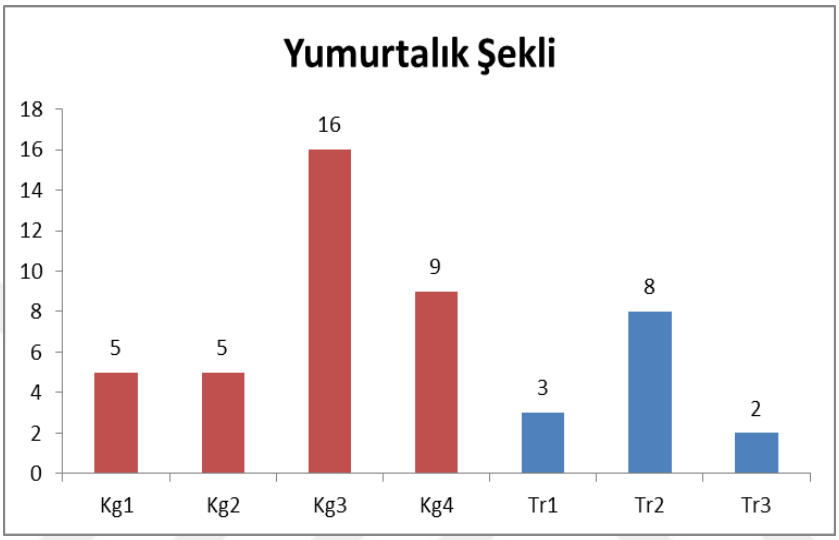


Şekil 4.12. Yumurtalıkta tüylenme durumu (Orijinal)

11. Yumurtalık şekli

Son zamanlarda kavun ve hıyar popülasyonları ile yapılan analizler sonucunda, yumurtalık şekli ile meyvenin sonraki şekli arasında güçlü korelasyonlar gösterilmiş (Eduardo ve ark., 2007b) ve bu özelliğin de çevresel faktörlerden bağımsız olarak yüksek kalıtılabilir özellik gösterdiği belirlenmiştir (Ramamurthy ve Waters, 2015). Kavunda yapılan QTL analizleri sonucunda, çeşitli lokuslarda yumurtalık uzunluğu, genişliği ve şekli ile meyve uzunluğu, genişliği ve şeklini etkileyen major QTL'ların birlikte lokalizasyonunu bulmuştur (Perin ve ark., 2002). Uzun yumurtalıklar ve meyveler sıklıkla dişi çiçekler ile yuvarlak yumurtalıklar ise *Cucumis* ve *Cucurbita* türlerinde hermafrodit çiçekler ile ilişkilendirilmiştir (Pitrat, 2013b). Kavunda başlıca çiçek cinsiyet tipini belirleyen genler A (çiçeklerdeki stamenleri baskılayarak dişi çiçek oluşumuna sebep olur) ve G ayrıca meyve şeklini de etkileyebilir (Grumet ve ark., 2011). Tez çalışmasına dahil edilen genotiplerin yumurtalık şekilleri incelendiğinde; %16,6'sı düz (8 adet), %27'si yuvarlak (13 adet), %37,5'i uzun (18 adet) ve %18.9'si de çok uzun olarak (9 adet) kategorize edilmiştir (şekil 4.13). Kırgızistan genotipleri kendi içerisinde yumurtalık şekli açısından geniş bir varyasyon göstermiştir. Genotiplerin %45,7'si uzun, 25,7'si çok uzun (9 adet), %14,3'ü düz (5 adet) ve %14,3'ü yuvarlak (5 adet) olduğu görülmektedir. Türkiye kökenli genotiplerde ise yuvarlak yumurtalık şekli baskın (8 adet) konumdadır. Hasat edilen meyvelerde (yuvarlak meyve) de bu durum

gözlemlenmiştir. Çok uzun genotipler sadece Kırgızistan genotiplerinde gözlemlenmiştir. Türkiye ve Kırgızistan genotipleri arasındaki temel farklılıklardan bir tanesi de bu özelliktir. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarında ovaryum uzunluğu açısından inceledikleri genotiplerin %16'sını kısa, %50'sini orta, %29'unu uzun ve kalan %5'ini çok uzun olarak sınıflandırmışlardır. Asya kökenli genotiplerin yumurtalık şekillerinin genellikle uzun veya çok uzun olduğu gözlenmiştir.

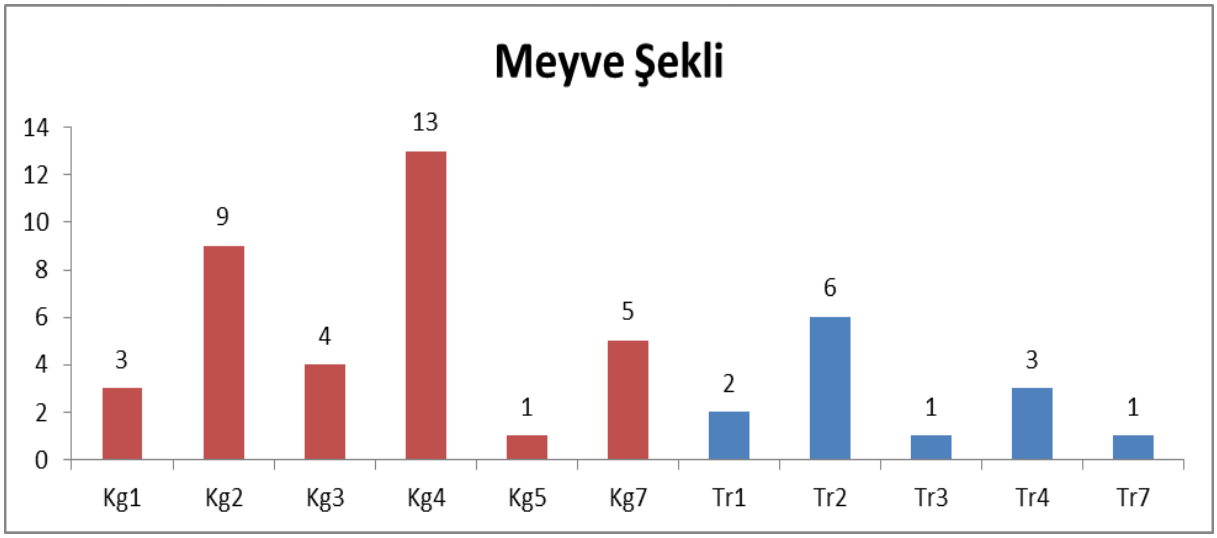


Şekil 4.13. Genotiplerin yumurtalık şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: düz, 2: yuvarlak, 3: uzun, 4: çok uzun) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

12. Meyve şekli

Görsel olarak, kabakgiller muhtemelen en renkli ve morfolojik olarak çok çeşitli meyveleri, özellikle meyve boyutu ve şekli ile bilinmektedirler. Meyve büyüklüğünde ve şeklinde meydana gelen değişiklikler sadece kültüre alınma sürecinde doğal seçilimin sonucunda değil, aynı zamanda çeşitli ortamlara adaptasyon çalışmalarında yapay seçim, çeşitli yetiştirme uygulamaları, tüketici tercihleri, ürün depolama / işleme yöntemleri bu şekillenmeye katkı sağlamıştır (Pan ve ark., 2020). Meyvelerin şekilleri düz, elipsoid, obovoid ve yuvarlaktan uzun veya aşırı uzuna kadar değişen formlarda olabilir (Ramamurthy ve Waters, 2015). Kavunlarda tür içi düzeyde taksonomik sınıflandırma esas olarak çiçek ve meyve özelliklerine dayanır (Pitrat, 2017). Kabakgillerde meyve büyüklüğü ve şekil değişimi meyvenin karpel sayısından etkilenmektedir. Kavunda karpel sayısı (beş ya da üç) (p) lokusu tarafından kontrol edilir. Beş karpelli meyveler üç karpelli meyvelerden daha yuvarlaktır (Perin ve ark., 2002; Monforte ve ark., 2004). Tez çalışması kapsamında incelenen genetik

materyalin %10.4'ü küresel (5 adet), %31.2'si basık (15 adet), %10,4'ü kutuplara yassılaşmış (5 adet), %33,3'ü oval (16 adet) ve %12,5'de (6 adet) meşe palamudu şeklinde olduğu gözlenmiştir (şekil 4.14). Priform şeklinde meyve sadece bir adet Kırgızistan genotipinde gözlemlenmiştir. Kırgızistan genotiplerinin %37,1'inde oval ve %25,7'si de basık meyve şekli gözlenirken Türkiye genotiplerinde de bu tür meyvelerin çoğunlukta (toplam 9 genotip) olduğu gözlemlenmiştir. Lázaro ve ark. (2017) İspanyol kavunlarındaki çalışmasında genotiplerin %1'i düz, %11'i yuvarlak, %44'ü oval, %25'i eliptik ve %19'u ise uzun olduğu belirlenmiştir. Szamosi ve ark. (2010) Türk ve Macar kavun genotiplerini %40'ı kutupları yassılaşmış, %26'sı küresel, %5'i eliptik, %17'si uzun ve %3,5'i de çok uzun olarak kategorize edilmiştir. Meyve şekilleri yumurtalık şekilleriyle uyumlu olarak genellikle uzun olgun meyveler meydana getirmişlerdir.

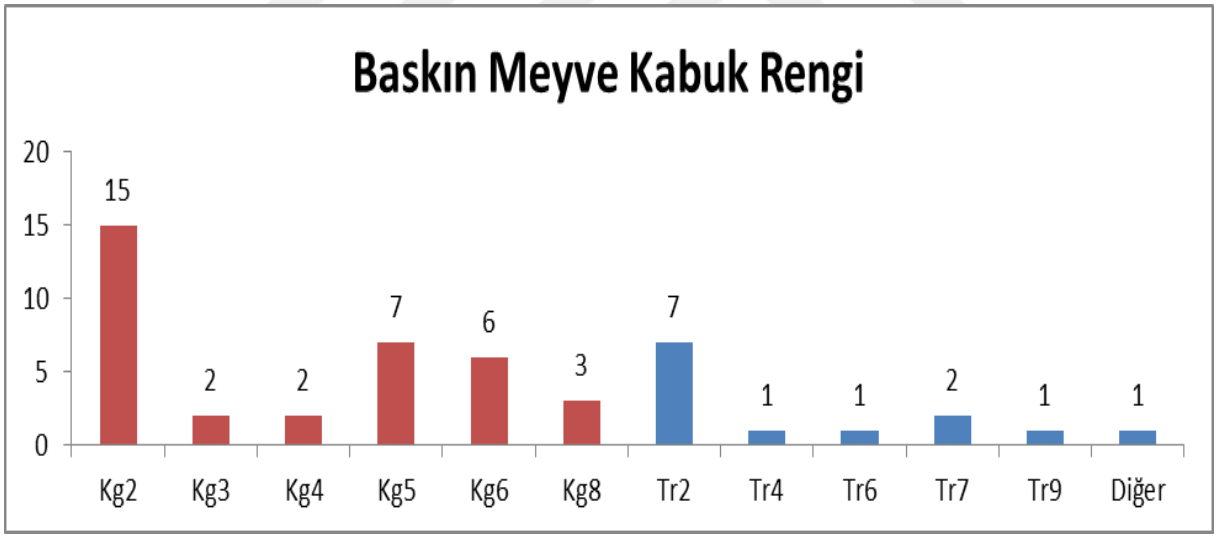


Şekil 4.14. Genotiplerin meyve şekline ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (1: küresel, 2: basık, 3: kutuplara yassılaşmış, 4: oval, 5: piriform, 7: meşe palamudu) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

13. Baskın meyve kabuk rengi

Kavunun kabuk ve meyve eti rengi, tüketicinin seçimini ve kavunun tercih edilebilirliğini etkileyen önemli meyve kalitesi özelliklerindendir. Ayrıca, meyve kabuğu rengi çeşitlerin ve meyve türleri arasında ayrım yapılmasını da sağlar (Pitrat ve ark., 2000). Kavun meyvelerinin kabuk renkleri beyaz, sarı, turuncu veya yeşil olmakla birlikte bu dış meyve rengi varyasyonunu sağlayan pigmentlerin, çoğunlukla β-karoten ve klorofil olmak üzere karotenoidler olduğu bildirilmiştir (Burger ve ark., 2006). Klimakterik olgunlaşma gösteren kavunlarda dış yüzey rengi yeşilden turuncuya veya sarıya, Galia tiplerinde koyu yeşilden sarı-turuncuya, Charentais kavunlarında soluk yeşilden kremsi sarıya, klimakterik

olgunlaşma göstermeyen kavunlarda ise *Casaba* (Piel de Sapo) β-karoten seviyelerinin yüksek olmasına rağmen olgunluğa kadar renk koyu yeşil olarak kalır (Burger ve ark., 2010). Tez çalışmasındaki materyallerin meyve yüzey rengi açısından geniş bir varyasyon gösterdiği görülmektedir (şekil 4.15). Genotiplerin %45,8'i değişen tonlarda sarı renkleri (22 adet), %4,1'i krem (2 adet), %6,2'si soluk yeşil (3 adet), %14,5'i yeşil (7 adet), %14,5'i koyu yeşil (7 adet), %4,1'i siyahımsı yeşil (2 adet), %2,2'si turuncu, %6,2'si turuncu (3 adet) olmak üzere sınıflandırılmıştır. Diğer olarak ifade edilen genotip monoik yapıda olup farklı meyveler ürettiği için diğer olarak kategorize edilmiştir. Kırgızistan kökenli genotiplerde meyve rengi olarak açık sarı (%42,8'i), yeşil (%20'si) ve koyu yeşil (%17'si) çoğunluktadır. Türkiye kökenlilerde ise 7 farklı genotipin mevyelerinde sarının tonları hakimdir. Szamosi ve ark. (2010) çalışmasında sarı renk çoğunlukta (%65,5) olmak üzere sarı-yeşil %5, yeşil %19 ve turuncu/koyu sarı %10,5 olarak skorlanmıştır. Lázaro ve ark. (2017) İspanyol kavunlarında meyvelerin renklerini soluk yeşilden beyaza, sarıdan, koyu yeşile veya siyaha kadar değiştiğini kaydetmişlerdir. Renk belirleme çalışmaları bu tez çalışmasında olduğu gibi geniş varyasyon göstermiştir.



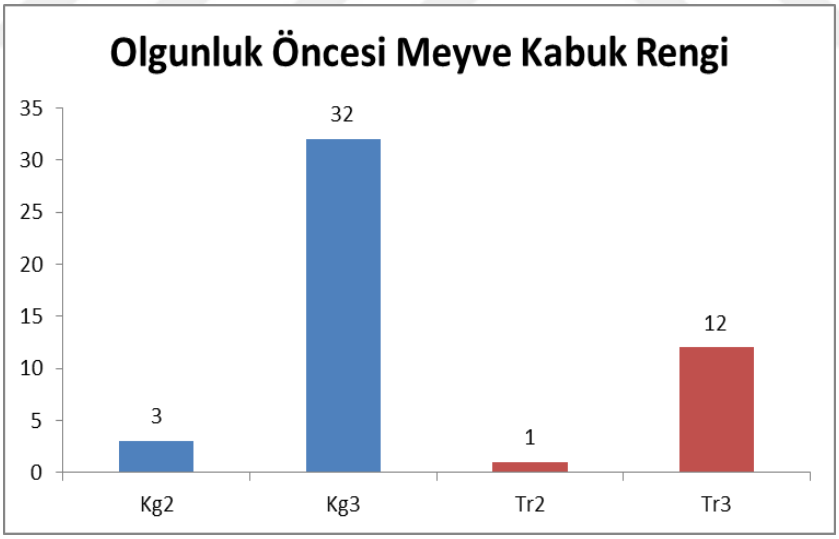
Şekil 4.15. Genotiplerin baskın meyve kabuk renklerine ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (2: açık sarı, 3: krem, 4: soluk yeşil, 5: yeşil, 6: koyu yeşil, 7: siyahımsı yeşil, 8: turuncu, 9: kahverengi) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

14. Olgunluk öncesi meyve kabuk rengi

Kavunun meyve kabuk rengi, kabuk yüzeyinde bulunan klorofil, karotenoid ve flavonoid gibi içeriklerin kombinasyonlarına dayanmakta ve meyvelerin olgunlaşması sırasında bu bileşenlerin oranlarının değiştiği bilinmektedir. Özellikle meyve olgunlaşması

sırasında klorofil ve β-karotenden bağımsız olarak Chalconaringenin birikmesi meyvelere sarı renk kazandırmaktadır (Tadmor ve ark., 2010). Olgunluk öncesi meyve kabuk rengi morfolojik karakterizasyon çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır. Tadmor ve ark. (2010) kavun meyvelerinin renklenmesi ile ilgili çalışmalar neticesinde olgunlaşma sırasında meyve renklenmesini açıklamışlardır.

Trimech ve ark. (2013) belirlenmiş olan renk kategorilerine göre 28 adet Tunus kökenli kavunu moleküler ve morfolojik karakterizasyonu sırasında bu özellikten faydalanmışlardır. Ayrıca Mancak ve ark. (2014) da Kırkağaç ve diğer kavun genotipleri arasındaki benzerliği belirlemek için bu özellikten faydalanmışlardır. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarındaki kavun genotiplerinin %95'ini yeşil ve kalan %5'ini de koyu yeşil olarak belirlemişlerdir. Tez çalışmasında incelenen genotiplerin %91,6'sı yeşil ve %8,3'ü de sarı olarak belirlenmiştir (şekil 4.16.). Kırgızistan kökenli genotiplerin ise 91,4'ü (32 adet) yeşil, kalan %8,6'sı (3 adet) da olgunluk öncesinde sarı meyve rengine sahiptir. Türkiye kökenli genotiplerde de 12 adet genotip olgunluk öncesinde yeşil meyvelere sahipken 1 adet genotip sarı meyve rengi sergilemiştir. Çalışma sonuçlarında çoğunlukla yeşil ve tonlarındaki renk ortaya çıktığı için önceki çalışmalar ile benzerlik göstermektedir.



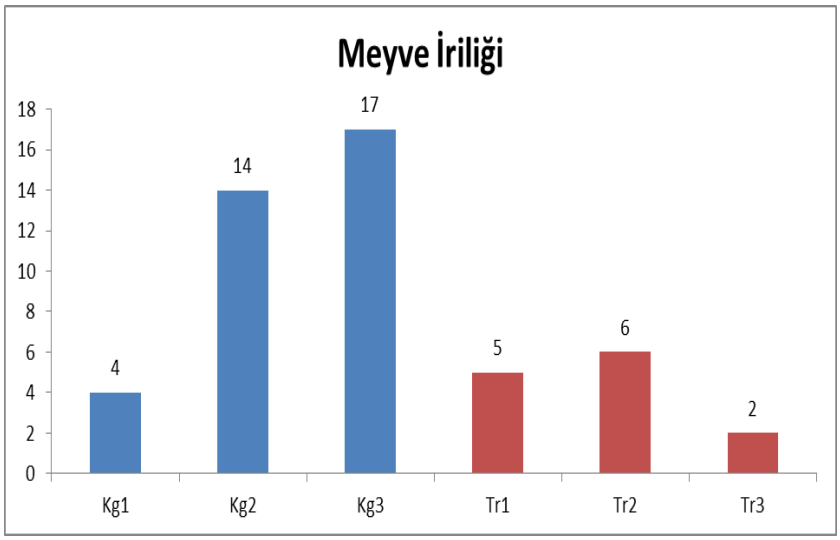
Şekil 4.16. Genotiplerin olgunluk öncesi meyve kabuk rengine ait frekanslarını gösteren sütun grafiği (2: sarı, 3: yeşil) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

15. Meyve iriliği

Kültürü yapılan kavunlar ile yabani kavunlarla formlarını ayırt eden önemli özellikler arasında: kültürü yapılan formların meyvelerinin daha büyük olması (birkaç gramdan 35

kilograma kadar olabilir), daha kalın bir yenilebilir ete sahip olmaları ve daha büyük tohumlara sahip olması gibi özellikler yer almaktadır (Pitrat, 2013b). Bu özellikler arasında en önemlileri muhtemelen meyve büyüklüğü ve yenilebilir etin kalınlığıdır. Meyve ağırlığı, meyve uzunluğu, meyve çapı ve meyve et kalınlığı da dahil kavun meyvesine ait boyutlar birden fazla gen ile kontrol edilir ve meyve büyüklüğüne bağlı özellikler ile ilgili 67 QTL'den fazla çeşitli ıslah popülasyonlarında tespit edilerek bildirilmiştir (Wang ve ark., 2016a).

Meyve iriliğinde meyvelerin ağırlıkları tartılıp, tabloda verilen skalaya göre sınıflandırılmıştır. Bu kapsamda tez materyali içerisindeki genotiplerin %18,7'si küçük (9 adet), %41,6 orta (20 adet) ve %39,7'si de büyük (19 adet) olarak sınıflandırılmıştır (şekil 4.17 ve şekil 4.18.). Kırgızistan genotiplerinin %48,6'sı büyük, %40'ı orta ve %11,4'ü de küçük olarak kategorize edilmiştir. Genel olarak Asya kökenli olan genotiplerin orta veya büyük olduğu yapılan gözlemler sonucunda tespit edilmiştir. Küçük olan genotiplerin çoğunlukla Çin kökenli stardart çeşitlere benzediği tespit edilmiştir. Türkiye kökenli genotipler 5 adet küçük genotip ve 6 adet orta boyuttta genotip olacak şekilde sınıflandırılmıştır. Türkiye kökenli genetik materyalin meyve iriliğinin Kırgızistan ya da Asya kökenli genotiplerden küçük olduğu görülmektedir. Dhillon ve ark. (2007) göre meyve ağırlığı açısından <100g olan meyveler küçük, > 4-8kg olan meyveler çok büyük olarak belirlenmiştir ve bu meyvelerin şekilleri de düz, elipsoid, obovoid, dairesel ve uzamış olarak farklılık gösterdiğini ifade etmişlerdir. Bu bağlamda, tez materyali kapsamında toplanmış olan Asya kökenli genotiplerin büyük kategoride yer aldığı görülmektedir.



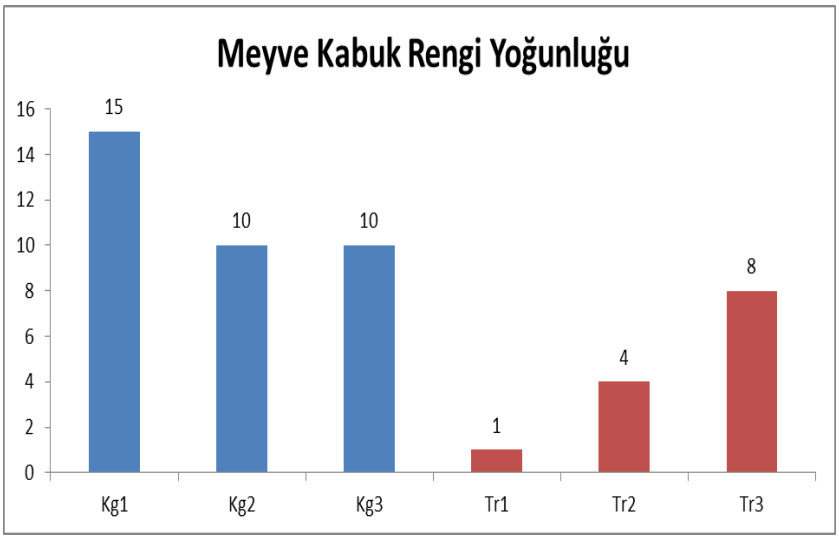
Şekil 4.17. Genotiplerin meyve iriliğine ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: küçük, 2: orta, 3: büyük) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)



Şekil 4.18. Meyvelerin boyutlarının görünüşü (Orijinal)

16. Meyve kabuk rengi yoğunluğu

Meyvelerin dış rengi meyve kalitesi ile ilgili önemli bir özelliktir, çünkü görünüm pazardaki tüketicinin seçim yapmasını etkileyen ana belirleyicilerinden biridir. Meyve fenotipi gelişim aşamasına bağlı olarak değişir ve esas olarak klorofiller, karotenoidler ve flavonoidler gibi pigmentlerin değişik oranlarda birikmesiyle belirlendiği bilinmektedir (Tadmor ve ark., 2010). Olgun meyve rengi ile olgunlaşmamış meyve renk yoğunluğu birbirine yakın ve benzer özeliklerdir ve dolayısıyla birden çok gen ile kontrol edilirler. Pereira ve ark. (2018) olgunlaşmamış meyvenin dış rengini veren gen/bölgenin LG VII'de bulunduğunu ifade etmişlerdir. Bu genetik altyapı ile birlikte meyve olgunlaşması sırasında meydana gelen kalıcı fizyolojik ve biyokimyasal değişiklikleri de renk değişimi ve yoğunluğu etkilemektedir.



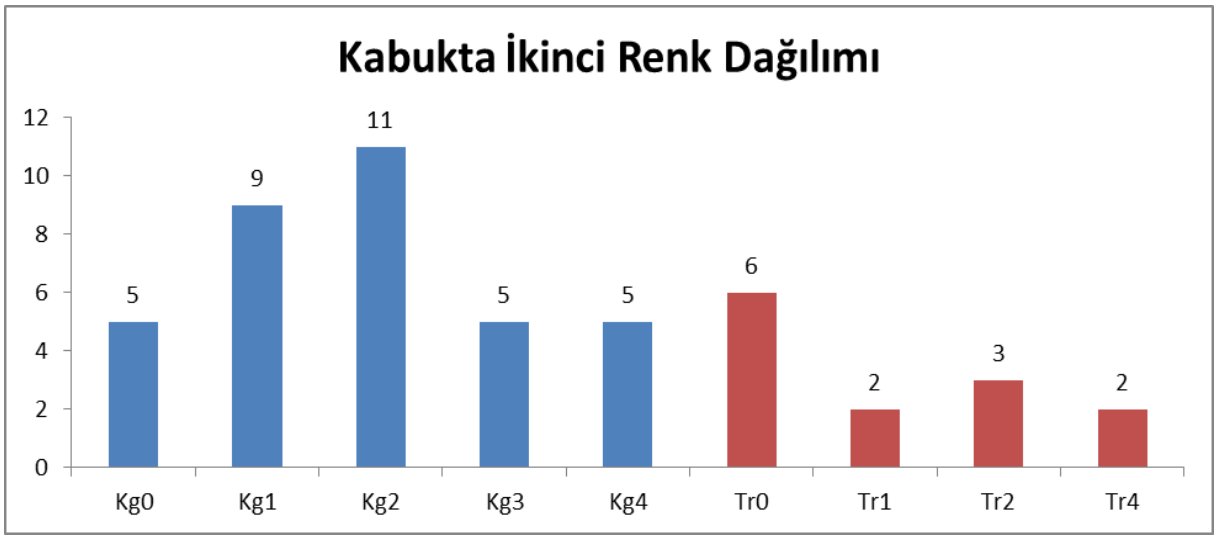
Şekil 4.19. Genotiplere olgunluk öncesi meyve kabuk rengi yoğunluğuna ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: açık, 2: orta, 3: koyu) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

Tez çalışmasında yer alan genetik materyalin %33,3'ünün renk yoğunluğu açık (16 adet), %29,1'inin orta (14 adet) ve %37,6'sı ise koyu (18 adet) olarak skorlanmıştır (Şekil 4.19.). Kırgızistan genotiplerinin %42,8'i açık renkte, %28,6'sı (10 adet) orta derecede koyu ve %28,6'sı (10 adet) da koyu olarak skorlanmıştır. Türkiye Kökenli genotiplerin 12 adedi olgunluk öncesinde orta ve koyu renk sergilerken 1 adedi açık renk sergilemiştir. Kırgızistan ve Türkiye kökenli genotipler bu noktada birbirinden ayrılmaktadır. Kırgızistan genotipleri orta ve açık renkte olurken Türkiye kökenli olanlar orta ve koyu karakter sergilemiştir. Sarı (2017) Türkiye koleksiyonundan oluşturulan dihaploid hatlarda olgunluk öncesi meyve kabuk rengi yoğunluğunu %67,7'si açık, %22,6'sı orta ve %6,7'sini de koyu olarak belirlemişlerdir. Szamosi ve ark. (2010) ise Türk ve Macar kavun genotipleri ile yaptıkları çalışmada bu oranın %12'sinin açık, %71'inin orta ve %17'sinin de koyu olduğunu belirlemişlerdir. Yapılan tez çalışması ve yapılmış araştırmalar neticesinde Asya menşeyli genotiplerin orta ve koyu ağırlıklı olduğu görülürken Türkiye genotiplerinde ise orta koyuluğa sahip olduğu görülmektedir.

17. Kabukta ikincil renk dağılımı

Kavunda kalite kriterleri arasında meyve ile ilgili özellikler birincil önceliğe sahiptir. Önemli özelliklerden biri olan meyve kabuğu, tüketiciler için doğrudan değerlendirme yapmak için önemli bir standardıdır ve benzersiz kabuk desenlerinin popülerliği tüketiciler arasında artmaktadır. Ayrıca meyve kabuğundaki bu farklı desen oluşumu aynı zamanda hasat kriterleri arasında yer almakla birlikte bu durumdan sorumlu genlerin kalıtımı ve

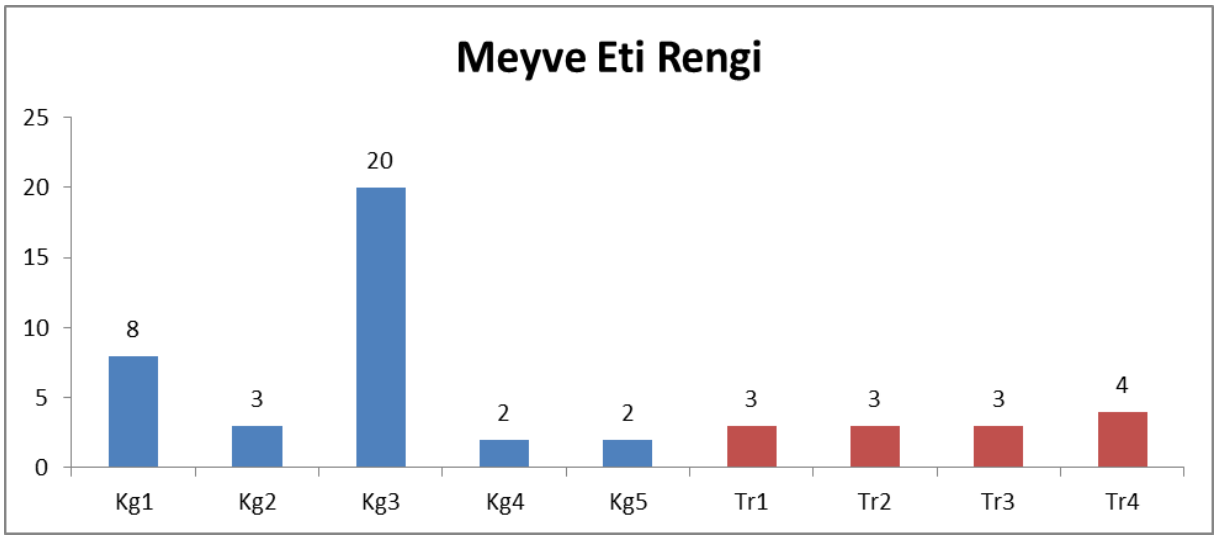
haritalanması hakkında sınırlı miktarda bilgi mevcuttur. Kabuk desenleri çizgili veya şeritsiz (düz) ve kabuk rengi yeşil, sarı, beyaz, turuncu, kırmızı, gri veya bu renklerin bir karışımı olabileceği bildirilmiştir (Watanabe ve ark., 1991). Kabuk yüzeyinde bulunan çizgilerin rengi açık sarı, sarı, koyu sarı, açık yeşil, yeşil ve koyu yeşil olabileceği belirtilmiştir (López-Sesé ve ark., 2003). Tez çalışması kapsamındaki materyal hem kabuk deseni hem de bu desenlere ait renkler açısından incelenmiştir. Kabuktaki ikincil desen dağılımı açısından bakıldığında; %22,9'unda (11 adet) herhangi kabuk deseni tespit edilememiş, %22,9'unda benekli (11 adet), %29,1'inde lekeli (14 adet), %10,6'sında çizgili (5 adet) ve %14,5'inde de bantlı (7 adet) bir desen gözlenmiştir (şekil 4.20.). Bu desenlere ait renk dağılımı ise %22,9'unda desen yok, %12,6'sı sarı ve %64,5'i ise yeşil renktedir. Kırgızistan genotipleri kendi içerisinde %31,4'ü lekeli, %25,7'si benekli (9 adet) ve kalan %14,3'ü çizgili (5 adet), %14,3'ü bantlı (5 adet), %14,3'ü desen yok şeklinde skorlanmıştır. Konuyla ilgili olarak rapor edilmiş benzer çalışmalar; Fergany ve ark. (2011) Hindistan'dan topladıkları 50 adet kavunun 4 adedini yok, 27 adedini benekli, 11 adedini lekeli ve 8 adedini çizgili olarak belirlemişlerdir. Bu genotiplere ait ikincil desen renkleri de 34 adedinde yeşil, 4 adedinde yok, 7 adedinde koyu yeşil, 4 adedinde sarı ve 1 tanesini de turuncu olarak belirlemişlerdir. Bir başka Hindistan menşeyli çalışmada, Roy ve ark. (2012) 43 adet kavun genotipinden 13 adedini şeritli, 15 adedini benekli ve 9 adedinde beneksiz olarak sınıflandırmışlardır. Tez çalışmasına dahil edilen genotiplerin çoğunluğunun benekli ve lekeli genotiplerden oluşması aynı kökenli diğer kavun genotipleri ile benzerlik gösterdiği görülmektedir.



Şekil 4.20. Genotiplerin kabukta ikinci renk dağılımına ait frekansları gösteren sütun grafiği (0: yok, 1: benekli, 2: lekeli, 3: çizgili, 4:bantlı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

18. Meyve eti rengi

Kavunda üç ana meyve et rengi kategorisi tanımlanmıştır; yeşil, beyaz ve turuncu, *β*-karoten ve klorofil sırasıyla turuncu ve yeşil meyve etine sahip fenotiplerin baskın pigmentleridir (Gur ve ark., 2017). Turuncu etli (mezokarp) kavun türlerinin meyvesi, diyet açısından zengin karoten kaynağıdır (öncelikle *β*-karoten) ve bu nedenle önemli bir A vitamini kaynağıdır. Yeşil (*gf*; Hughes (1948)) ve beyaz (*wf*; Iman ve ark. (1972)) meyve et rengi için genler daha önce bildirilmiştir, ancak kavun mezokarp renginde yer alan genetik yapı tam olarak aydınlatılamamıştır. Clayberg (1992) yeşil ve beyaz meyve etin turuncuya resesif olduğunu belirtmiştir. Kavun meyvelerinde ortaya çıkan bu birçok renk farklılığından meyve etinde bulunan *β*-karoten miktarındaki farklılıklar sorumludur (Burger ve ark., 2010). Meyve et rengini belirleme ile ilgili bazı kantitatif çalışmalar yapılmaya devam etmektedir. Bu tez çalışmasına dahil edilen genetik materyalin meyve et renklerinin şu şekilde olduğu belirlenmiştir; %22,9'u beyaz meyve etine (11 adet), %12,5'i yeşil meyve etine (6 adet), %47,9'u krem-sarı meyve etine (23 adet), %12,5'i turuncu meyve etine (6 adet) ve %4,2'si de sarımsı pembe (2 adet) meyve et rengine sahiptir (şekil 4.21.). Kırgızistan genotiplerinin %57'si krem-sarı meyve etine (20 adet), %22,8'i beyaz meyve etine (8 adet), %8,5'i yeşil meyve etine, %5,8'i turuncu (2 adet) ve son olarak %5,8'i sarımsı-pembe (2 adet) meyve et rengine sahiptir. Türkiye genotipleri ise beyaz, yeşil, krem ve turuncu meyve et rengi arasında eşit dağılım göstermiştir. Szamosi ve ark. (2010) çalıştıkları kavunlarda meyve et renklerini %14 krem, %67 yeşil ve %19 turuncu olarak belirlemişlerdir. Fergany ve ark. (2011) Hindistan kökenli kavunlarda meyve et renkleri açısından 28 adedi sarı ve kalan 22 adedi de sarı-turuncu olarak belirlenmiştir. Hindistan ve Türk koleksiyonları değerlendirildiğinde; Hindistan kökenli kavunlarda krem ve sarı rengin yoğunlukta olduğu, Türk-Macar koleksiyonunda ise yeşil rengin yoğunlukta olduğu görülmektedir. Tez çalışması bu çalışmanın bir karışımı niteliğinde sonuçlar ortaya koymuştur.

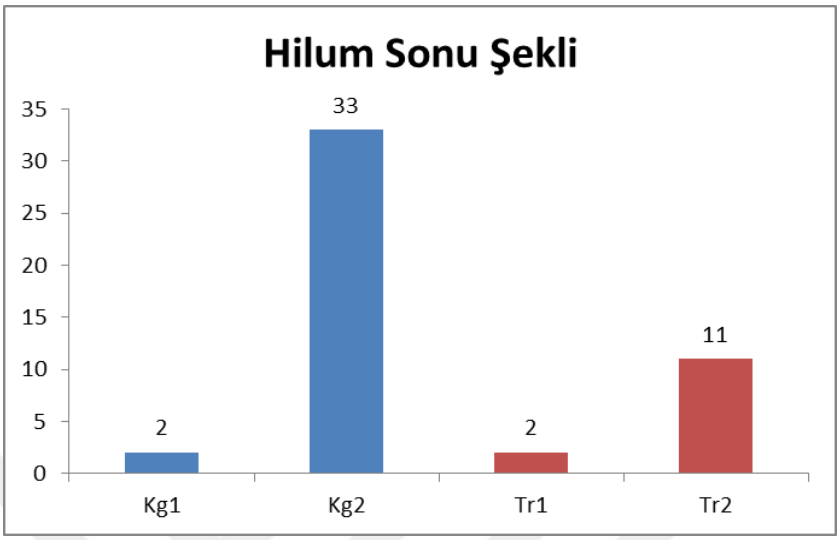


Şekil 4.21. Genotiplerin meyve eti rengi dağılımına ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: beyaz, 2: yeşil, 3: krem-sarı, 4: turuncu, 5: sarımsı-pembe) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

19. Tohum hilum sonu şekli

Büyük cucurbit grupları arasında tohum boyutu açısından zengin genetik çeşitlilik vardır. Bu çeşitlilik kültürü sırasında meydana gelen seleksiyon veya çeşitli amaçlarla çeşitli bölgelerde üretilebilmek için ıslah yoluyla gerçekleştirilen seleksiyon ortaya çıkan bu çeşitliliğin temel sebepleri arasındadır (Chuan-qi ve ark., 2014). Tohum uzunluğu ve büyüklüğü gibi spesifik tohum parametreleri, kavun grupları arasındaki genetik ve coğrafi farklılaşma ile ilişkilendirilmiştir. Ağırlıklı olarak ABD, Avrupa, Batı ve Orta Asya ve Kuzey Afrika'da yetiştirilen büyük tohumlu kavunlar ve Güney Afrika ve Güney ve Doğu Asya'da yetişen kavunlar genellikle küçük tohumlu kavunlar ve son olarak ve Hindistan'da ise her iki gruba ait (büyük ve küçük tohumlu) kavunlar yetiştirilmektedir (Tanaka ve ark., 2013; Tanaka ve ark., 2016). Belirli kavun gruplarında belirli tohum özellikleri sabit olarak gözlenmektedir; küçük tohum özelliğinin Hint kavunlarından köken aldığı düşünülen Uzak Doğu kavunlarında görülmesi gibi (Serres-Giardi ve Dogimont, 2012). Tez çalışması kapsamında bulunan genotiplere ait hilum sonu şekillerinin %91,6'sı küt uçlu ve kalan %8,4'ü de sivri uçlu olduğu belirlenmiştir (şekil 4.22 ve şekil 4.24.). Kırgızistan genotipleri kendi içerisinde ise tohum şekli açısında %94,2'si küt (33 adet) ve %5,8'i de sivri (2 adet) olacak şekilde kategorize edilmiştir. Türkiye genotiplerinin 2 adedi sivri ve kalan 11 adedi de küt tohum şekline sahiptir. Her iki koleksiyonda da küt uçlu tohumlar baskın konumdadır. Sarı (2017) çalışmasında oluşturduğu dihaploid hatların tamamında hilum sonu şekillerinin sivri uçlu olduğunu belirlemiştir. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarında ise Türk ve Macar genotiplerin hilum sonu şekillerinin %91'inin sivri ve kalan %9'unun da küt olduğunu belirtmişlerdir.

Değerlendirilen Türk ve Macar genotiplerinde ağırlıklı olarak sivri uçlu tohumlar olduğu görülmektedir. Tez materyalinin çoğunluğunun Asya kökenli genotiplerden oluşması tohumların küt uçlu olmasının olası sebebi olarak görülebilir.

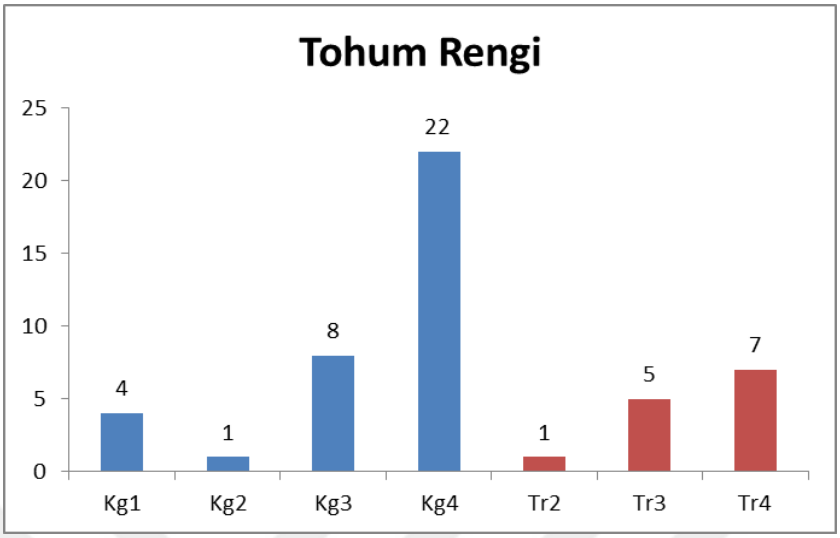


Şekil 4.22. Genotiplerin tohum hilum sonu şekillerine ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: sivri, 2: küt) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)

20. Tohum rengi

Tohum kabuğu, farklı türlerde, genotiplerde ve hatta farklı mevsimlerde veya gelişim aşamalarında geniş bir renk çeşitliliğine sahiptir (Demir ve ark., 2004). Ayrıca, tohum kabuğu rengi genetik olarak karmaşık genetik etkileşimleri içeren bir dizi gen tarafından kontrol edilmektedir (Poole, 1941). Tohum kabuğu rengi ayrıca tohumların biyokimyasal özellikleri, antioksidanların miktarları ve aktiviteleri ile de ilişkilidir (El-Bramawy ve ark., 2008). Kavun ve hıyar tohumları modern ıslahta seleksiyon baskısı altında olmadığı için tohum büyüklüğü ve rengi karpuz ve kabakta olduğu kadar çeşitlilik göstermemektedir (Guo ve ark., 2020). Çalışma kapsamındaki genetik materyal tohum kabuğu renkleri açısından %60,4'ü sarı (27 adet), %27'si krem-sarı (13 adet), %8,3'ü beyaz (5 adet) ve %4,3'ü de beyaz-sarı (1 adet) olarak belirlenmiştir (şekil 4.23.). Kırgızistan kavun genotiplerinde Türkiye kavun genotiplerinden daha fazla tohum rengi varyasyonu tespit edilmiştir. Knedi içerisinde Kırgızistan genotiplerinin %62,8'i sarı, %22,8'i krem (8 adet), %11,4'ü beyaz (4 adet) ve %3'ü de beyaz-sarı (1 adet) olarak belirlenmiştir. Türkiye genotipleri ise çoğunlukla sarı (7 adet) ve krem (5 adet) tohum renginden oluşmuştur. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarındaki genotiplerde tohum renklerinin %19'unu beyaz-sarı ve kalan %81'ini ise krem-sarı olduğunu

belirtmişlerdir (şekil 4.23 ve şekil 4.24). Çalışmalardan görüldüğü üzere tohum kabuk rengi genellikle krem-sarı renklerinde yoğunlaşmıştır.



Şekil 4.23. Genotiplerin tohum renklerine ait frekansları gösteren sütun grafiği (1: beyaz, 2: bayaz-sarı, 3: krem, 4: sarı) (Kg: Kırgızistan genotipleri, Tr: Türkiye genotipleri)



Şekil 4.24. Tohum özelliklerinin ölçümlerinden bir görüntü (Orjinal)

4.1.2. Kantitatif Özellikler

Bitki yaprakları fotosentetik besin temininde, gaz değişiminde, besin maddelerinin dağıtımında ve su transferinde oldukça önemlidir (Tsukaya, 2006). Bu işlevleri farklı habitatlarda uyum sağlamak için bitkiler yaprak pozisyonunu, boyutunu ve şeklini optimize etmelidirler (Hasson ve ark., 2011). Çalışmamızda elde ettiğimiz yaprak boyu ve yaprak genişliğine ait veriler Çizelge 4.1'de verilmiştir. Çizelge 4.1'de yer alan genotipler yaprak uzunluğu açısından en yüksek genotipin Ç-07 (16,27 cm) ve buna en yakın genotipin 14,76 cm ile YYÜ-13 numaralı genotip olduğu yapılan Tukey testi ile belirlenmiştir. Yaprak uzunluğunun en kısa olduğu genotipler ise Kav-3 (7,38 cm) ve Kg-C (7,75) genotipleri olduğu belirlenmiştir. Yaprak genişliği açısından ilk iki sırada yer alan genotipler YYÜ-13 (22,92 cm) ve Ç-07 (20,1 cm)'dir. Yaprak genişliği açısından en kısa olan genotipler ise yapılan Tukey testi sonucunda Kg-E (9,34 cm) ve Kg-C (10,25 cm) olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.1). Szamosi ve ark. (2010) çalışmasında Macaristan kökenli genotiplerin yaprak uzunluğunun 9,9 cm ve yaprak genişliğinin 13,3 cm olduğunu, Türkiye kökenli olan genotiplerin de yaprak uzunluğunun 13,5 cm ve yaprak genişliğinin 16,1 cm olduğunu belirlemişlerdir. Guliyev ve ark. (2018) Azerbaycan kökenli kavun genotiplerinin yaprak uzunluğunun 7,12-12,7 cm ve yaprak genişliğinin de 8,28-13,48 cm arasında değiştiğini belirlemiştir. Çalışmamız açısından bu değerler yaprak uzunluğu açısından 7,38-16,27 cm arasında ve yaprak genişliği açısından da 9,34-22,92 cm arasında olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda ortaya çıkan değerler uzunluk açısından genotiplerin; Macaristan ve Azerbaycan kökenli olan genotiplerin uzun ve geniş olduğu ve Türk kökenli olan genotiplere ortalamalar ve değer aralıkları itibarıyla daha yakın olduğunu göstermiştir. Bu durumun ortaya çıkmasında incelenen genotipler içerisinde Türk genotiplerinin de payı olmakla birlikte Kırgız kökenli genotiplerin verilen değerlerin ortalamalarını yukarıya doğru çektiği görülmektedir. Kırgız kökenli genotiplerde istisnalar olmakla birlikte yaprak genişlik ve uzunluklarının genel anlamda normalden daha büyük olduğu gözlemlenmiştir. Escribano ve Lázaro (2009) çalışması yaprak uzunluğu açısından çalışmamızda yer alan genotiplere daha yakın sonuçlar sergilediği rapor edilmiştir. Çalışmalarındaki yaprak uzunlukları 15,46-21,09 cm arasında olduğu gözlemlenmiştir.

Kavunlarda verim meyvelerindeki biyokütle birikimi ile belirlenir ve bu nedenle bitki organları arasındaki kuru madde transferi verimlilikte oldukça önemli bir rol oynar.

Çizelge 4.1 Genotiplerin yaprak uzunluğu, yaprak genişliği, yaprak sapı uzunluğu, meyve büyüklüğü ve meyve uzunluğu özellikleri

	Yaprak uzunluğu (cm)	**Yaprak genişliği (cm)**	**Yaprak sapı uzunluğu (cm)**	**Meyve büyüklüğü (gr)**	**Meyve uzunluğu (cm)**
Kg-A	8,53 m-o	11,12 uv	8,6 o-s	1986 n-q	18,71 n-p
Kg-C	7,75 op	10,25 vw	9,53 j-p	1524 rs	14,53 vw
Kg-D	10 l	12,32 q-u	9 n-q	3320 b-d	17,37 q-t
Kg-E	8,5 m-o	9,34 w	10,5 e-k	1556 q-s	13,36 w
Kg-F	11,73 e-g	18,1 c-e	14,32 bc	1638 p-s	25,53 ef
Kg-G	11,08 f-j	15,13 ı-m	10,63 e-ı	2683 e-j	20,76 j-l
Kg-H	11,1 f-j	16,1 f-j	10,25 f-l	2241 k-o	16,22 tu
Kg-İ	11,46 f-h	17,53 c-g	16,1 a	2441 h-m	26,02 d-f
K	11,83 d-g	15,46 h-l	10,8 e-h	2752 e-ı	20,21 k-m
A	11,85 d-f	17,57 c-g	10,47 e-l	2491 g-l	17,52 q-s
Manas-1	10,97 g-k	14 l-q	13,7 bc	2806 e-h	23,47 h
Manas-2	8,14 m-p	13,83 l-q	9,15 m-q	2228 l-o	25 fg
Manas-3	8,7 mn	13,33 o-t	8,92 n-q	2673 f-k	17,64 p-s
Manas-4	7,99 n-p	11,2 uv	9,45 l-p	459 t	10,48 y
Manas-5	8,18 m-p	14,61 j-p	10,24 f-l	1496 rs	19,4 m-o
Manas-6	8,37 m-o	13,6 m-r	10,12 g-m	3463 a-c	19,42 m-o
Manas-7	11,33 f-ı	14,77 j-o	11,9 d	2394 h-n	16,95 st
Manas-8	8,68 mn	15,06 ı-n	10,56 e-j	2492 g-l	18,21 p-r
Ç-01	8,64 mn	14,85 j-o	10,66 e-h	2776 e-ı	27,42 bc
Ç-02	8,02 m-p	14,25 l-p	9,02 n-q	3730 ab	24,33 gh
Ç-03	12,33 c-e	18,01 c-e	13,6 c	3691 ab	25,24 fg
Ç-04	12,71 c	18,93 bc	14,46 b	2742 e-ı	28,97 a
Ç-05	12,33 c-e	17,5 c-g	11,24 d-f	2348 ı-n	28,57 ab
Ç-06	8,44 m-o	14,62 j-p	8,11 q-t	2289 j-o	20,43 k-m
Ç-07	16,27 a	20,1 b	14,58 b	2900 d-g	20,21 k-m
Ç-08	12,62 cd	16,56 e-ı	9,02 n-q	2910 d-g	21,36 ı-k
Ç-09	10,45 j-l	17,66 c-g	9,47 k-p	2051 m-p	21,81ıj
Ç-Son	11,51 e-h	16,92 d-h	9,64 j-p	1530 rs	16,63 s-u
J-01	8,86 m	13,95 l-q	9,61 ı-o	3116 c-e	26,65 c-e
J-02	11,6 e-h	17,77 c-f	11,45 de	3075 c-f	22 ı
Oş-01	8,52 m-o	16 g-k	11,32 de	1890 o-r	17,07 r-t
Oş-02	10,14 kl	14,86 ı-o	9,9 h-n	2768 e-ı	19,55 mn
Oş-03	8,6 m-o	13,55 m-r	10,2 g-m	2706 e-j	28 ab
Oş-04	10,45 j-l	14,37 k-p	10,14 g-m	3020 d-f	20,38 k-m
Oş-05	10,5 ı-l	14,5 j-p	11,08 d-g	2962 d-f	26,73 cd
YYÜ-6	11,13 f-j	18,3 cd	9 n-q	1422 s	18,27 o-q
YYÜ-13	14,76 b	22,92 a	14,71 b	1248 s	14,5 vw
YYÜ-19	10,78 h-l	15,37 h-l	8,73 o-r	2269 j-o	21,36 ı-k
YYÜ-22	8,7 mn	14,95 ı-o	11,36 de	3790 a	25,31 fg
YYÜ-25	7,76 op	13 p-t	8,66 o-s	2023 m-p	20,28 k-m
YYÜ-30	8,7 mn	13,98 l-q	6,53 u	354 t	9,4 y
Iğdır	8,42 m-o	15,5 h-l	10,28 f-l	2230 l-o	19,67 l-n
Kav-1	10,85 h-l	13,43 n-s	8,56 p-s	1255 s	11,72 x
Kav-3	7,38 p	11,7 t-v	7,32 tu	1346 s	14,02 w
Kav-4	10,85 h-l	15,18 ı-m	8,93 n-q	1474 rs	17,74 p-s
Kav-6	8,13 m-p	12,05 r-u	7,68 st	1205 s	14,11 w
Kav-256	8,15 m-p	12,05 r-u	7,79 r-t	1969 n-q	13,43 w
Kav-252	8,85 m	11,85 s-v	9,43 l-p	2143 l-o	15,63 uv

Tablo 0,05 önem düzeyine göre oluşturulmuştur.

Yüksek verim ve kalitede meyve elde etmek için, yaprak biyokütlesinin hızlı büyümesi ve büyümeleri ve gelişmeleri sırasında esas olarak meyvelere gidecek büyük miktarda asimilat üretmesi önemlidir (Castellanos ve ark., 2011). Çizelge 4.1'deki mevcut diğer veriler göz önüne alınarak yapılan incelemede Ç-07 genotipinin meyve büyüklüğü açısından ilk sıralarda yer alması yapılan açıklamayı dorularken YYÜ-13 numaralı genotipin bu durumun tam tersini yansıttığı görülmektedir. YYÜ-13 numaralı genotipin çeşit özelliğinden dolayı bu performansı sergilediği tahmin edilmektedir.

Çizelge 4.1'de yer alan yaprak sap uzunluklarına ait veriler özetlenmiştir. Yaprak sap uzunlukları açısından incelendiğinde en uzun genotipler Kg-İ (16,1 cm) ve Ç-04 (14,46 cm)'dur. Yaprak sap uzunlukları açısından en kısa genotipler YYÜ-30 (6,53 cm) ve Kav-3 (7,32 cm)'dür. Dikey bir ışık geliş açısında, daha uzun yaprak sapı ve daha büyük yaprakların üretiminin bitkiler için bazı faydaları olacaktır. Daha uzun yaprak sapları bitkilerin daha uygun ışık koşullarına ulaşmasını sağlar ve daha büyük yapraklar üretmek de ışıktan daha fazla faydalanması sağlayarak fotosentetik aktiviteyi arttıracaktır (Weijschedé ve ark., 2006). Bu durum da bitkilerin çeşitli büyüme koşullarına adapte olmasını kolaylaştıracak ve hızlandıracaktır. Szamosi ve ark. (2010) çalışmasında yaprak sap uzunluğunu Macaristan genotiplerinde ortalama 8,2 cm ve Türk genotiplerde ortalama 9,3 cm olduğunu belirlemişlerdir. Çalışmamıza dahil edilen kavun genotiplerinin yaprak sap uzunlukları 6,53-16,1 cm arasında belirlenmiştir. Elde edilen sonuçların ekstrem olanları olmakla birlikte yapılan çalışmalar ile benzerlik gösterdiği görülmektedir. Çizelge 4.1 incelendiğinde Kırgız genotiplerin genel olarak yaprak sap uzunluklarının 10 ve üzerinde olduğu görülmektedir. Bu durumun da farklı bölgelere yapılacak olan adaptasyon çalışmalarında ışık ihtiyaçlarının karşılanması açısından adapte olmada zorlanmayacağı tahmin edilmektedir.

Kavunda verim, çiçeklenme için gereken gün sayısı, birincil dal sayısı, meyve sayısı, bitki başına ağırlık ve meyve başına ortalama ağırlık dahil olmak üzere çeşitli özelliklerle ilişkilidir (Taha ve ark., 2003). Verime etki eden meyve ağırlığını kontrol eden özellikler kantitatif yapıya sahip ve kalıtım dereceleri diğer özellikler ile kıyaslandığında daha düşüktür. Çünkü meyve ağırlığı ile ilgili QTL'ler ve meyve ağırlığı ile ilişkilendirmeler kavunda tüm kromozomlar üzerinde bulunmaktadır. Meyve ağırlığını etkilemesi üzerinde fikir birliğine varılan 4 adet ana QTL (meta QTL) tespit edilmiştir (FWMQ2, FWMQ3, FWMQ8 ve FWMQ11) (Eduardo ve ark., 2007b). Çalışma kapsamındaki genotiplerin meyve ağırlıkları yapılan Tukey testi sonucunda 3709-354 gr arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Genotipler içerisinde YYÜ-22 (3790 gr) ve Ç-03 (3691 gr)'nin en büyük, YYÜ-30 (354 gr) ve Manas-4 (459 gr)'nın en küçük meyve ağırlığına sahip olduğu belirlenmiştir. Macar genotiplerin

ortalama 1333 gr ve Türk genotiplerin ağırlıklarının ortalamasının 1017 gr (Üst sınır 1670 gr) olduğu Szamosi ve ark. (2010) olduğu belirlenmiştir. Lázaro ve ark. (2017) İspanyol kavun genotiplerinde meyve ağırlıklarının ortalama 2610 gr olduğunu belirlemişlerdir. Çizelge 4.1 göz önüne alındığında Kırgız kavun genotiplerinin 1500-3000 gr ve üzerinde değerler sergilediği görülmektedir. Bu durum genotiplerin genel anlamda Macar ve Türk genotiplerden büyük, İspanyol genotipler ile benzer ağırlıklar sergilediği anlaşılmaktadır.

Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2'de genotiplere ait meyve uzunlukları ve meyve çapları özetlenmiştir. Çalışma kapsamında incelenen genotipler Tukey testi sonucunda Ç-04 (28,97 cm) ve Ç-05 (28,57) meyve uzunluğu açısından en uzun genotipler olduğu belirlenmiştir. Meyve uzunluğu açısından en kısa genotiplerin ise YYÜ-30 (9,4 cm) ve Manas-4 (10,48 cm) olduğu belirlenmiştir. Yapılan Tukey testi sonucunda meyve genişliği açasından Manas-6 (19,24 cm) ve Kg-D (18,7 cm)'nin en iyi genotipler olduğu belirlenmiştir. Meyve geniş açısından en dar olan genotiplerin iseYYÜ-30 (8,49 cm) ve Manas-4 (9,74 cm) olduğu belirlenmiştir. Kavun genotipleri, oldukça geniş bir meyve boyutu ve morfolojisi göstermektedir. Bu çeşitliliğin çoğu Orta Asya kökenli genotiplerde ve yabani kavun formlarında bulunmaktadır (Dhillon ve ark., 2012; Roy ve ark., 2012). Bu çeşitliliğin sebebi meyvelerin sahip oldukları genişlik, uzunluk ve bu durumu etkileyen meyvenin cinsiyetini belirleyen genlerin etkinliğidir. Mevcut veriler, kavunun Cucumis cinsinin en çeşitli türlerinden biri olduğunu doğrulamakla birlikte, fenotipik varyasyonunun genetik kontrolünün büyük ölçüde bilinmediği/henüz aydınlatılmadığını göstermektedir (Monforte ve ark., 2004). Lázaro ve ark. (2017) İspanyol genotiplerinde meyve genişliğinin 15,46 cm ve meyve uzunluğunun 22,83 cm olduğunu rapor etmişlerdir. Guliyev ve ark. (2018) ise Azerbaycan geneotiplerinde meyve uzunluğunun 15,28-29,87 cm ve meyve genişliğinin de 14,88-24,2 cm arasında olduğunu rapor etmiştir. Bu açıdan çalışma kapsamındaki genotipler İspanyol genotiplerden uzun ve Azerbaycan genotipleri ile uzunluk açısından benzerlik gösterdiği görülmektedir. Meyve genişliği açısından da Azerbaycan genotiplerinden daha kısa olduğu buna karşın İspanyol genotipleri ile benzerlik gösterdiği gözlemlenmiştir. Ayrıca Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2'deki meyve uzunluk ve genişlikleri incelendiğinde Kırgız genotiplerin meyve uzunluğu olarak Türk genotiplerden genellikle daha uzun olduğu görülmüştür. Meyve genişlikleri açısından Türk ve Kırgız genotiplerin birbirlerine yakın sonuçlar ortaya koyduğu görülmektedir.

Kavunda meyvenin rengi, ağırlığı, meyve eti ve çözünebilir madde miktarı olmak üzere meyvesinin kalitesiyle ilgili birçok farklı özellik bulunmakla birlikte meyve sap

uzunluğu hıyarda olduğu gibi üzerinde az çalışılmış konular arasındadır (Song ve ark., 2016). Hıyar gibi bitkilerde makineli hasat (meyve sapının uzun ve kolay kesilip koparılması için



Şekil 4.25. Farklı meyve tip ve boyutlarından bir görüntü (Orjinal)

ince olması) için bu özelliğin önemli olmasına karşın kavun için hıyarda olduğu kadar önemli değildir. Kabakgillerde meyve sap uzunluğunun genetik altyapısını karma majör gen teorisi ile açıklarken bazı araştırmacılar da poligenik kalıtım modeli kullanılarak açıklamışlardır (Junyi ve ark., 2003; Cui ve ark., 2014). Kavunda konuyu açıklayan bir kalıtım modeli ve detaylı çalışma bulunmamakla birlikte sıklıkla incelenen morfolojik karakterler arasındadır. Çalışmamızda yer alan genotipler arasında Tukey testine göre en uzun meyve sapına sahip olanlar YYÜ-22 (32,87 mm) ve YYÜ-6 (32 mm)'dir. Meyve sap uzunluğu açısından en kısa olan genotipler Kg-C (14,25 mm) ve Ç-07 (15,93 mm)'dir. Ç-06 (10,72 mm) ve Ç-04 (10,63 mm) genotipleri meyve sapları açısından en kalın genotiplerdir (Şekil 4.25.). Tukey testi sonucunda meyve kalınlığı açısından en ince olan genotipler ise YYÜ-30 (5,23 mm) ve Kg-C (6,14 mm)'dir. YYÜ-30 numaralı genotip yabani karakterde ve meyveleri oldukça küçük olup tüketim için uygun değildir. Mendi ve ark. (2010) çalışmalarında kavunların meyve sap uzunluklarının 22 mm ve 41 mm, kalınlıklarının da 7,6 ve 9,2 mm olarak rapor etmişlerdir. Szamosi ve ark. (2010) Türk ve Macar genotiplerinin %14'ünü kısa, %65'ini orta ve %21'ini de uzun olarak sınıflandırmıştır. Çalışmamız neticesinde ortaya çıkan sonuçlar Mendi ve ark. (2010) sonuçları ile benzerlik göstermek ile birlikte çoğunlukla Szamosi ve ark. (2010) orta olarak sınıflandırdığı kategoride yer almaktadır. Çalışmada yer alan Kırgız genotipler istisnai değerler olmakla birlikte genellikle 20-25 mm civarından olup Türk genotipler ile benzerlik

göstermektedir. Türk genotipler arasında 30'un üzerinde değerlere sahip olanlar da bulunmaktadır.

Çalışmamızda yer alan genotipler arasında yapılan Tukey testi sonucunda Kg-D (52,63 mm) ve Ç-07 (44,68 mm) mühür büyüklüğü en fazla olan genotipler olarak belirlenmiştir. Tukey testine göre en küçük mühür büyüklüğüne sahip genotipler ise YYÜ-30 (4,81 mm) ve YYÜ-6 (7,77 mm)'dir. YYÜ-30 meyveleri oldukça küçük ve tüketim için uygun olmadığından YYÜ-30'dan sonra en küçük mühür büyüklüğüne sahip genotip Ç-01 (7,81 mm)'dir (Çizelge 4.2). Dal ve ark. (2017) mühür büyüklüğü açısından yaptıkları çalışmada 68 adet Türk genotipinde 3,06 mm ve 73,29 mm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Şahin (2008) Van yöresinden topladığı genotiplerin mühür büyüklüklerini 14,22 mm olarak belirlemiştir. Çalışmamızda ekstrem genotipler dışında (Kg-D, Ç-07 ve YYÜ-30) elde edilen sonuçlar yapılan çalışmalardaki Türk genotiplerin sonuçları ile benzerlikler göstermektedir. Genotiplerden Ç-07'nin mühür büyüklüğü oldukça büyük dışarıya çıkıntı yapmıştır. Bu genotipin görsel olarak kötü bir şekil sergilemesi tüketicilerin ilgisini çekmeyeceği anlamına gelmektedir. Kg-D ise meyvede mühür büyüklüğü dışa doğru bir çıkıntı oluşturmamakla birlikte görsel açıdan bu meyveye ilginin düşük olacağı düşünülmektedir.

Kavun meyvelerinin çap, uzunluk, boyut, ağırlık ve et kalınlığı gibi meyve kalitesi özelliklerinin çoğu poligenik kalıtım göstermektedir. Bu kalite özellikleri ile ilgili olarak birçok QTL bölgesi tanımlanmıştır ve bu bölgelerden 6 adedi meyve eti kalınlığı ile ilintilidir (Ramamurthy ve Waters, 2015). Yabani kavunların meyveleri genellikle tatlı aromadan yoksun, bazen acı olmayan çok ince bir açık yeşil ete sahiptir (Pitrat, 2013a). Kültürü yapılan formlarda meyve eti daha kalındır. Çalışmamızdaki kavunların meyve eti kalınlıkları açısından yapılan Tukey testi sonucunda Manas-6 (46,29 mm) ve Oş-02 (43,03 mm) en iyi genotipler olduğu belirlenmiştir. Meyve eti kalınlıkları açısından en ince genotiplerin YYÜ-30 (11,07 mm) dışında Manas-4 (20,68 mm) ve Kg-F (23,5 mm) genotipleri olduğu Tukey testi sonucunda belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Meyve kabuk kalınlığı açısında incelendiğinde; Kav-4 (12,22 mm) ve Manas-3 (10,61 mm) genotiplerinin en kalın meyve kabuk etine sahip olduğu tespit edilmiştir. Meyve eti açısından en ince et kalınlığına sahip genotipler Manas-4 (3,77 mm) ve YYÜ-30 dışında Kg-E (4,31 mm)'dir (Çizelge 4.3). Szamosi ve ark. (2010) Macar kavun genotiplerinin meyve eti kalınlıklarını 30 mm, kabuk kalınlıklarını 6,8 mm ortalamaya sahip olduğu ve Türk kavun genotiplerinin meyve eti kalınlıklarını 22 mm, kabuk kalınlıklarının 5,3 mm ortalamaya sahip olduğunu belirlemişlerdir.

Çizelge 4.2 Genotiplerin meyve çapı, meyve sapı uzunluğu, meyve sapi kalınlığı, mühür büyüklüğü ve meyve eti kalınlığı özellikleri

	Meyve çapı (cm)	**Meyve sapı uzunluğu (mm)**	**Meyve sapı kalınlığı (mm)**	**Mühür büyüklüğü (mm)**	**Meyve eti kalınlığı (mm)**
Kg-A	14,57 k-o	22 q-s	9,65 a-e	9,88 m-p	36,63 cd
Kg-C	14,45 k-p	14,35 y	6,14 lm	9,29 n-q	30,7 g-o
Kg-D	18,7 ab	27,88 b-d	8,84 a-g	52,63 a	34,37 d-h
Kg-E	15,06 h-m	15,69 xy	6,49 k-m	13,3 j-o	30,42 g-o
Kg-F	11,45 v	24,11 h-n	6,58 ı-m	15,61 ı-l	23,5 rs
Kg-G	15,16 h-l	24,8 g-l	9,28 a-f	16,14 h-k	34,15 d-ı
Kg-H	14,79 j-n	18,04 vw	10,13 a-c	36,97 c	29,41 ı-p
Kg-İ	13,06 r-u	26,26 d-g	6,7 h-m	21,61 fg	34,32 d-h
K	15,08 h-m	27,23 b-e	8,86 a-g	14,17 ı-m	33,69 d-j
A	15,94 e-ı	19,92 t-u	6,53 j-m	27,47 de	32 d-n
Manas-1	13,62 o-s	23,82 ı-p	7,28 g-l	17,45 g-k	34,33 d-h
Manas-2	13 r-u	28,62 b	6,31 lm	27,18 de	29,2 j-p
Manas-3	17,29 cd	24,12 h-n	8,53 c-h	30,09 d	36,68 cd
Manas-4	9,74 w	23,22 k-q	6,46 k-m	30,75 d	20,68 s
Manas-5	12 uv	22,64 m-r	8,43 c-j	12,85 k-o	24,83 p-s
Manas-6	19,24 a	26,69 c-f	8,49 c-ı	20,77 f-h	46,29 a
Manas-7	16,87 d-f	21,3 r-t	7,85 e-l	29,11 d	33,25 d-k
Manas-8	17,27 cd	22,21 o-s	9,03 a-g	29,25 d	33,66 d-j
Ç-01	15,24 g-k	28,82 b	9,63 a-e	7,81 pq	23,9 q-s
Ç-02	18,04 bc	24,26 h-m	8,52 c-h	13,94 ı-m	36,63 cd
Ç-03	11,32 v	26,83 c-f	6,72 h-m	17,26 g-k	28,12 l-r
Ç-04	13,76 n-s	25,31 f-ı	10,63 ab	21,3 fg	34,58 d-h
Ç-05	13,42 p-t	27,57 b-d	7,89 e-l	17,72 g-j	32,7 d-m
Ç-06	14,47 k-p	23,9 ı-o	10,72 a	15,26 ı-l	30,32 g-o
Ç-07	16,83 d-f	15,93 xy	8,35 c-k	44,68 b	31,47 f-o
Ç-08	14,58 k-o	27,54 b-d	8,91 a-g	13,81 ı-n	29,27 j-p
Ç-09	14,41 k-p	24,07 h-n	10,58 ab	14,43 ı-m	30,75 g-o
Ç-Son	13,98 m-r	22,12 p-s	9,47 a-f	31,39 d	34,24 d-ı
J-01	16,13 e-h	28,38 bc	7,7 f-l	11,37 l-p	33,89 d-j
J-02	17,02 c-e	19,25 uv	9,63 a-e	9,04 o-q	33,96 d-j
Oş-01	15,06 h-m	16,3 x	7,65 f-l	37,08 c	28,59 k-q
Oş-02	16,32 d-g	25,32 f-ı	9,54 a-f	17,19 g-k	43,03 ab
Oş-03	14,26 k-q	25,26 f-j	9,41 a-f	10,57 m-p	35,73 d-f
Oş-04	13,27 q-t	25,48 f-ı	6,67 h-m	28,84 de	30,11 h-o
Oş-05	13,76 n-s	27,66 b-d	8,82 a-g	20,33 f-h	34,5 d-h
YYÜ-6	13 r-u	32 a	6,44 k-m	7,77 pq	23,51 rs
YYÜ-13	13,04 r-u	23,57 j-q	7,86 e-l	17,51 g-j	26,79 o-r
YYÜ-19	14,96 ı-m	23,13 l-q	8,77 b-g	10,44 m-p	31,65 e-o
YYÜ-22	17,39 cd	32,87 a	7,32 g-l	18,27 g-ı	34,6 d-h
YYÜ-25	12,71 s-u	20,72 s-u	6,41 lm	7,9 pq	27,76 n-r
YYÜ-30	8,49 x	17,35 wx	5,23 m	4,81 q	11,07 t
Iğdır	15,19 h-l	25,75 e-h	9,48 a-f	17,86 g-j	34,3 d-h
Kav-1	14,11 l-r	22 q-s	9,88 a-c	24,32 ef	35,04 d-g
Kav-3	13,11 r-u	31,25 a	9,84 a-d	17,6 g-j	30,28 g-o
Kav-4	12,31 t-v	22,96 m-r	7,94 d-l	9,04 o-q	28,07 m-r
Kav-6	12,8 s-u	22,45 n-r	10,09 a-c	17,09 g-k	36,36 de
Kav-256	16,51 d-f	28,7 b	10,03 a-c	17,28 g-k	32,95 d-l
Kav-252	15,77 f-j	24,93 g-k	10,48 ab	20,61 f-h	41,32 bc

Tablo 0,05 önem düzeyine göre oluşturulmuştur

Lázaro ve ark. (2017) İspanyol kavun genotiplerin meyve eti kalınlığını ortalama olarak 32,1 mm ve meyve kabuk kalınlığını ortalama olarak 11,3 mm olduğunu belirlemişlerdir. Meyve eti kalınlıklarını Azerbaycan genotiplerinde 33-47,5 mm arasında olduğunu belirlemiştir (Guliyev ve ark., 2018). Tunus kavun genotiplerinde meyve eti kalınlıklarının 31-46 mm aralığında değiştiğini belirlenmiştir (Trimech ve ark., 2013). Mevcut koleksiyonlar meyve eti kalınlığı açısında değerlendirildiğinde çalışmamızdaki genotiplerin üst sınırı Azerbaycan ve Tunus genotiplerine, alt sınırı da Türk kavun genotiplerine benzediği görülmektedir. Kırgız genotiplerinin meyve eti kalınlıkları ortalama olarak 30 mm üzerinde olduğu görülmektedir. Ortalamanın 30 mm üzerinde olması bu genotiplerin Macar, İspanyol ve Azerbaycan genotiplerine benzediği görülmektedir.

Kavunda meyve boyutu, şekli, klimakterik olgunlaşma, ağsı yapı, renk ve β-karoten, şekerler ve organik asitler gibi meyve kalitesini belirleyen biyokimyasal çeşitli metabolitlere ek olarak toplam çözünebilir madde miktarı da kantitatif kalıtım yapısına sahiptir ve bazı özel kavun popülasyonlarında haritalanmış özelliklerdir (Harel-Beja ve ark., 2010). Kavunda toplam çözünür katı madde içeriği kalitenin güvenilir bir göstergesidir. Genel olarak, kavun meyve etinin kabul edilebilir sayılabilmesi için toplam çözünür katı madde en az % 9 olmalıdır (Burger ve ark., 2006). Toplam çözünür katı madde ve şeker konsantrasyonu için kavun koleksiyonlarında gözlenen büyük genetik değişkenlik, esas olarak sükroz seviyelerindeki farklılıklardan kaynaklanmaktadır. Toplam çözünür katı madde için büyük değişkenlik genellikle aynı çeşitteki farklı meyvelerde görülebilir. Bu değişkenlik heksoz seviyelerinden ziyade daha önce de belirtildiği gibi sükrozdaki farklılıklar sonucunda ortaya çıkmaktadır (Burger ve Schaffer, 2007). Toplam çözünür katı madde miktarı açısından Çizelge 4.3 incelendiğinde en yüksek SÇKM değerleri Ç-07 (%15,9) ve Ç-03 (%13,6) genotiplerinde tespit edilmiştir. SÇKM açısından en düşük değerlere sahip genotipler ise YYÜ-19 (%4,83) ve YYÜ-13 (%5,51)'dur. Yapılan diğer bazı çalışmalarda toplam çözünür katı madde miktarlarının, bazı İran genotiplerinde (% 5,57-11,96), bazı Türk genotiplerinde (%3,88-12), Türkiye göller yöresi kavun genotiplerinde ortalama (%12,65), bazı Tunus kavun genotiplerinde (%3,1-7,5), bazı Macar genotiplerde ortalama (%9,8) olduğu belirlenmiştir (Szamosi ve ark., 2010; Trimech ve ark., 2013; Dal ve ark., 2017; Maleki ve ark., 2018). Bu açıdan çalışmamızdaki genotipler bahsedilen ülkelerdeki kavun genotiplerinin toplam çözünür katı madde miktarlarını kapsayacak aralıkta olduğunu göstermemiştir. SÇKM açısından dikkat çeken genotipler en yüksek değerleri ile Ç-08, Ç03 ve Oş-04 genotipleridir.

Çizelge 4.3 Genotiplerin kabuk kalınlığı, SÇKM, pH, tohum ağırlığı ve tohum uzunluğu özellikleri

	Kabuk kalınlığı (mm)	**SÇKM**	**pH**	**Tohum ağırlığı (mg/5 adet tohum)**	**Tohum uzunluğu (mm)**
Kg-A	6,39 g-p	10,88 d-ı	6,52 a	28,86 r-t	10,27 v-x
Kg-C	5,6 l-r	10,4 d-j	6,16 a	46,23 h-l	11 q-v
Kg-D	10,41 ab	9,6 e-l	6,02 ab	46,06 h-l	10,4 u-w
Kg-E	4,31 qr	11,21 d-g	6,11 a	41,25 j-o	11,46 o-u
Kg-F	6,27 h-p	7,2 m-r	5,75 ab	27,74 st	12,53 f-o
Kg-G	8,71 b-f	7,97 l-q	5,8 ab	38,31 n-p	12,9 c-k
Kg-H	8,22 c-g	8,71 j-p	5,92 ab	69,33 a	14,31 a
Kg-İ	6,73 g-p	7,22 m-r	6,22 a	43,82 ı-n	11,63 m-s
K	7,67 d-k	7 n-r	5,75 ab	42,66 ı-n	13,58 a-f
A	6,73 g-p	12 b-d	6,03 ab	57,01 b-d	12,7 e-m
Manas-1	5,07 p-r	8,2 k-p	6,12 a	39,11 m-p	12,27 h-p
Manas-2	6,03 ı-q	7,3 m-r	6,04 ab	35,08 o-r	11,35 p-v
Manas-3	10,61 ab	8,88 ı-o	5,95 ab	45,79 h-m	10,58 r-w
Manas-4	3,77 r	6,96 n-r	6,14 a	32,56 p-s	8,63 y
Manas-5	6,47 g-p	7,92 l-q	5,95 ab	38,85 n-p	12,51 f-o
Manas-6	7,57 e-k	10,24 d-k	6,17 a	55,79 de	12,62 e-n
Manas-7	7 f-p	9,42 f-l	5,99 ab	52 d-h	12,57 f-o
Manas-8	10,13 bc	7,24 m-r	5,65 ab	48,35 f-ı	13,73 a-e
Ç-01	8,25 c-f	11,6 c-e	5,88 ab	48,39 f-ı	11,04 q-v
Ç-02	7,05 f-o	7,66 l-q	5,7 ab	63,75 ab	13,74 a-e
Ç-03	6,11 h-q	13,66 b	6,24 a	39,52 l-o	11,81 k-q
Ç-04	5,91 k-q	12,25 b-d	6,4 a	35,65 o-q	11,76 k-q
Ç-05	6,29 g-p	8,83 j-p	6,2 a	43,58 ı-n	11,61 m-t
Ç-06	6,96 f-p	8,43 j-p	5,7 ab	43,94 ı-n	12,09 ı-q
Ç-07	8,7 b-f	8,91 ı-o	5,79 ab	63,18 a-c	14,21 ab
Ç-08	6,92 f-p	15,9 a	5,82 ab	49,2 e-ı	10,98 q-v
Ç-09	6,93 f-p	9 h-n	5,63 ab	47,1 g-j	11,92 j-q
Ç-Son	5,95 j-q	6,92 o-r	5,64 ab	53,34 d-g	13,29 a-h
J-01	9,51 b-d	7,89 l-q	5,52 ab	68,79 a	12,75 d-m
J-02	8,04 d-h	10,9 d-ı	6,31 a	68 a	12,98 c-j
Oş-01	7,34 f-l	9,22 g-m	5,52 ab	56,49 cd	12,57 f-o
Oş-02	7,86 d-ı	5,55 rs	5,44 ab	48,79 f-ı	13,86 a-d
Oş-03	6,9 f-p	7,82 l-q	5,98 ab	44,35 ı-n	13,09 b-ı
Oş-04	7,02 f-o	13,5 bc	6,19 a	39,53 l-o	11,95 ı-q
Oş-05	7,03 f-o	9,55 f-l	6,17 a	38,8 n-p	11,86 j-q
YYÜ-6	7,85 d-j	7,31 m-r	5,85 ab	48,29 f-ı	13,93 a-c
YYÜ-13	5,16 n-r	5,51 rs	5,68 ab	54,11 d-f	13,51 a-g
YYÜ-19	5,47 l-r	4,83 s	6,03 ab	54,56 d-f	12,83 c-l
YYÜ-22	9,45 b-e	7,7 l-q	5,66 ab	51,34 d-h	11,69 l-r
YYÜ-25	5,12 o-r	11,46 d-f	6,39 a	37,94 n-p	11,95 ı-q
YYÜ-30	4,28 qr	6,15 q-s	4,92 b	25,02 t	9,57 w-y
Iğdır	5,41 m-r	11,3 d-f	6,45 a	39,79 k-o	13 c-j
Kav-1	6,53 g-p	8,51 j-p	6,12 a	30,17 q-t	9,72 w-y
Kav-3	7,87 d-ı	11,9 b-d	6,48a	31,13 q-t	10,52 s-w
Kav-4	12,22 a	11 d-h	6,35 a	32,72 p-s	11,54 n-u
Kav-6	6,11 h-q	8,87 ı-o	6,25 a	30,24 q-t	10,46 t-w
Kav-256	7,26 f-m	8 l-q	5,96 ab	46,31 h-k	12,38 g-p
Kav-252	7,08 f-n	6,8 p-s	5,82 ab	34,82 o-r	9,23 xy

Tablo 0,05 önem düzeyine göre oluşturulmuştur

Ayrıca, Burger ve ark. (2006) ifade ettiği gibi SÇKM değeri %9 ve üzerinde olan Kırgız genotiplerin (Ç-03, J-02, Ç-04, Manas-6, Oş-01, Ç-08, A, Manas-7, Ç-01, Oş-04, Kg-A, Kg-C, Kg-D, Kg-E, Oş-05 ve Ç-09) sayısı 16'dır. Yapılacak genel değerlendirmede Kırgız

genotiplerin SÇKM ortalamasının çalışmada yer alan Türk genotiplerinin SÇKM ortalamasından büyük olduğu görülmektedir (Çizelge 4.3).

Çoğu meyvenin tadı, karakteristik uçucu bileşikleriyle birlikte şeker ve organik asit seviyelerinin bir kombinasyonu sonucunda belirlenir. Kavunda yüksek asit içeriği genellikle meyve kalitesini azaltırken, orta derecede asit konsantrasyonunun meyveyi daha lezzetli hale getirebileceği bilinmektedir (Tang ve ark., 2010). Kavunlarda ekşi meyveler genellikle olgun meyve pH değerlerinin <5 olduğu ifade edilirken, tatlı meyvelerin de olgunluk döneminde pH değerinin 6> üzerinde olduğu belirtilmektedir (Cohen ve ark., 2012). Tat üzerine yapılan önceki çalışmalar, ekşi olmayan kavun hatlarının olgun meyvelerinin sitrik ve malik asit seviyelerinin ekşi olan genotiplerden oluşturulan yakın izogenik hatlardan elde edilen verilere göre daha yüksek olduğu belirlenmiştir (Burger ve ark., 2003b). Kavunun meyve etinde tat ve asitliği kontrol eden genetik özellik olan So (Sour) veya PH olarak adlandırılan tek bir baskın lokus tarafından sağlandığı belirtilmiştir (Burger ve ark., 2003b; Harel-Beja ve ark., 2010). Çalışma kapsamında yer alan genotipler pH değerleri açısından değerlendirildiğinde; en küçük pH değeri YYÜ-30 (4,92) ve Oş-02 (5,44) olarak belirlemişken, Kg-A (6,52) ve Kav-3 (6,48) genotipleri de en yüksek pH değerine sahip olduğu belirlenmiştir. Önceki bazı çalışmalarda kavunlar ile ilgili olarak pH değerleri 4,5-6,7 arasında değiştiği belirlenmiştir (Cohen ve ark., 2012). Erdoğan (2016) göller yöresinden toplamış olduğu kavun genotiplerinin pH değerlerinin ortalamasını 6,13 olarak belirlemiştir. Dal ve ark. (2017) oluşturdukları ıslah hatlarında pH değerlerinin 4,27-6,61 arasında değiştiği belirlemişlerdir. Bazı İran ve Afganistan kökenli kavun genotiplerinin pH değerleri 4,19-5,7 arasında değiştiğini belirlemiştir (Bagheriyan ve ark., 2015). Harel-Beja ve ark. (2010) oluşturdukları ıslah popülasyonlarında ebeveyn hat olarak kullandıkları genotiplerin pH değerleri 4-6,5 arasında değişmektedir. Yapılmış çalışmaların hepsinin gösterdiği değerlerin birbirlerine oldukça yakın ve benzer olduğu görülmektedir. pH değerlerinin arasında major bir farklılık bulunmadığı görülmüştür.

Kültürü yapılan kavunların daha büyük meyvelere, acı olmayan ve daha kalın meyve etlerine, daha büyük tohumlara ve yabani kavunlardan daha büyük yapraklara sahip olduğu bilinmektedir. Yabani formlar üç karpellidir ve tohumları nispeten daha küçük ve jelatinimsi bir kılıf içinde yer almaktadır (Pitrat, 2013b). Doğu Asya kavun genotipleri olan Conomon ve Makuwa gruplarının 9.00 mm'den daha kısa tohumlara sahip olan doğu Hindistan kökenli bir kavundan köken aldığı varsayılmaktadır (Yashiro ve ark., 2005; Tanaka ve ark., 2007). Fujishita (1973) tohum büyüklüğünün kavun çeşitlerinin tanımlanması için önemli bir özellik olduğuna dikkat çekmiştir. Ayrıca, Fujishita (1980) Makuwa ve Conomon kültür grubundaki

çeşitlerini 9 mm'den küçük tohumları olduğunu, reticulatus kültür grubundaki genotiplerin 9 mm'den büyük tohumları olduğunu ve Momordica grubundakilerin ise bu genotiplerin ortasında tohum büyüklüğüne sahip olduğunu belirtmiştir.

Çalışmamız kapsamında yer alan Türkiye ve Kırgızistan geneotiplerinin tohumlarının uzunlukları Tukey testine göre incelendiğinde en uzun genotiplerin Kg-H (14,31 mm) ve Ç-07 (14,21) olduğu belirlenmiştir. Tohum uzunlukları açısından Tukey testine göre Manas-4 (8,63 mm) ve Kav-252 (9,23 mm) en kısa genotipler olarak belirlenmiştir. Kırgız genotiplerin tohum uzunluklarının ortalaması 10 mm'nin üzerinde olduğu Çizelge 4.3'te görülmektedir. Bu duruma istisna olan tek genotip aynı zamanda en kısa tohum uzunluğuna sahip olan Manas-4 (8,63 mm) genotipidir. Çalışmamız yukarıdaki araştırmacıların bakış açısına göre değerlendirildiğinde Manas-4 genotipinin *Makuwa* ya da *Conomon* gruplarına mensup olma ihtimali açıkça görülmektedir. Akashi ve ark. (2002) Hint kavun aksesyonlarının tohumlarının uzunlukları açısından yaptıkları analize göre 4 ila 13 mm arasında sürekli bir değişiklik gösterdiğini bildirmiştir. Bu durumda Manas-4 genotipinin kökeninin buraya yakın olduğunun bir göstergesi olabileceği ihtimalini kuvvetlendirmektedir. Guliyev ve ark. (2018) Azerbaycan genotiplerinin tohum uzunluklarını 10,85-12,4 mm arasında değiştiğini ve ortalamasının 11,42 mm olduğunu rapor etmiştir. Soltani ve ark. (2010) İran kökenli *Dudaim* ve *Flexuosus* kavun genotiplerinin tohum uzunluklarının 10-16 mm arasında değiştiğini belirlemiştir. Erdoğan (2016) göller yöresi kavun genotiplerinin tohum uzunluklarının ortalamasını 5,09 mm ve en yüksek genotipin de 6,25 mm olduğunu belirlemiştir. Tunus kökenli aksesyonların tohum uzunluğunun 3-7,6 mm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Mevcut çalışmalar ile Kırgız materyalleri kıyaslanacak olursa; genotiplerin tohum uzunluklarının Azerbaycan ve İran kökenli genotiplere Tunus ve göller yöresi kavunlarından daha çok benzediği görülmektedir.

4.1.3. Morfolojik ölçüm ve gözlemler sonucunda elde edilen dendrogram

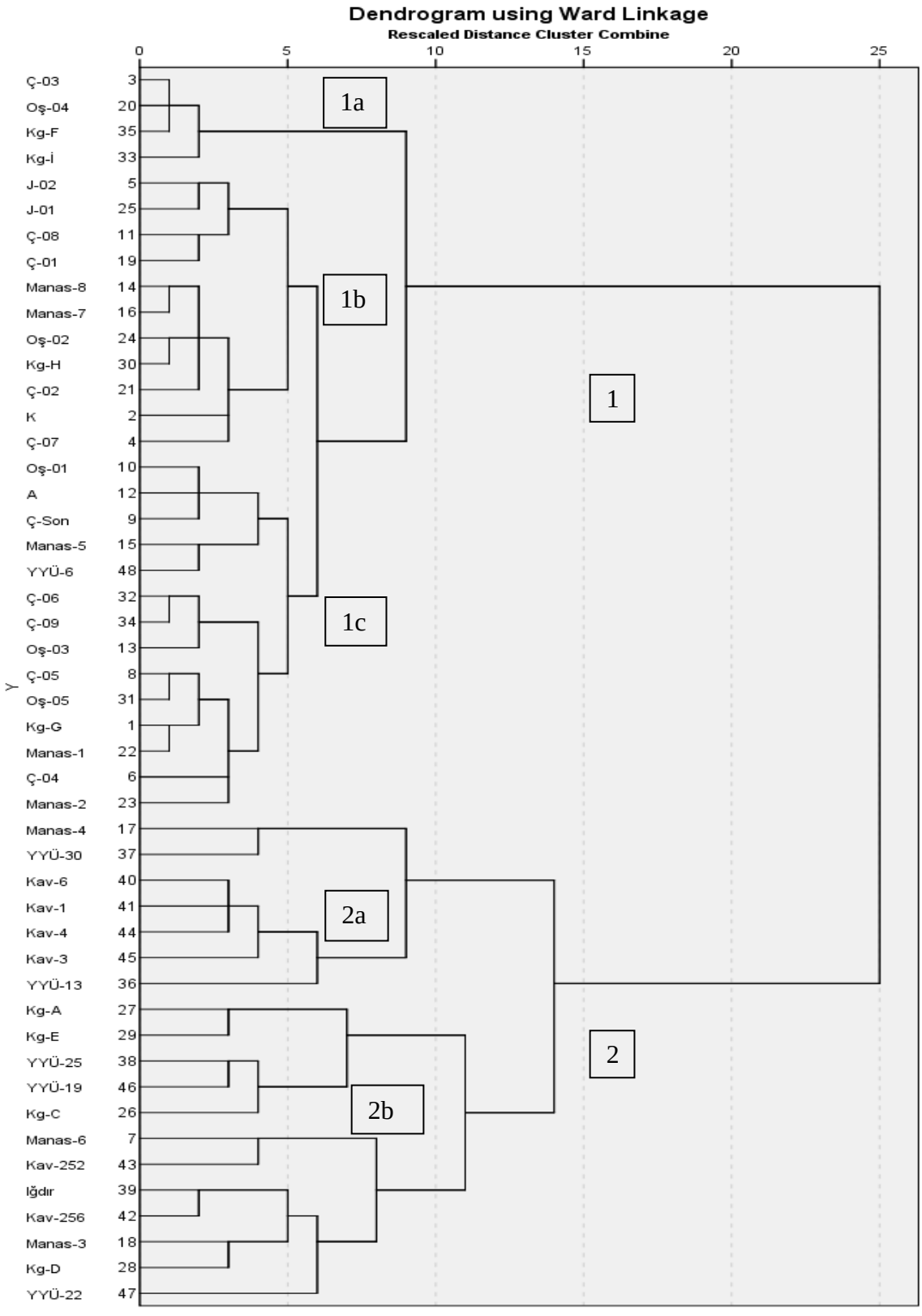
Çalışmada yer alan genotipler üzerinde yapılan morfolojik ölçüm ve gözlemler kullanılarak Ward metoduna göre çizilen dendrogram Şekil 4.26.'te verilmiştir. Analiz sonucunda genotiplerin 2 ana grupta kümelendikleri görülmektedir. Oluşan bu iki ana grup şekil 4.26 üzerinde gösterilmiştir. Dedrogram çizilirken ölçümü yapılan morfolojik ölçüm ve gözlemlerden elde edilen ham veriler Tablo 3.3.1'de verilen skalaya göre skorlarmış ve dendrogram çizilmesinde kullanılmıştır. Çizilen dendrogram temel olarak genotipleri Türk ve Kırgız genotipler olmak üzere 2 ana gruba ayırdığı da söylenebilir. Şekil 4.26'teki

dendrogramın dikkateli incelenmesi sonucunda 4 büyük alt-gruptan oluşturğu görülmektedir. Dendrogramın 1. ana grubu içerisinde çalışma kapsamında yer alan genotiplerin büyük çoğunluğu (29 adet genotip) yer almaktadır. Dendrogramdaki 2. ana grubun içerisinde de 19 genotipin yer aldığı görülmektedir. 1. ana grup içerisindeki 29 adet genotipin 28 adedi Kırgızistan ve 1 adedinin de Türkiye genotiplerden (YYÜ-6) oluştuğu görülmüştür. 2. ana grubun içerisinde yer alan 19 genotipin 7 adedi Kırgızistan (Manas-4, Kg-A, Kg-E, Kg-C, Manas-6, Manas-3, Kg-D) ve 11 adedi Türkiye genotiplerden oluştuğu görülmüştür. 1. ana grup içerisinde kümelenen 1a alt grubu içerisinde Ç-03, Oş-04, Kg-F ve Kg-İ genotiplerinin diğer 25 genotipten farklı olarak ana grup içerisinde kendi arasında küçük bir alt grupta kümelendikleri gözlemlenmiştir. 1b alt grubu içerisinde yer alan genotiplerin tamamı Kırgızistan genotiplerden oluşmakta olup; sırasıyla J-02, J-01, Ç-08, Ç-01, Manas-8, Manas-7, Oş-02, Kg-H, Ç-02, K ve Ç-07 genotiplerinden oluşmuştur. J (Celal-Abad) ve Ç (Çüy) kodları ile verilen genotiplerin coğrafik olarak aynı bölgelerden toplanmış ve morfolojik olarak yapılan analiz sonucunda birbirlerine yakın oldukları tespit edilmiştir. Dendrogramda yer alan 1c grubu ise Oş-01, A, Ç-Son, Manas-5, YYÜ-6, Ç-06, Ç-09, Oş-03, Ç-05, Oş-05, Kg-G, Manas-1, Ç-04 ve Manas-2 genotiplerinden oluşmaktadır. Bu genotipler içerisinde tek Türkiye orijinli genotip YYÜ-6'dır. Dendrogramda 1. büyük grup içerisinde yer alan genotipler yetiştirilme coğrafyasına göre birbirine yakın olma eğilimindedir. Fakat morfolojik olarak birbirinden morfolojik olarak farklı özelliklere sahip (örneğin; monoik ve dioik, 1500 gr ve 3000 gr üzerindeki genotipler gibi) olan genotipler aynı grup içerisinde birbirinden uzakta lokalize olmuştur. Yapılan morfolojik analiz sonucunda; J-01 ve J-02, Ç-06 ve Ç09, Manas-7 ve Manas-8, Oş-02 ve Kg-H, Manas-5 ve YYÜ-6, Ç-06 ve Ç-09, Ç-05 ve Oş-05, Kg-G ve Manas-1 gibi ikililerin birbirlerine yakın genotipler olduğu belirlenmiştir.

Dendrogramda 2. büyük alt grup da kendi içerisinde 2 alt gruba (2a ve 2b gibi) ayrılmıştır. Dendrogramın büyük çoğunluğu Türkiye genotiplerden (19 genotipten 12'si Türk) oluştuğu görülmektedir. İkinci büyük grubun ilk alt grubu olan 2a; Manas4, YYÜ-30, Kav-6, Kav-1, Kav-4, Kav-3 ve YYÜ-13 gibi genotiplerden oluşmaktadır. Dendrogramın 2b alt grubu ise; Kg-A, Kg-E, YYÜ-25, YYÜ-19, Kg-C, Manas-6, Kav-252, Iğdır, Kav-256, Manas-3, Kg-D ve YYÜ-22 gibi genotiplerden oluşmaktadır. 2a alt grubu içerisinde Kav-4, Kav-1, Kav-6 ve Manas-4 ve YYÜ-3 gibi genotiplerin morfolojik olarak birbirlerine yakın genotipler olduğu belirlenmiştir. Bunlar içerisinde ilgi çekici olan sonuç ise; biri Türkiye (YYÜ-3) diğer Kırgızistan olan (Manas-4) genotipin birbine yakın olmasıdır. 2b alt grubu içerisinde ise Kg-A ve Kg-E, YYÜ-25 ve YYÜ-19, Manas-6 ve Kav-252, Iğdır ve Kav-256, Manas-3 ve Kg-D ikilileri birbilerine morfolojik olarak yakın olan genotipleridr. Bunların

içerisinde Iğdır ve Kav-256 morfolojik olarak birbirine benzerlik oranı en yüksek olan genotiplerdir.

Çalışma kapsamında yapılan morfolojik ölçüm ve gözlemler neticesinde Türkiye ve Kırgızistan genotipleri temelde coğrafik kökenlerine göre benzerlik gösterdikleri söylenebilir. Dendrogram neticesinde iki büyük grup oluşmuş ve bu gruplar toplandıkları yerlere göre istisnalar olmakla birlikte kümelendiği görülmüştür. Szamosi ve ark. (2010) çalışmalarında 58 adet Türkiye ve Macaristan kökenli kavun genotipini temelde orjinlerine göre (Türkiye ve Macaristan) morfolojik özellikleri kullanarak ayrıştırmayı başarmışlardır. Guliyev ve ark. (2018) ise iki farklı ulusa ait olmasa da Azerbaycan kökenli kavun genotiplerini agro-morfolojik özellikleri kullanarak 4 ana grup altında kümeleyerek birbirleri ile olan benzerliklerini ortaya koymuşlardır. Escribano ve Lázaro (2009) çalışmalarında İspanyol



Şekil 4. 26. Kavun genotiplerinde morfolojik ölçüm ve gözlemler kullanılarak Ward metoduna göre yapılan analiz sonucunda ortaya çıkan dendrogram

kavun genotiplerini morfolojik açıdan incelemeiş ve ticari ve yerel genotipler olmak üzere temelde ayrıştırmayı başarmışlardır. Fergany ve ark. (2011) çalışmalarında Hindistan'ın

kuzey ve güney bölgelerinden toplanan kavun genotiplerini morfolojik özelliklerini kullanarak coğrafik bölgelerine göre dendrogram oluşturrarak kümeleme işlemini gerçekleştirmişlerdir. Yapılan çalışmalarda görüldüğü gibi genotipler arasındaki ilişki morfolojik özellikler kullanılarak belirlenebilmektedir.

Çalışmamız kapsamına dahil edilen genotipler de morfolojik özellikler kullanılarak temelde iki ülke koleksiyonları bazında birbirinden ayrışmıştır. Bununla birlikte Türkiye ve Kırgızistan genotipleri içerisinde birbirlerine karışmış genotipler az olmakla birlikte bulunmaktadır. Bu durumu, Mliki ve ark. (2001) gibi araştırmacılar moleküler verileri kullanarak alt kümelerin karıştırılabileceğini ve aralarındaki önemli morfolojik farklılıklara rağmen; *inodorus* ve *cantalupensis* gibi yetiştiriciliği yapılan kavun grupları arasında kesin bir ayrım yapılamayacağını belirtmiştir. Analiz sonucunda, her iki iki ülke koleksiyonuna ait genotipler morfolojik olarak skorlanmış ve bu skorlamadan elde edilen veriler ışığında birbirleri ile olan ilişkileri diğer araştırmacıların uluslararası koleksiyonlarda yaptığı gibi belirlenmiştir. Bu tez çalışması kapsamda gerçekleştirilen morfolojik gözlemler amacına hizmet etmiştir.

4.2. Moleküler Karakterizasyonlar

Kapillar elektroforez sonucunda elde edilen SSR jel verilerinin kullanılan markörler bazında skorlamması ve buskorlamalar kullanılarak yapılan çeşitli hesaplamalar neticesinde çizelge 4.4'deki sonuçlara ulaşılmıştır. Bu kapsamda sentezlenen SSR primerlerlerinden toplamda 168 adet fragman üretilip skorlanmıştır. Çalışılan primer başına ortalama 9,3 fragman mevcut popülasyondan üretilmştir. Üretilen bu 168 adet toplam fragmanın 96 adedinin polimorfik olduğu gözlenmiştir. Çalışılan markör başına toplam 5,3 adet polimorfik fragman düşmektedir. İlgili veriler tablo 4.4.'te SA ve PA kısaltmaları ile sunulmuştur. Kullanılan 18 adet SSR primerinden üretilen 168 adet fragmanın %57'si incelenen Kırgızistan ve Türkiye kavun genotiplerinin üzerinde polimorfik karakter sergilemiştir. Zhang ve ark. (2017a) çalışmalarını 35 adet kavun genotipinde SSR markörlerini kullanarak genetik çeşitlilik belirleme üzerine şekillendirmişlerdir. Çalışmaları neticesinde 19 adet polimorfik SSR kullanmışlar ve SSR'ler toplam 55 polmorfik allel üretmiştir. Lokus başına üretilen allel sayısının 2-5 arasında değiştiğini belirtmişler. Dar ve ark. (2017)'nın hıyar ile yapmış olduğu bir başka çalışmada ise toplam 23 adet SSR primeri kullanılmı olup toplamda 67 adet fragman üretilmiştir. Primer başına ortalama 2,91 adet fragman üretildiği ifade edilmiştir. Wang ve ark. (2018) kavunla ilgili çalışmalarında ise 37 adet SSR primerinden 274 adet fragman

üretilmiştir. Üretilen bu fragmanlar markör başına 3-16 araında değişmekle birlikte ortalama markör başına 7,40 fragman üretildiğini ifade etmişlerdir.

Hu ve ark. (2019) çalışması kapsamında 36 adet SSR marköründen toplam 314 fragman üretilmiş ve primer başına üretilen fragman ortalamasının 8,72 olduğu belirtilmiştir. Buaçıdan çalışmamız incelendiğinde yapılan bu güncel çalışmalarda daha iyi sonuçlar verdiği görülmektedir. Yayımlanmış olan bu çalımalarda primer başına üretilen fragman sayıları açısında çalışmamız 9,3 fragman üreterek ilk sırada yer aldığı görülmektedir. Hatta bazı çalımalarda primer başına düşen 5,3 polimorfik fragman sayısı dahi mevcut çalışmalar ile rekabet edecek düzeydedir. Dolaısıyla genetik çeşitliliği belirlemek adına %57 oranında üretilen polimorfik fragmanlar genotipler arasındaki genetik çeşitliliği belirlemede etkin bir ekilde kullanılmıştır.

Alelik zenginlik ve heterozigotluk, genetik çeşitliliğin en yaygın kullanılan iki ölçüsünün temelini oluşturmakla birlikte heterozigotluk çok daha sık uygulanan genetik çeşitlilik ölçme parametresidir (Greenbaum ve ark., 2014). Alelik zenginlik; aynı heterizotluk düzeyindeki popülasyonda gerçek alel sayısını ifade ederken, heterigotluk ise aynı popülasyonda beklenen alel sayısını ölçtüğü ifade edilmektedir (Hedrick, 2011). Tez çalşması kapsamında kulllanılan SSR markörlerinde etkili allel sayısı ortalaması 1,634-1.942 arasında değiştiği belirlenmiştir. Etkili allel sayısının 18 adet SSR marköründeki ortalaması 1,757 olarak belirlenmiştir. Bazı multilokus SSR markörü çalımalarda bu değerin toplamı kullanılırken bazı çalışmalarda ortalması kullanılmaktadır. Tez çalıması kapsamında ortlamalar incelenemiştir. Etkin allel sayıları bazıçalışmalarda şu şekilde hesaplanmıştır; cevizde 25 adet SSR marköründe Ne değerinin 1,053-2,139 arasında değiştiği (Yuan ve ark., 2018), soğanda SSR ve ETS-SSR'den oluaşan toplam 25 adet markörde Ne 1,42-2,76 arasında değiştiği belirlenmiştir(Rivera ve ark., 2016). Hu ve ark. (2019) kavun ile yaptığı bir başka çalışmada Ne değerlerinin toplamının 1,94-7,67 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Wang ve ark. (2018) yapmış olduğu kavun çalışmasında Ne değeri 1,539 ve 5,443 değiştiğini (ortalama = 2.426) belirtmiştir. Tez çalışmasının sonuçları ortalaması alınarak hesaplanan çalışmalar ile kıyaslandığunda yüksek düzeyde SSR primeri başına yüksek düzeyde etkili allel üretildiği görülmektedir. Etkili allelin primer başına yüksek olması genotipler arasındaki genetik ilişkinin doğru olarak tahin edilmesini sağlayan diğer bir parametredir. Çalışma bu açıdan kıyaslanan diğer çalışmalardan üstün konumdadır.

Çizelge 4.4. Çalışmada kullanılan primerlere ait istatistiki bilgiler

Markör	SA	PA	Na	PA %	BU	He	Ho	F_{ST}	I	PIC	MI
DM0073	11	7	1,668	64	131	0,746	0,500	0.329	0,584	0,855	3,808
CMCT505	8	5	1,689	63	219	0,766	0,481	0.372	0,593	0,798	2,493
CMGAN271	7	4	1,737	57	150	0,708	0,532	0.248	0,609	0,742	1,696
CMTCN66	11	8	1,713	73	127	0,733	0,518	0.293	0,604	0,874	5,085
DE1368	10	6	1,803	60	215	0,709	0,537	0.242	0,634	0,832	2,995
CMMS2_3	9	3	1,634	33	213	0,719	0,524	0.271	0,569	0,659	0,659
CMCTN2	7	4	1,771	57	172	0,718	0,527	0.266	0,626	0,747	1,707
CMBR002	7	4	1,704	57	114	0,750	0,495	0.666	0,595	0,745	1,702
CMTCN41	15	9	1,754	60	129	0,708	0,532	0.248	0,616	0,885	4,779
DE1295	8	5	1,660	63	113	0,749	0,500	0.332	0,580	0,799	2,496
DE1245	9	5	1,742	56	215	0,790	0,455	0.424	0,615	0,798	2,216
DE1400	10	5	1,751	50	198	0,734	0,514	0.299	0,618	0,799	1,997
CMCTN7	10	6	1,749	60	130	0,732	0,515	0.296	0,614	0,832	2,995
CMCTN71	8	3	1,942	38	160	0,667	0,567	0.149	0,678	0,666	0,749
CMTCN196	7	4	1,942	57	174	0,675	0,569	0.157	0,607	0,749	1,712
CMTCN62	7	4	1,939	57	145	0,670	0,574	0.143	0,677	0,750	1,714
CMGAN51	13	8	1,726	62	188	0,709	0,532	0.249	0,607	0,871	4,288
DE1113	11	6	1,706	55	217	0,758	0,487	0.357	0,596	0,830	2,716
Ortalama	**9,3**	**5,3**	**1,757**	**57**	**-**	**0,724**	**0,519**	**0,279**	**0,614**	**0,790**	**2,544**

SA: skorlanan allel sayısı, PA: polimorfik allel sayısı, BU: ortalama bant uzunlukları, He: beklenen heterozigoti, Ho: Saptanan heterozigoti, PIC: polimorfik bilgi içeriği, MI: markör indeksi, F_{ST}: Fixation indeksi, Na: etkili alel ortalaması

Çalışmada kullanılan SSR primerlerinden üretilen fragmanlardan hesaplanan diğer önenmli parametreler de He ve Ho'dur. He çalışmamız kapsamında primerler arasında 0,670-0,790 arasında değiştiği çizelge 4.4.'te görülmektedir. Ho değerlerinin de 0,111-0,333 değerleri arasınd değiştiği görülmektedir. Bir lokusun, beklenen heterozigotluğu (He) olarak da bilinen gen çeşitliliği, bir popülasyondaki genetik varyasyonun temel ölçülerinden biridir (Nei ve Roychoudhury, 1974). Bu değer 0-1 arasında değişmekte olup 1 yaklaştıkça gen çeşitliliği ya da diğer bir ifade ile genetik çeşitlilik artmaktadır. Kaźmińska ve ark. (2017) kabak genetik çeşitliliği ile ilgili yapmış oldukları çalışmada bu değerin 036-0,77 arasında değiştiği ifade etmiştir. Molla ve ark. (2017) ise kavun ile yapmış oldukları çalışmalarında bu He değerinin 0,118-0,775 arasında değiştiğini ifade etmiştir. Zhang ve ark. (2017a) Uygur bölgesinden topladıkları kavunlarda He değerini 0,06-0,72 (ortalama 0,43) olarak belirlemişlerdir. Wang ve ark. (2018) agrestis grubu kavunlarda bu değerin 0,374-0,809 (ortalama 0,560) arasında olduğunu bildirmilerdir. Çalışmamız kapsamında bu değer 0,724 ortalama değerine sahip olduğu görülmektedir. Çalışma kapsamına dahil edilen kavun genotiplerinin mevcut SSR primerleri sonucunda örneklendirilen bu çalışmalardan daha yüksek seviyede genetik çeşitliliğe sahip olduğu sonucunda ulaşılmaktadır.

Fiksasyon indeksi (F_{ST}), genetik yapı nedeniyle ortaya çıkan popülasyon farklılaşması ölçmenin bir yöntemidir. Genetik polimorfizm verilerinden tahmin edilerek hesaplanmaktadır. Kavun da dahil olmak üzere biçok türde yapılan popülasyon genetiği ve genetik çeşitlilik belirleme çalışmalarında kullanılmıştır. Kavunda 18 adet SSR marköründe F_{ST} 0,44-0,87 arasında (Monforte ve ark., 2003), 8 adet SSR marköründe F_{ST} 0,45-0,85 arasında (Lázaro ve ark., 2017), cevizde 25 adet SSR marköründe F_{ST} 0,206-0991 (Yuan ve ark., 2018), soğanda SSR ve ETS-SSR toplam 25 adet markörde F_{ST} -0,18-29 (Rivera ve ark., 2016) değerlerini hesaplayarak genetik çeşitlilik analizinde aktif olarak kullanmışlardır. Tez çalışması kapsamında kullanılan 18 adet genomik SSR marköründe F_{ST} değerinin 0,143-0,666 arasında değiştiği belirlenmitir. Tüm moleküler markörlerin F_{ST} ortalaması 0,279'dur. Çalışmamızdaki SSR markörleri için hesaplanan F_{ST} değeri yapılan bazı çalımalardan büyük olurken bazılarından küçük olduğu vebunun sonucunda moderate düzeyde bir F_{ST} değeri oluştuğr görülmektedir. Dhillon ve ark. (2007) Kuzey Hindistan'da yaptıkları çalışmalarında geleneksel çiftçilerin yetiştirdiği alanlardan doğrudan toplanan snap melon yerel popülasyonlarında F_{ST} değerinin düşük olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmamız kaspasımda genotiplerde moderate düzeyde F_{ST} değerinin belirlenmesinin sebebi Kırgızistan'daki çiftçilerden doğrudan ya da çiftçilerin kendilerinin iletmesi yoluyla toplanmış olması olabilir.

Polimorfik bilgi içeriği Botstein ve ark. (1980) tarafından ortaya konan ve bir genetik markörün yararlılığını tanımlamak için kullanılan önemli bir kriterdir. Polimorfik bilgi içeriği; allel sayısı arttıkça, bu allellerin popülasyonda azalan frekanslar ile temsil edilmesi durumunda maksimum değerine yaklaşır. Botstein ve ark. (1980) ayrıca bu değerin 0,5'ten büyük olması durumunda oldukça yüksek bilgi içeriğine sahip olduğunu, 0,25-0,5 aradında orta derecede bilgi içerdiğini ve son olarak 0,25'ten küçük olduğunda ise bilgi içeriğinin az olduğunu belirtmiştir. Kullanılan moleküler markörlerin etkin bir şekilde popülasyonun genetik ilişkisi belirlemesinin bir ölçüsü olan PIC değeri yapılan çalışma kapsamında 0,666 ile 0,885 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 0,790 olduğu belirlenmiştir. Solmaz ve ark. (2016a) hıyar geotiplerinde PIC değerinin ortalama olarak 0,38 olduğunu, Zhang ve ark. (2017a) Uygur bölgesi kavun genotiplerinde PIC değerinin ortalama olarak 0,36 olduğunu, Carvalho ve ark. (2017a) bazı ticari kavun genotiplerinde PIC değerinin ortalama olarak 0,458 olduğunu, Hu ve ark. (2019) Asya kökenli kültürü yapılan ve yabani formda olan kavunlarda bu değerin 0,680 ortalamaya sahip olduğunu ve Kong ve ark. (2020) tarafından kabak için yeni geliştirlimiş SSR markörlerinden ortalama olarak 0,34 olduğu belirtilmiştir. Çalışmammız kapsamında belirlenen 0,790 ortalama PIC değeri; kullanılan markör setinin çalışmaya dahil edilen kavun genotiplerinin ayırt edilmesinde etkin araçlar olduğunun bir göstergesidir. Ayrıca, 0,5 değerinden büyük olmaları sebebiyle oldukça yüksek düzeyde bilgi içeriğine sahip oldukları dolayısıyla genetik ilişkilerin etkin bir şekilde belirlendiğinin bir başka göstergesidir.

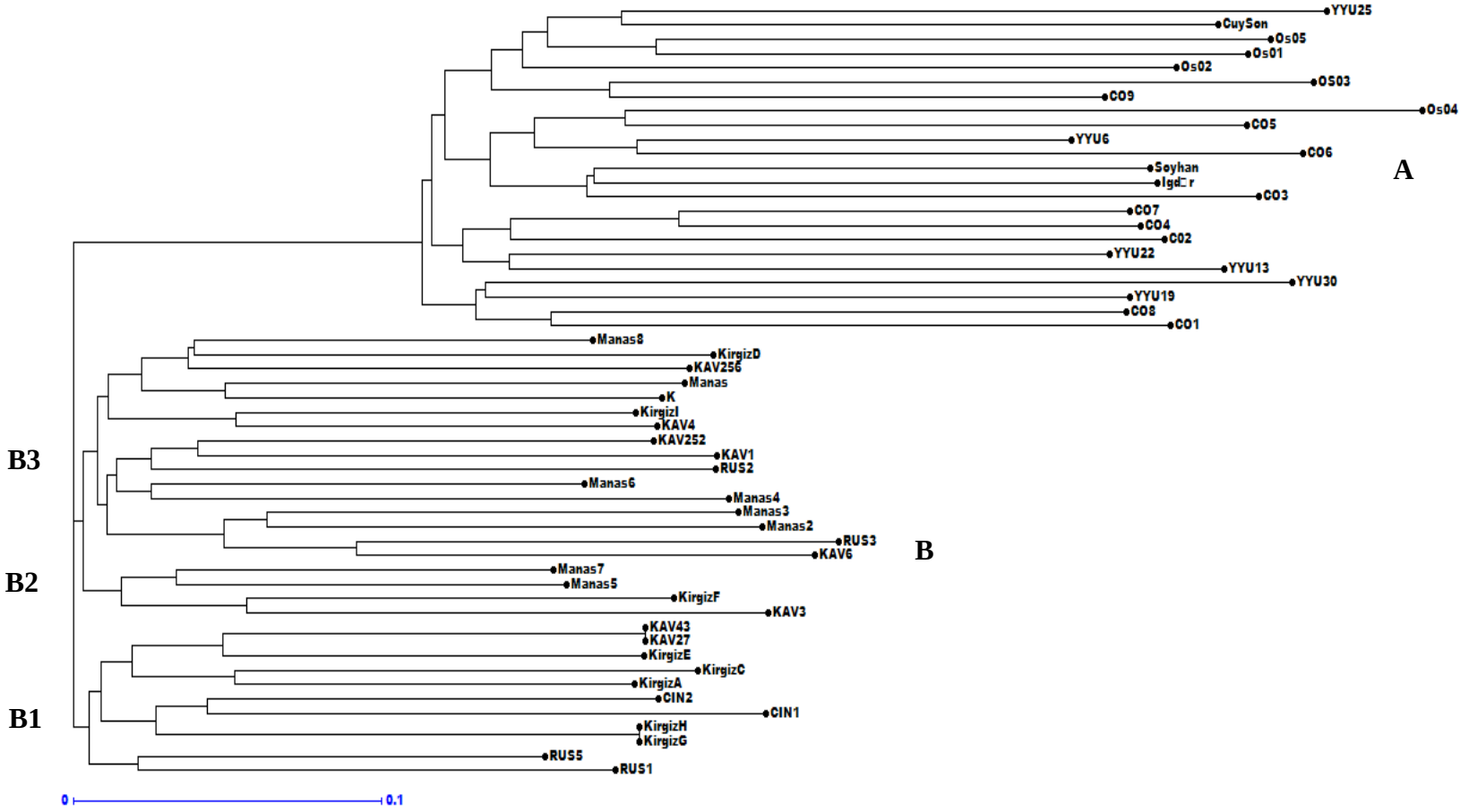
Çeşitlilik indeksi, bir popülasyondaki tür/genetik çeşitliliğinin matematiksel bir ölçüsüdür. Bir başka deyişle çeşitlilik indeksleri popülasyonun kompozisyonu hakkında tür zenginliği/çeşitliliğinin ötesinde bilgi sağlayan metmatiksel modellerdir. Shannon çeşitlilik indeksi popülasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla kullanılan bir indekstir. Birçok markör sistemi için hesaplanabilmesi modelin yaygın kullanımının diğer bir göstergesidir. Tez çalışması kapsamında yer alan 18 adet SSR moleküler markörünün Shannon çeşitlilik indeksine göre hesaplanan değerleri 0,569-0,677 arasında değiştiği çizelgeden görülmektedir. 18 adet SSR markörü için ortalama Shannon çeşitlilik indeksinin ortalaması 0,614 olarak belirlenmiştir. Hu ve ark. (2019) kavun ile yaptıkları çalışmalarında bu değeri popülasyonlar bazında ortalamalarını alarak I = 1,52 ve 1.51 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. İran kökenli kavun genotiplerinde (Raghami ve ark., 2014) I değerinin 0-059 arasında değiştiğini rapor etmişlerdir. Cevizde I = 0,111-0,735 (Yuan ve ark., 2018) ve İspanyol kavun genotiplerinde I değeri 0,017-0,328 (López-Sesé ve ark., 2002) olarak belirlenmiştir. Çalışmamızın ortalamas ve değer aralığı literatürdeki yapılmış çalışmalara eşit ya da bu

çalışmalardan yüksek olduğu görülmektedir. Seçilmiş olan markörler ile toplanmış olan kavun genotiplerinin Shanno çeşitlilik indeksi benzerleri ile kıyaslandğında oldukça yüksek bulunmuştur.

Markör indeksi (MI), moleküler markör sisteminin fayda/etkinliğinin bir göstergesi olup PIC ve EMR değerlerinin ürünü olarak elde edilmektedir. Çalışmamız kapsamında bu değer 0,659 - 5,085 arasında değişmekte olup ortalaması 2,544 olarak belirlenmiş ve çizelge 4.4.'te sunulmuştur. Dar ve ark. (2017)'nın hıyar ile yaptıkları çalışmada bu değerin 0,316 – 1,540 arasında değiştiğini ve oratalamasının da 0,954 olduğunu ifade etmiştir. Kordrostami ve ark. (2016) çeltik ile ilgili yapmış oldukları çalışmalarında MI değerinin 0,69 olarak ve Jiao ve ark. (2020) Salvia splendens ile yaptıkları çalımalarında bu değer 0,329 olarak belirlemişlerdir. Görüldüğü gibi yapılan birçok çalışmanın markör indeksi çalışmamız ile kıyaslandığında oldukça düşük kalmaktadır. Kumar ve ark. (2019) Simmondsia chinensis ile yaptıkları çalma sonunda markör indeksi 0,38 -5,87 arasında değişmekle birlikte ortalaması 2,59 olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlar, tez çalışmamız ile oldukça benzer sonuçlar verdiği çizelge 4.4.'te görülmektedir.

Çalışma kapsamında üretilen fragmanlardan çizilen dendrogram şekil 4.27.'te verilmiştir. Dendrogramda benzerlik matriksi oluşturulken 20.000 bootstrap kullanılmıştır. Çizilen dendroram imple matching benzerlik indeksi kullanılmış ve bu benzerlik indeksine göre genotiplerin arasındaki genetik ilişkinin 0,247-0,743 arasında değiştiği belirlenmiştir. Dendrogram çizilirken unwighted neigbour joining metodu kullanılmıştır. Bu kapsamda incelenen genotipler genetik taban iki farklı tabana sahip olduğu belirlenmiştir. Genel olarak bu genetik farklılık dendrogram üzerinde A ve B grubu olarak gösterilmiştir. A büyük alt grubu içerisinde (23 genotip) YYÜ-25, ÇüySon, Oş-05, Oş-01, Oş-02, Oş-03, Ç-09, Oş-04, Ç-05, YYÜ-6, Ç-06, Soyhan, Iğdır, Ç-03, Ç-07, Ç-04, Ç-02, YYÜ-22, YYÜ-13, YYÜ-30, YYÜ-19, Ç-08 ve Ç-01 genotipleri yer almaktadır. A büyük alt grubunda yer alan genotiplerin 8 adedi Türkiye ve kalan 15 adedi de Kırgızistan genotipleri oluşturmuştur. Türkiye genotipleri içerisinden Soyhan ve Iğdır'ın genetik olarak birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Türkiye genotipleri içerisinde YYÜ-19 - YYÜ-30 ve YYÜ-13 – YYÜ-22 gibi ikililer oluşmuştur. Coğrafik orjin genel olarak genetik yapı üzerinde etli olmuştur. Çüy bölgesinden toplanmış olan Ç-02, Ç-04 ve Ç-07 gibi Kırgızistan genotiplerinin birbirine genetik olarak yakın olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Oş-01 – Oş-05, Ç-09 – Oş-03 ve Ç-05 – Oş-04 gibi ikililerin genetik olarak birbirine yakın olduğu görülmektedir.

Şekil 4.27. Moleküler veriler kullanılarak çizilen dendrogram



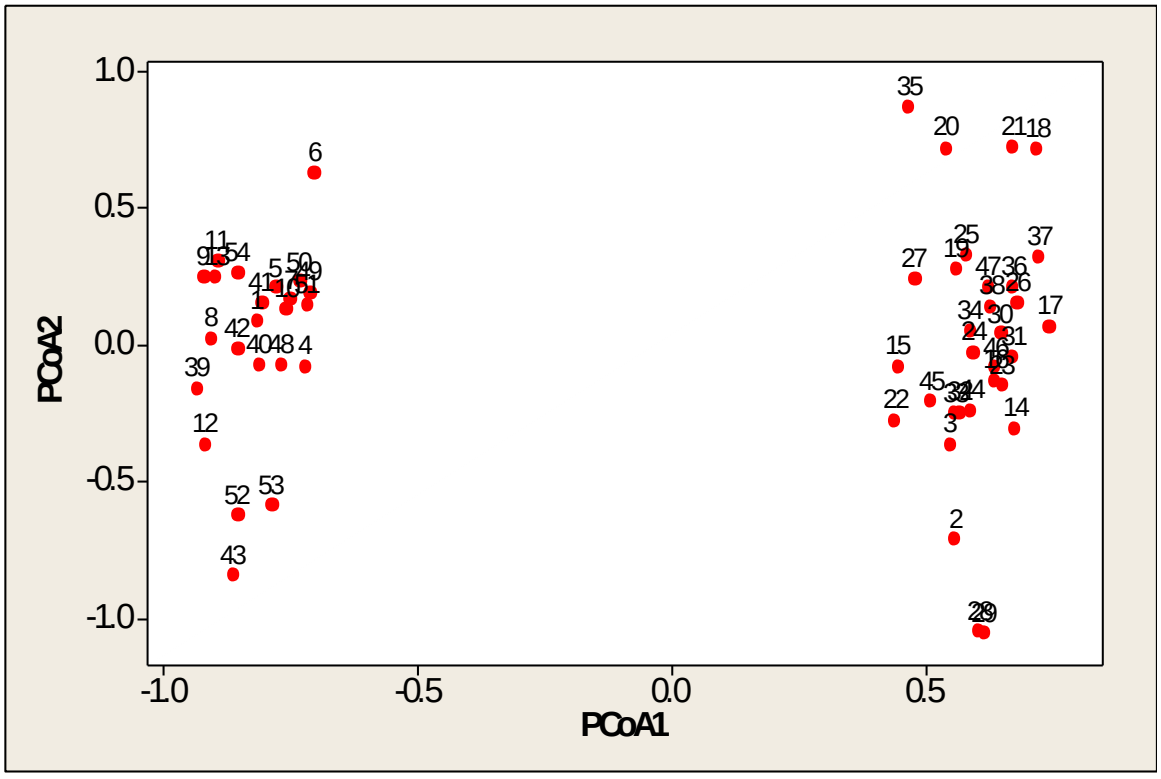
B büyük alt grubu içerisinde (31 genotip) Manas-8, Kırgız-D, Kav-256, Manas-1, K, Kırgız-İ, Kav-4, Kav-252, Kav-1, Rus-2, Manas-6, Manas-4, Manas-3, Manas-2, Rus-3, Kav-6, Manas-7, Manas-5, Kırgız-F, Kav-3, Kav-43, Kav-27, Kırgız-E, Kırgız-C, Kırgız-A, Çin-2, Çin-1, Kırgız-H, Kırgız-G, Rus-5 ve Rus-1 genotipleri yer almaktadır. Bu genotipler içerisibde dikkat çeken Kırgız-H ve Kırgız-G genotiplerinin birbirine genetik olarak ayırt edilememesi ve Çin-1 ve Çin-2 genotipleri ile olan yüksek derecede benzerliğidir. Bu genotiplerin Çin kaynaklı olduğu ve Kırgızistan'da yetiştiriciliği yapıldığı anlaşılmaktadır. Dikkat çeken ve genetik olark birbirinden ayrıştırılamayan diğer bir ikili de Kav-43 ve Kav-27 genotipleridir. Bu genotipleri Kırgız E genotipi ile genetik olarak benzerlik göstermiştir. B1 alt grubu içerisinde yer alan Kırgız-A, Kırgız-C, Kırgız-E, Kırgız-G ve Kırgız-G genotipleri Çin (1-2) ve Rus (1-5) gibi standart çeşitler ile genetik olarak benzer olduğu görülmektedir. Mevcut veriler ışığında ekimi yapılan bu genotiplerin birkaç jenerasyon önce Kırgızistan'da ekimine başlandığı, iyi adaptasyonu sayesinde ekiminin devam ettiği söylenebilir. B2 küçük alt grubu içerisinde yer alan Manas-7, Manas-5, Kırgız-F ve Kav- 3'ün genetik olarak birbirine yakın olduğu görülmektedir. B3 alt grubu içerisinde Manas-2 ve Manas-3genotiplerinin Rus-3 standart çeşidi ve Kav-6 Türkiye genotipi ile benzerlik gösterdiği görülmektedir. B3 büyük alt grubu içerisinde Manas-4 ve Manas-6 Kırgız gnotipleri ile Kav-1 ve Kav-252 Türk genotiplerinin Rus-3 standart çeşidi ile benzerlik gösterdiği görülmektedir. B büyük alt grubu içerisinde dikkat çeken diğer ikililer Manas-8 ve Kırgız-D, Manas-1 ve K, Kırgız-İ ve Kav-4'tür. Ayrıca Kav-256'nın Manas-8 ve Kırgız-D ikilisine genetik olarak yakın olduğu belirlenmiştir.

Skorlama verilerinden elde edilen benzerlik matriksi ile dendrogram arasında yapılan mantel testi sonucunda r değeri 0,951 olarak belirlenmiştir. Mantel testi skorlama verileinin çizilen dendrogramdaki doğruluğunun bir başka göstergesidir. R değerinin 0,95 ve üzerindeki olması moleküler verileri kabul edilebilir değer aralığını ifade etmektedir. Moleküler olarak birbirlerine benzer bulunan genotipler aynı zamanda morfolojik dendrogramda da birbirine yakın olduğu görülmektedir. Çalışmamız kapsamındaki örnekleri Oş-01 ve ÇüySon her iki veri grubunda da benzer olduğu görülmektedir. Manas-2 ve Manas-4, Ç-01 ve Ç-08 gibi genotiplerin her iki veri setinde de genetik olarak benzer olduğu görülmektedir. Tez çalışması kapsamında gerçekleştirilen moleküler ve morfolojik veriler bazında genotiplerin genetik ileişkileri başarılı bir şekilde ortaya konulmuştur.

Hu ve ark. (2019) Asya kökenli kavun kültürü yapılan/yabani kavungenotiplerinde yapılan moleküler çeşitlilik analizinde genotipler arasındaki genetik çeşitlilikğin 0.23 ve 0.78 arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Kaźmińska ve ark. (2017) *C. maxima* genotiplerinde

genetik çeşitliliği ortalama olarak 0.56 ve *C. pepo* genotiplerinde genetik çeşitliliği ortalama olarak 0,91 olarak belirlemiştir. Lázaro ve ark. (2017) İspanyol kavun genotiplerinin arasındaki genetik ilişkinin 0 ile 0,35 arasında olduğunu ifade etmiştir. Kabak ile yapılan bir başka çalışmada Yunli ve ark. (2020) analiz ettikleri genotiplerin arasındaki genetik ilişkinin 0,73-1 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Tez çalışması kapsamında genotipler arasındaki genetik ilişkinin 0,247-0,743 arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışma bu açıdan literatürde yer alan diğer örnekleriyle benzerlikler göstermektedir.

Şekil 4.28. GeneAIEx programı kullanılarak yapılan Principle Coordinate Analizi



(**1:** Ç-02, **2**: Çin-1, **3**: Çin-2, **4**: Ç-01, **5**: Ç-03, **6**: Ç-04, **7**: Ç-05, **8**: Ç-06, **9**: Ç-07, **10**: Ç-08, **11**: Ç-09, **12**: ÇüySon, **13**: Igdır, **14**: K, **15**: Kav-1, **15**: Kav-252, **16**: Kav-256, **17**: Kav-27, **18**: Kav-3, **19**: Kav-4, **20**: Kav-43, **21**: Kav-6, **22**: Kırgız-A, **23**: Kırgız-C, **24**: Kırgız-D, **25**: Kırgız-E, **26**: Kırgız-F, **27**: Kırgız-G, **28**: Kırgız-H, **29**: Kırgız-I, **30**: Manas-1, **31**: Manas-2, **32**: Manas-3, **34**: Manas-4, **35**: Manas-5, **36**: Manas-6, **37**: Manas-7, **38**: Manas-8, **39**: Oş-01, **40**: Oş-02, **41**: Oş-03, **42**: Oş-04, **43**: Oş-05, **44**: RUS-1, **45**: RUS-2, **46**: RUS-3, **47**: RUS-5, **48**: Soyhan, **49**: YYÜ-13, **50**: YYÜ-19, **51**: YYÜ-22, **52**: YYÜ-25, **53**: YYÜ-30, **54**: YYÜ-6)

Birbirinden bağımsız olan DARwin 6 programı ile çizilen dendrogram ve GeneAIEx programı kullanılarak çizilen Principle Coordinate analizi sonuçları (Şekil 4.28.) birbiriyleuyumlu olduğu görülmektedir. Her iki programda temelde genetik benzerlik matriksini kullanarak mevcut sonuçları ortaya koymuştur. DARwin6 simple matching benzerlik indeksine göre oluşturduğu benzerlik matriksi ile unweighted neighbour-joining

metodunu kullanarak dendrogram çizerken, GeneAIEx 6.5 programında aynı veri seti üzerinden standardize covariance matriksinden Eigen değerleri hesaplanarak Principle Coordinate grafiği oluşturulmuştur. Bağımsız programlar ile yapılan analiz sonuçları doğruluğu teyit edilmiştir. Dendroram ve Principle Coordinate analizi sonucunda ortaya çıkan grafikte dikkat çeken diğer bir sonuç da YYÜ kodlu Türkiye genotiplerini Kav kodlu Türkiye genotiplerden genetik olarak arımasıdır. YYÜ ve Kav kodlu Türkiye genotipleri yapılan analizler soncunda genetik açıdan belirgin bir şekilde birbirinden ayrılmıştır. Moleküler ve morfolojik verilerden elde edilen dendrogramlar arasında farklılıklar olduğu görülmektedir. Moleküler ve morfolojik verilerden üretilen dendrogramlar arasındaki bu tür farklılıklar pamukta (Elci ve ark., 2014), bademde (Kadkhodaei ve ark., 2011), arpada (Allel ve ark., 2017), akçaağaçta (Zhang ve ark., 2015), patlıcanda (Hatice Filiz ve ark., 2015) yapılan çalışmalarda da gözlenmektedir. Khadivi-Khub ve ark. (2015) moleküler tekniklerle karşılaştırıldığında, morfolojik özelliklerin, yakından ilişkili bireylerin kesin olarak ayırt edilmesi ve genetik benzerliklerinin analizi için nispeten daha az güvenilir ve etkisiz olduğunu belirtmiştir. Tez çalışmasında morfolojik ölçüm ve gözlemler iki ülke koleksiyonunu birbirinden ayırt etmeyi başarmış olsa da SSR markörleri kullanılarak elde edilen dendrogramda bu genotiplerin iç içe geçtiği görülmektedir. Moleküler ayrışma temel olarak *inodorus* ve *cantalupensis* gruplarında meydana gelmiştir. Bu iki kavun gurubu içerisinde bazı genotiplerin de birbiri içerisine geçtiği görülmektedir (*inodorus* içerisinde *cantalupensis* ya da tam tersi). Bu da gruplar arasında yapılan melezlemeler (tozların birbirine karışması) neticesinde elde edilen jenerasyonlar olduğunun bir göstergesidir.

Garcia-Mas ve ark. (2000) çalışmasında RFLP markörleri ile yaptıkları çalışmasında İsrail, İspanya ve Hindistan'dan topladıkları genotiplerin dendrogramda aynı bölgede kümelendiklerini göstermiştir. Monforte ve ark. (2003) çalışmasında farklı coğrafik kökenlerden gelen kavun genotipleri (Afrika, Hindistan, Irak ve Amerika kökenli) yapılan SSR analizi sonucunda dendrogramda aynı alt grup içerisinde kümelenmiştir. Monforte ve ark. (2003) Orta Afrika ve Hindistan kökenli kavun genotiplerinin arasında belirgin bir ayrım yapmanın mümkün olmadığını belirtmiştir. Bu durumun sebebinin de incelenen aksesyonların sınırlı sayıda olması ve/veya Orta Afrika'dan Hindistan'a genetik varyasyonun devam ediyor olmasından kaynaklanabileceğini bildrmiştir. Tzitzikas ve ark. (2009) kavunla ilgili çalışmalarında inceledikleri genotiplerden bazılarının referans olarak kullandıkları genotipler aynı alanada kümelendiğini rapor etmiştir(17 adet SSR markörü ile gerçekleştirdikleri çalışma). Araştırmacının mevcut durumun açıklaması, çiftçilerin İspanya ve Yunanistan'da geniş bir atasal gen havuzundan aynı fenotipik özellikler için bağımsız olarak seçmesi ve

farklı seçimden elde edilen benzer fenotipler üretmesidir. Raghami ve ark. (2014) İran kökenli 24 kavun genotipi ve Dünya'nın çeitli bölgelerinden toplanan referans kavun kaynakları ile yapıtıkları çalışmada benzer bir durumu rapor etmiştir. 18 adet SSR markörü ile tamamladıkları çalışmalarında farklı coğrafik kökenden/bölgeden gelen genotiplerin İran kaynaklı genotiplerin içerisinde kümelendiği görülmektedir. Araştırmacı mevcut durumu şu şekilde açıklamıştır; inodorus ve cantalupensis gibi farklı kavun genotiplerinin melezlenmesi ve seleksiyonunun bir sonucu olarak cantalupensis ile ilişkili olduğu ifade etmiştir. Bu süreç mevcut durumda incelenen genotipler üzerinde gözlenlenmiş olabilir. Tez çalıması kapsamında genotipler de kavununu ikincil gen merkesinde yer alması ve geniş bir atasal gen kaynağından uzun yıllar boyunca benzer özelliklerin bağımsız seleksiyonu neticesinde genetik olarak benzerlik gösterdiği tahmin edilmektedir. Farklı bölgelerde benzer özelliklerin seçimi popülasyonların genetik olarak aynı yönte evrilmesine ve bunun neticesinde karmaşık bir dallanmış yapı ile dendrogramda kümelenmesine sebep olduğu tahmin edilmektedir.

SSR verileri kullanılarak gerçekleştirilen Structure analizine göre kavun genotipleri iki popülasyonda sınıflandırtılmıştır (Şekil 4.29. ve Şekil 4.30.). Structure programında 5000/50000, K = 1-10 arasında 3 iterasyonda yapılan analiz sonucunda çalışmaya dahil edilen genetipleri net bir şekilde 2 alt popülasyona ayırmıştır. Yapılan analiz sonucunda ΔK değeri 2 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.29.). Şekil 4.30'de 2 ve 3 numaralı örnekler Çin-1 ve Çin-2 genotipleridir. 44, 45, 46 ve 47 numaralı genotipler sırasıyla Rus-1, Rus-2, Rus-3 ve Rus-5 genotipleridir. 14 ve 38 numara arasındaki genotipler sırasıyla; K, Kav-1, Kav-252, Kav-256, Kav-27, Kav-3, Kav-4, Kav-43, Kav-6, Kırgız-A, Kırgız-C, Kırgız-D, Kırgız-E, Kırgız-F, Kırgız-G, Kırgız-H, Kırgız-İ, Manas-1, Manas-2, Manas-3, Manas-4, Manas-5, Manas-6, Manas-7 ve Manas-8'dir. 39 ve 43 numaraları arasındaki genotipler Oş-1, Oş-2, Oş-3, Oş-4 ve Oş-5'dir. 48 ve 54 arasındaki genotipler sırasıyla Soyhan, YYÜ-13, YYÜ-19, YYÜ-22, YYÜ-25, YYÜ-30 ve YYÜ-6'dır. 4 ve 13 numaraları ile ifade edilen genotipler sırasıyla Ç-01, Ç-03, Ç-04, Ç-05, Ç-06, Ç-07, Ç-08, Ç-09, ÇüySon ve Iğdır'dır. 1 numaralı genotip de Ç-02'dir.

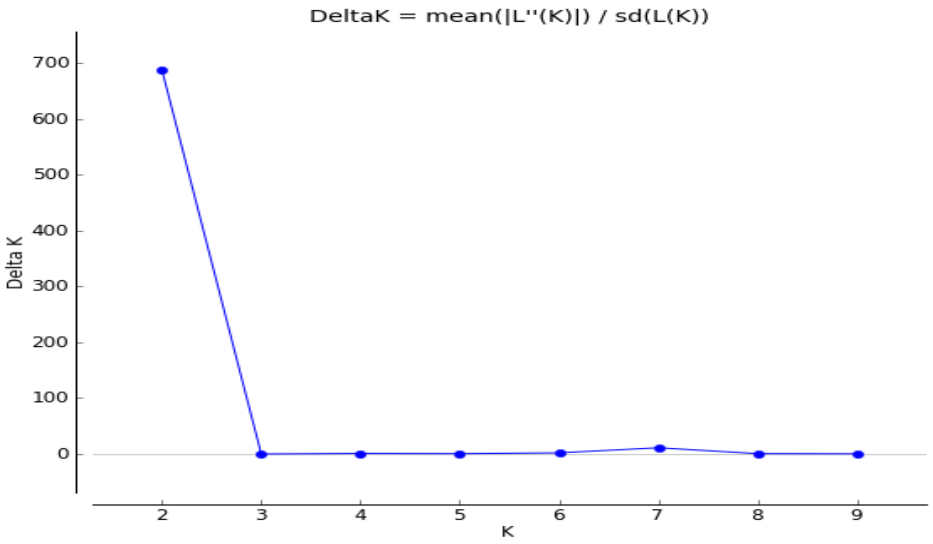
Mevcut durumda Ç-02, Ç-01, Ç-03, Ç-04, Ç-05, Ç-06, Ç-07, Ç-08, Ç-09, ÇüySon, Iğdır, Oş-1, Oş-2, Oş-3, Oş-4, Oş-5, Soyhan, YYÜ-13, YYÜ-19, YYÜ-22, YYÜ-25, YYÜ-30 ve YYÜ-6 genotipleri bir popülasyon oluşmuştur. Kalan genotipler de Çin-1, Çin-2, K, Kav-1, Kav-252, Kav-256, Kav-27, Kav-3, Kav-4, Kav-43, Kav-6, Kırgız-A, Kırgız-C, Kırgız-D, Kırgız-E, Kırgız-F, Kırgız-G, Kırgız-H, Kırgız-İ, Manas-1, Manas-2, Manas-3, Manas-4, Manas-5, Manas-6, Manas-7, Manas-8, Rus-1, Rus-2, Rus-3 ve Rus-5 diğer popülasyonu oluşturmuştur. Oluşan genotipler dendromda ortaya çıkan sonuçları tam olarak

doğrulamaktadır. İki büyük alt grupta oluşan dendrogramdaki bireyler (alt gruplara ait bireyler) incelendiğinde bu durum net olarak gözlenmektedir.

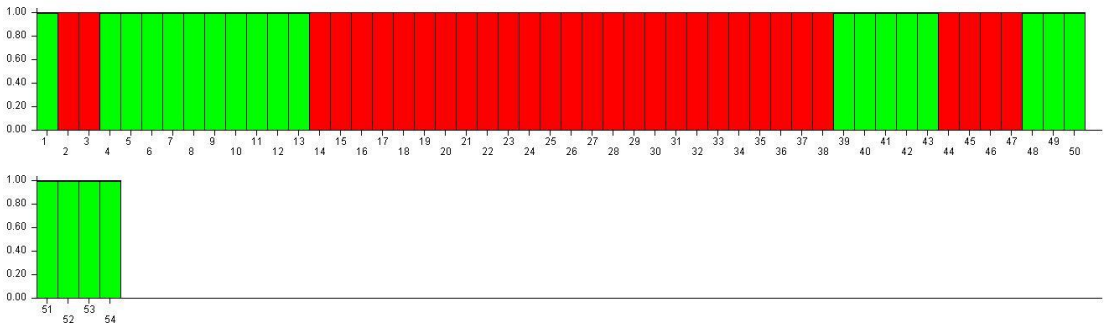
Dendrogram ve PCoA analizleri ile de mevcut genotiplerin iki büyük ana grup altında kümelendikleri görülmüştür. Çizelge 4.5.'te şekil 4.30.'te sunulan bar grafiğinini detaylı açıklaması yer almaktadır. Şekil 4.30. detaylı olarak incelendiğinde; Çin ve Rus menşeyli genotipler ile Kırgız-A-İ, Mana-1-8 arasındaki genotiplerin yüksek düzeyde benzelik gösterdiği görülmüştür. Bu duruma ilave olarak Türkiye genotiplerden Kav-1, 252, 256, 27, 3, 4 ve 43 numaralı genotiplerin bu grup ile yüksek oranda benzerlik sergilediği tespit edilmştir. Diğer taraftan Ç-01 ile Çüyson ve Oş-01-05 arasındaki genoitplere ilave olarak YYÜ-13, 19, 22, 25, 30, 6, Iğdır gibi Türkiye genoplerinin de dahil olduğu diğer bir alt popülasyon oluştuğu görülmektedir. Bu drumda birinci alt popülasyonda yer alan Kırgızistan, Türkiye, Çin ve Rusya genotiplerinin genetik olarak birbirine benzediği görülürken ikinci alt popülasyonun içinde yer alan Kırgızistan genotiplerin Doğu Anadolu kökenli Türkiye kavun genotipleri ile yüksek benzerlik gösterdiği görülmektedir.

Popülasyon genetiği çalışmalarında F_{ST}, tanımlayıcı bir istatistik ve genetik farklılaşmanın bir ölçüsünden daha fazlası ifade etmektedir. F_{ST}, popülasyonlar içindeki bireyler arasındaki benzerlik derecesinden ziyade popülasyonlar arasındaki alel frekansındaki varyans ile doğrudan ilişkilidir (Holsinger ve Weir, 2009). F_{ST} değerinin küçük olması popülasyonlardaki alel frekanslarının benzer olduğu ifade ederken; büyük olması durumu ise, alel frekanslarının farklı olduğu ifade etmektedir. Doğal seleksiyon sırasında bazı popülasyonlarda belirli bir lokusta allel tercih edilirse, bu lokustaki F_{ST}, popülasyonlar arası farklılıkların tamamen genetik sürüklenmenin bir sonucu olduğu diğer lokuslardan daha büyük olacaktır (Guo ve ark., 2009). Bu sürecin doğal işleyiyişinin bir sonucudur. F_{ST} değeri çiftçiler ve ıslahçılar tarafından bilerek ya da bilmeyerek değiştirilmektedir. Yapılan her seleksiyon organizmanın gen/lokus/allel frekanslarda değişikliğe sebep olarak bu değeri geğiştirmektedir.

Şekil 4.29. Structure programı sonunda ortaya çıkan K değeri



Şekil. 4.30. Structure analiz sonucu



Çizelge 4.5. Structure programı sonucunda iki alt popülasyona ayrılan genotiplerin üyelik katsayıları

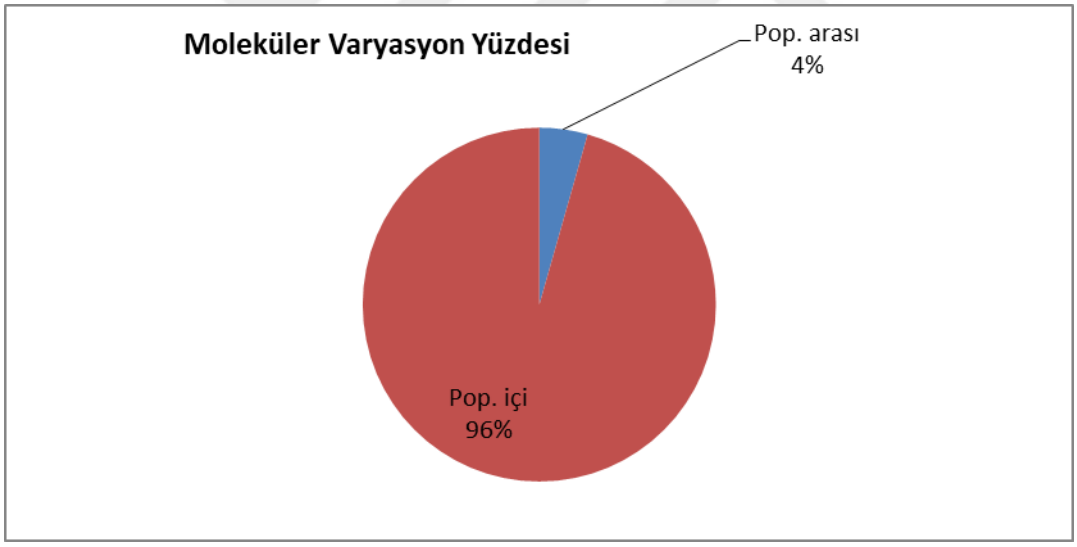
Sıra No	Genotip Bilgisi	Alt Popülasyon	
		I	II
1	Ç-02	0,003	0,997
2	Çin-1	0,996	0,004
3	Çin-2	0,997	0,003
4	Ç-01	0,004	0,996
5	Ç-03	0,003	0,997
6	Ç-04	0,005	0,995
7	Ç-05	0,004	0,996
8	Ç-06	0,003	0,997
9	Ç-07	0,002	0,998
10	Ç-08	0,003	0,997
11	Ç-09	0,002	0,998
12	ÇüySon	0,002	0,998
13	Iğdır	0,002	0,998
14	K	0,997	0,003
15	Kav-1	0,994	0,006
16	Kav-252	0,997	0,003
17	Kav-256	0,998	0,002
18	Kav-27	0,998	0,002

19	Kav-3	0,997	0,003
20	Kav-4	0,997	0,003
21	Kav-43	0,998	0,002
22	Kav-6	0,994	0,006
23	Kırgız-A	0,997	0,003
24	Kırgız-C	0,997	0,003
25	Kırgız-D	0,997	0,003
26	Kırgız-E	0,998	0,002
27	Kırgız-F	0,996	0,004
28	Kırgız-G	0,997	0,003
29	Kırgız-H	0,997	0,003
30	Kırgız-İ	0,998	0,002
31	Manas-1	0,998	0,002
32	Manas-2	0,997	0,003
33	Manas-3	0,997	0,003
34	Manas-4	0,997	0,003
35	Manas-5	0,996	0,004
36	Manas-6	0,998	0,002
37	Manas-7	0,998	0,002
38	Manas-8	0,997	0,003
39	Oş-1	0,002	0,998
40	Oş-2	0,003	0,997
41	Oş-3	0,003	0,997
42	Oş-4	0,003	0,997
43	Oş-5	0,003	0,997
44	Rus-1	0,998	0,002
45	Rus-2	0,997	0,003
46	Rus-3	0,998	0,002
47	Rus-5	0,998	0,002
48	Soyhan	0,003	0,997
49	YYÜ-13	0,004	0,996
50	YYÜ-19	0,004	0,996
51	YYÜ-22	0,004	0,996
52	YYÜ-25	0,003	0,997
53	YYÜ-30	0,004	0,996
54	YYÜ-6	0,003	0,997

Islahçıların seleksiyonu hedef doğrultusunda bir manipülasyon oluştururken çiftçilerin seleksiyonu F_{ST} istemsiz bi değiime sebep olmaktadır. Structure analizine göre birinci alt popülasyonun F_{ST1} = 0,234 ve ikinci alt popülasyonun F_{ST2} = 0,254 olarak belirlenmiştir. Bu da değerlendirilen kavun genetik çeşitliliğinin sadece %23 ve %24'inin kavun popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın bir sonucu olduğunu ifade etmektedir. Daha açık bir ifade ile kavun genotiplerindeki gözlemlenen genetik çeşitlilik popülasyonlar arasındaki çeşitlilikten ziyade bireyler arasında meydana gelen genetik çeşitlilikten kaynaklanmaktadır. Bu durum ifade edilirken popülasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik de göz önüne alınmıştır.

Doğal sürçte gerçekleşen seleksiyolar, lokal adaptasyonlar ve genetik kayma (sürüklenme) gibi birçok evrimsel süreç, büyük ölçüde bir türün geçmiş ve şimdiki popülasyon yapısını etkilemektedir. Bir türün popülasyon yapısının belirlenmesi popülasyon genetiğinin büyük bir bölümünü içererek temelini oluşturmaktadır. Türlerin popülasyonlarına ait genetik yapısının tahiminide genellikle popülasyon içindeki çeşitliliği toplam genetik çeşitlilikle ilişkilendiren F-istatistikleri açısından kullanılmaktadır (Weir ve Cockerham, 1984). F_{ST} istatistiklerini tahmin etmenin en popüler yöntemlerinden biri Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) yöntemidir (Michalakis ve Excoffier, 1996). Bu popülerliğin sebebi AMOVA anlizinin dikkate değer esnekliğinden kaynaklanmaktadır. Bu esnekliği sayesinde farklı F-istatistik tiplerinin (F_{ST}, φ_{ST}, R_{ST}) tahmin edilmesi için kullanılabilmekte ve elde edilen sonuçlar analiz edile popülasyonların/bireylerin yapısına (popülasyon grupları arasında farklılaşmayı test etmek için) çeitli seviyelerde kolaylıkla entegre edilebilmektedir (Meirmans, 2012).

Şekil 4.31. SSR makörleri verilerinden üretilen Moleküler Varyans Analizi grafiği



AMOVA yönteminin kullanılabilmesi için popülasyonun hiyerarşik yapısının (Structure gibi programlar) önceden tahmin edilmesi gerekmetedir. Sonrasında bu sonuçlar AMOVA için bir temel teşkil etmekte ve analiz gerçekleştirlmektedir. Yapılan analiz genellikle bireysel temelli olup ve bu bireylerin popülasyonların kümelenmelerine çeşitli oranlarda katkı sağlayarak popülasyon yapısının tahmini konusundaki belirsizlikleri ortadan kaldırdığı bilinmektedir (Meirmans, 2012). Çalışmamız kapsamında AMOVA analizi 9999 (yaklaşık 10.000) permütasyon ile GeneAIEx 6,5 programı kullanılarak gerçekleştirlmiştir.

Tez çalışması kapsamında yapılan bu AMOVA analizi sonuçları çizelge 4.6.'da ve Şekil 4.31.'da sunulmuştur.

Çizelge 4.6. AMOVA anlizi sonuçları

	df	**SS**	**MS**	**Est. Var.**	**%**	**P**
Pop. arası	1	48,892	48,892	1,088	4	**0,004****
Pop. içi	52	1224,700	23,552	23,552	96	
	53	1273,592		24,640	100	

P < 0,01, Pop. arası = Popülasyon arası, Pop. İçi = Popülasyon içi

Structure analizinde popülasyon içerisindeki varyasyon popülasyonlar düzeyinde üretilen F_{ST1} = 0,234 ve F_{ST2} = 0,254 değerleri ile belirlenmiştir. AMOVA analizi sonuçlarında da poülayonların içerisindeki tahmin edilen varyasyonun 23,552 olduğu çizelge 4.6.'da görülmektedir. Her iki analiz yöntemi (programı) ile elde edilen sonuçlar tamamen örtüşmektedir. Moleküler varyans analiz sonucu da istatistiksel olarak P <0,01 anlamlı sonuçlar elde edildiğini göstermektedir. AMOVA analizi sonucnda elde edilen sonuçların klasik F istatistiklerine benzer özelliklere sahip olduğu bildirilmiştir (Slatkin, 1995). Dolayısıyla her iki analiz elde edile sonuçlar biribine analog olduğu bilinmektedir (Holsinger ve Weir, 2009). Dolayısıyla AMOVA analizi sonucunda elde edilen popülasyonların içerisinde tahmin edilen varyasyon ile Structure analizi neticesine popülasyon için F_{ST} verilerinin benzer sonuçlar sergilemesi yapılan analizin doğruluğunun diğer bir göstergesidir ve veriler kendi içerisinde birbirini doğrulamaktadır.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Günümüzde gelişen ileri moleküler teknikler, bu tekniklerin tarımsal gen kaynaklarının yönetimine entegre edilmesi ile genotiplerin tanımlanması, korunması ve ıslah edilmesi süreci oldukça hız kazandırmıştır. Burada en önemli nokta bitki gen/havuzu kaynaklarıdır. Bitki gen havuzu kavramı Harlan ve de Wet (1971) tarafından bitki ıslahı için bitki genetik kaynakları erişimine yardımcı olmak ve bir bitki popülasyonları ve ilgili taksonlar arasındaki gen akışının derecesini değerlendirmek için geliştirilmiştir. Dolaysısıyla bitki genetik kaynakları ıslah edilmiş türleri, ıslah edilirken kullanılan ebeveynlerini, yabani formlarını, yabani türlerini, ekotiplerini ve yerel popülasyonlar gibi geniş bir biyoçeşitlilik kavramını içerisine almaktadır. Biyoçeşitlilik ve ıslah programları arasında paradoksal bir ilişkinin bulunduğu aşikardır. Değişen çevresel şartlarda yüksek verimli genotipler/çeşitler geliştirebilmek için biyoçeşitliliğe sahip olunması gerekirken, ıslah sürecinin sonucunda istenilen karakterler üzerindeki manipülasyonlar neticesinde çeşitlilik azalmaktadır. Her iki durumun (Islah ve biyoçeşitlilik) kritik öneme sahip olduğu bu zamanlarda tarım bilimlerinin öncelikli amacı mevcut biyoçeşitliliğin ortaya çıkarılması (morfolojik ve moleküler yöntemler kullanılarak), ortaya çıkarılan bu biyoçeşitliliğin korunarak ıslah çalışmalarının devam ettirilmesi olmalıdır. Aksi durumda mevcut popülasyonlarda ıslah sonucuda bir genetik darboğaz oluşacak ve yeni çeşitlerin geliştirilmesi için yeni gen kaynaklarının temin edilmesi gerekecektir. Her iki kritik sürecin doğru bir şekilde yönetilebilmesi için öncelikle bir ön koşul olan gen kaynaklarının tanımlanması gerekmektedir. Çünkü varlığı bilinmeyen ya da bilinse dahi potansiyeli ortaya çıkarılmayan kaynakların ıslah süreci açısından bir önemi yoktur. Günümüzde gen kaynaklarını tanımlamada ve yönetmede morfolojik ve moleküler markörler yaygın bir şekilde kullanılmakta ve birçok laboravuvarda uygulama alanı bulmaktadır. Çalışmalara rutin olarak moleküler markörler de ilave edilerek çevresel şartlardan etkilenen morfolojik markör sitemlerinin göreceliliği ortadan kalkmaktadır. Moleküler markörlere ilave edilen morfolojik markörler de mevcut kaynakların potansiyellerini görmek ve geliştirilecek (agronomik özellikleri, biyotik stres dayanıklılığı, abiyotik stres dayanıklılığı, morfolojik özellikler, verimlilik özellikleri, fenolojik özllikleri, kalite özellikleri) olan özelliği belirlemek açısında oldukça önemlidir. Koleksiyonlarda bilgi eksiklikleri ve sonuçları detaylı olarak Dempewolf ve ark. (2017) tarafından anlatılmıştır. Bu doktora tezinin odak/çıkış noktası tanımlanan bu duruma dayanmaktadır. Kavun ile ilgili genetik kaynakların öncelikle Kırgızistan'da toplanması (daha önce herhangi bir türde genetik kaynkaların toplanması morfolojik ve moleküler analizi yapılmamıştır, elma açısında

halihazırda devam eden bir çalışma olmakla birlikte henüz yayımlanmış bir sonuç bulunmamaktadır), ardında morfolojik ve moleküler markörler ile toplanan bu genetik kaynaklar ile ilgili bilgi üretmektir. Bu kapsamda, Kırgızistan'ın Bişkek (Çüy bölgesi), Oş, Celal Abad ve Batken gibi bölgelere gidilerek veya bölgelerdeki çiftçilerle iletişime geçilerek 35 adet Kırgız kökenli materyal toplanmış ve bu materyallere ilave olarak 4 adet Rus kökenli standart çeşit, 2 adet Çin kökenli standart çeşit, 1 adet Türkiye standart çeşidi ve 14 adet Türkiye yerel genotipi ile çalışma yürütülmüş ve sonuçlandırılmıştır. Morfolojik tanımlamada bilgi üretmek için 42 adet morfolojik markör ve moleküler açıdan bilgi üretmek için 20 adet (18 adedi çalıştırılmıştır) makörü ile tez tamamlanmıştır. Elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

1. Popülasyonlara ait bireyler üzerinde 27 kalitatif ve 15 kantitatif karakter açısından incelemelerde bulunumuş, kantitatif özellikler SPSS paket programında ANOVA ve Tukey post Hoc testlerine tabi tutularak ($p<0,05$) değerlendirilmiş, ardından tüm özellikler uluslararası bitki genetik kaynaklarının yayımlamış olduğu çizelgeye göre belirli bir skalada skorlanmış ve yine SPSS programı kullanılarak aralarınadaki ilişki belilenmiştir.
2. Morfolojik ölçüm ve gözlemleri sonucunda elde edilen dendrogram ile Türkiye ve Kırgızistan genotipleri birbirlerine karışmadan 2 ana gruba ayrılmıştır. Dendrogramın 1. ana grubuda 29 (YYÜ-6 hariç tamamı Kırgızistan genotiplerden oluşmuştur) adet genotip yer almıştır. 2. ana grubun içerisinde ise 19 genotipin yer almıştır. 2. ana grubun içerisinde ise 7 adet Kırgızistan (Manas-4, Kg-A, Kg-E, Kg-C, Manas-6, Manas-3, Kg-D) ve 11 adedi Türkiye genotiplerden yer alacak şeklilde kümelenmiştir.
3. Tez çalışmasına moleküler karakterzasyon analizleri için dahil edilen 20 adet genomik SSR marköründe 18 adedi başarılı bir şekilde çalıştırılmıştır. 18 adet SSR marköründen toplam 168 adet fragman üretilmiş ve bu fragmanların 96 (%57'si) adedinin polimorfik olduğu gözlenmiştir. Markör başına 5,3 allel üretilmiştir. Etkin allel sayısının ortalaması 1,757, ortalama He değeri 0,724, ortalama Ho değeri 0,519, ortalama F_{ST} değeri 0,279, ortalama I değeri 0,614, ortalama PIC değeri 0,790 ve ortalama MI değeri de 2,544 olarak belirlenmiştir.
4. Skorlanan bu 96 adet polimorfik fragman kullanılarak DarWIN6 programında simple matching benzerlik indeksine göre 20.000 bootstrap değeri ile benzerlik matriksi oluşturulmuştur. Bu benzerlik matriksinde genotipler arasındaki genetik ilişkinin 0,247-0,743 arasında olduğu belilenmiştir.

5. Simple mathcing benzerlik indeksine göre çizilen dendrogram genotipleri iki ana gruba ayırmıştır. Her iki büyük grupta da Türkiye ve Kırgızistan genotipleri yer almıştır. Genotiplerin bu şekilde kümelenmesinin sebebi yetiştiriciliği yapılan kavun (*cantalupensis* ve *inodorus*) gruplarıdır. Kav kodlu Türkiye genotiplerinin yer aldığı büyük grupta *inodorus* genotipleri diğerinde de *cantalopensis* genotipleri yer almıştır. Genotipler içersinde Kg-H/Kg-G ile Kav-43/Kav27 genotipleri genetik olarak yüksek derecede benzerlik göstermiştir. Kg-H/Kg-G genotiplerinin Çin kökenli genotiplere olan yüksek benzerliği neticesinde çiftçiler tarafından Çin standart çeşitlerinin tohumları idame ettirilerek yetiştirilen kavunlar olduğu anlaşılmaktadır.
6. GeneAIEx 6.5 programı kullanılarak aynı 96 adet polimorfik fragmandan üretilen benzerlik matriksinden eigen değerleri hesaplanarak Principle Coordinate Analizi yapılmış ve genotipler iki boyutlu düzlemde konumlandırılmıştır. Bu konumlandırma neticesinde dendrogram ile %100 uyumlu sonuçlar bağımsız bir başka program ile elde edilerek doğrulanmıştır. PCoA benzerlik matriksi oluşturulurken (9999)~10.000 bağımsız permütasyon kullanılmıştır ve analizin istatistiksel doğruluğu sağlanmaya çalışılmıştır.
7. Skorlanan bu 96 adet polimorfik veriler genotiplere ait bireylerin popülasyon yapısını tahmin etmek adına STRUCTURE programı ile analiz edilmiştir. Analiz sırasında 5000 burn in ve 50.000 MCMC tekrarı kullanılmıştır. Analizler 1-10 ΔK değerleri arasında 3 iterasyonda gerçekleştirilmiştir. Analiz soncunda genotipler net bir şekilde ΔK = 2 popülasyona ayrılmıştır. Popülasyonların kendi içersindeki F_{ST1} = 0,234 ve F_{ST2} = 0,254 değerleri STRUCTURE analizi sonucunda belirlenmiştir.
8. Structure: analizi soncunda genotipleri ait oldukları popülasyonların kalıtım katsayıları belirlenmiş ve tüm genotipler 0,99 ve üzerindeki değerler ile mevcut oldukları popülasyonlara bağlandığı görülmüştür.
9. GeneAIEx 6.5 programı kullanılarak Moleküler Varyans Analizi (9999)~ 10.000 bağımsız permütasyon kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda popülasyonların içerisindeki varyasyonun %96'sının bireylerden ve %4'ünün de popülasyonlardan kaynaklandığı belirlenmiştir.
10. AMOVA analizi sonucunda elde edilen veriler popülasyon içerindeki tahmin edilen varyansyonun 23,5 civarında olduğunu tespit etmiştir. STRUCTURE analizi sonucunda elde edilen F_{ST} değeri popülasyonlar için 0,23 civarında (%23) olarak

belirlenmiştir. Bu durum da bağımsız iki farklı program ile birbirini teyit eden sonuçlar elde edildiğini göstermiştir. GeneAIEx 6.5 programı sonucunda elde edilen fiksasyon indeksi F_{ST} değerleri markörler bazında hesaplanmış ve ~0,27 ortalama ile sonuçlar üretmiştir. Bu değerler birbirinin analoğu olup birbiriyle örtüşmektedir.

11. Çalışmanın önemli kazançlarından biri de toplanmış olan genetik materyalin her iki üniversitenin (Kırgızistan-Türkiye Manas Üniversite ve Selçuk Üniversitesi Bahçe Bitkileri bölümünde) ilgili bölümlerinde muhafaza edilecek olmasıdır. Böylelikle her iki üniversite geneotipler üzerinde detaylı (fizyolojik ve kantitatif çalışmalar) gerçekleştime imkanına sahip olacaktır.
12. Ülkemiz açısından diğer bir kazanç da kavunda genetik varyasyonu arttırmak adına çeşitli melezleme programlarına dahil edilebilecek olmasıdır.

Yapılan moleküler ve morfolojik analizler neticesinde elde edilen dendrogramlar birbiriyle tam bir uyum göstermediği görülmektedir. Bunun temel sebebi morfolojik özelliklerin ülke genetik kaynaklarında farklılıklar göstermesidir. Özellikle morfolojik dendrogram elde edilirken meyve ağırlıkları, çiçek tipleri, yaprak lobları, yaprak renkleri, yumurtalık şekli ve yumurtalıktaki tüylenme karakterleri etkili olmuştur. Bu karakterler iki ülke koleksiyonunda belirgin farklılıklar göstermiştir (Kırgızistan genotipleri 3-4 kg ortalama meyve ağırlığına sahipken, Türkiye genotipleri 1,5-2 kg ortalama ağırlığa sahiptir, Türkiye genotipleri yumurtalıkları genellikle oval ve kısa tüylü iken Kırgızistan genotipleri yumurtalıkları uzun ve uzun tüylüdür vb.). Bu gibi özellikler kümülatif toplamda iki ülke genotiplerinin morfolojik olarak birbirinden ayrışmasını sağlamıştır. Moleküler verilerden üretilen dendrogram iki ülkeye ait genotipleri temel olarak iki ana grupta kümelemiştir. Her bir ana grup içerisinde iki ülkeye ait olan genotipler iç içe geçerek (aynı küme içerisinde hem Türkiye hem de Kırgızistan genotipleri yer almıştır) konumlanmıştır. Mevcut durumun oluşmasında yetiştiricilik gruplarının (*inodorus* ve *cantalupensis*) büyük etkisi bulunmaktadır. *inodorus* ve *cantalupensis* yetiştiricilik grupları genellikle bir yerde kümelenmiş olmalarına karşın aralarında karışmalar (*inodorus* içerisinde *cantalupensis* gibi ya da tam tersi durum) meydana gelmiştir. Bu durum, *inodorus* çeşitlerinin *cantalupensis* genotiplerinden toz almasını ya da tersi durumunun meydana geldiğini düşündürmektedir.

Yoğun bir şekilde gerçekleştirilen ıslah faaliyetleri neticesinde bireysel olarak genlerin ya da belirli gen kombinasyonlarının kaybı da dahil olmak üzere belirli bir yerde ve belirli bir süre boyunca genetik çeşitliliğin azalmasıdır. Genetik erozyon yoğun bir şekilde ıslah

faaliyeti neticesindeki seleksiyona ilave olarak belirli bir bölgede belirli süre boyunca ıslah çalışmalarının yapılmaması (sürekli olarak dışa bağımlı tohumluk kullanılması), genetik mevcudiyetin korunmaması (genetik çeştililiğin belirlenmesinde ve korunmasında) aksaklıklar ve kayıplara neden olmaktadır. Kırgızistan örneği bu duruma bir örnek teşkil etmektedir. Uzun yıllar boyunca Çin ve Rusya kökenli genotiplerin çiftçiler tarafından ekilmesi ve yerel genotiplerin hastalıklıklara karşı dayanıksız olduğu için (çiftçiler ile yapılan birebir konuşmalar neticesinde bu sonuca varılmıştır) terk edilmesi kavun açısında ciddi genetik kayba sebep olmuştur. Yapılan genetik analizler de bu sonucu desteklemektedir. Kırgız genotiplerin bir kısmı Rusya ve Çin kökenli standart genotiplerle bire bir veya dolaylı olarak (uzun süre çiftçiler tarafında yerel tohum olduğu sanılarak ekilen yabancı menşeyli tohumlar) benzediği tespit edilmiştir. Özellikle Manas ve Kg kodu verilen ve çiftçilerden toplanan genotiplerde bu durum açıkça görülmüştür. Bunun dışında bizzat gezilerek toplanmış olan Oş ve Ç kodlu Kırgızistan genotiplerinin ıslah ve genetik çeşitlilik açısından incelenmeye değer olduğu düşünülmektedir. Genetik analizler neticesinde meydana gelen iki büyük ayrışma kavun yetiştiricilik gruplarının farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Halbuki bu durumun yetiştiricilik grupları açısından değil de toplanan genotiplerdeki bireyler açısından gözlenmesi durumu çeşitliliğin genomdan kaynaklandığını düşünmemize sebep olacaktır. Netice itibarıyla incelenen kavun genotipleri başarılı bir şekilde moleküler ve morfolojik olarak karakterize edilerek çalışma tamamlanmıştır.

KAYNAKLAR

Abdelmohsin, M., Pitrat, M. ve Pitrat, M., 2008, Pleiotropic effect of sex expression on fruit shape in melon.

Akashi, Y., Fukuda, N., Wako, T., Masuda, M. ve Kato, K., 2002, Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, Cucumis melo L., based on the analysis of five isozymes, *Euphytica*, 125 (3), 385-396.

Ali-Shtayeh, M. S., Jamous, R. M., Shtaya, M. J., Mallah, O. B., Eid, I. S. ve Zaitoun, S. Y. A., 2017, Morphological characterization of snake melon (Cucumis melo var. flexuosus) populations from Palestine, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64 (1), 7-22.

Allel, D., Ben-Amar, A., Lamine, M. ve Abdelly, C., 2017, Relationships and genetic structure of North African barley (Hordeum vulgare L.) germplasm revealed by morphological and molecular markers: Biogeographical considerations, *South African Journal of Botany*, 112, 1-10.

Anagnostou, K., Jahn, M. ve Perl-Treves, R., 2000, Inheritance and linkage analysis of resistance to zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, papaya ringspot virus and powdery mildew in melon, *Euphytica*, 116 (3), 265-270.

Anderson, J. A., Churchill, G., Autrique, J., Tanksley, S. ve Sorrells, M., 1993, Optimizing parental selection for genetic linkage maps, *Genome*, 36 (1), 181-186.

Andrade, I. S., Melo, C. A. F. d., Nunes, G. H. d. S., Holanda, I. S. A., Grangeiro, L. C. ve Corrêa, R. X., 2019, Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits, *Scientia Horticulturae*, 243, 514-523.

Angelov, D. ve Krasteva, L., 2000, Dominant inheritance of downy mildew resistance in melons, *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510*, 273-276.

Bagheriyan, S., Karimi, H. R. ve Esmaelizadeh, M., 2015, Evaluation of Genetic Relationships Among Melon Genotypes Based on Morphological Markers, *International Journal of Vegetable Science*, 21 (1), 36-52.

Banihashemi, Z. ve Dezeeuw, D. J., 1975, The behavior of Fusarium oxysporum f. sp. melonis in the presence and absence of host plants, *Phytopathology*, 65, 1212–1217.

Bohn, G. W. ve Whitaker, T. W., 1964, Genetics of resistance to powdery mildew race 2 in muskmelon, *Phytopathology*, 54 (5), 587-591.

Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M. ve Davis, R. W., 1980, Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms, *Am J Hum Genet*, 32 (3), 314-331.

Burger, Y., Katzir, N., Tzuri, G., Portnoy, V., Saar, U., Shriber, S., Perl-Treves, R. ve Cohen, R., 2003a, Variation in the response of melon genotypes to Fusarium oxysporum f.sp. melonis race 1 determined by inoculation tests and molecular markers, *Plant Pathology*, 52 (2), 204-211.

Burger, Y., Sa'ar, U., Distelfeld, A., Katzir, N., Yeselson, Y., Shen, S. ve Schaffer, A. A., 2003b, Development of sweet melon (Cucumis melo) genotypes combining high sucrose and organic acid content, *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 128 (4), 537-540.

Burger, Y., Sa'ar, U., Paris, H. S., Lewinsohn, E., Katzir, N., Tadmor, Y. ve Schaffer, A. A., 2006, Genetic variability for valuable fruit quality traits in Cucumis melo, *Israel Journal of Plant Sciences*, 54 (3), 233-242.

Burger, Y. ve Schaffer, A. A., 2007, The contribution of sucrose metabolism enzymes to sucrose accumulation in Cucumis melo, *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 132 (5), 704-712.

Burger, Y., Paris, H. S., Cohen, R., Katzir, N., Tadmor, Y., Lewinsohn, E. ve Schaffer, A. A., 2010, 3 Genetic Diversity of Cucumis Melo, *Horticultural reviews*, 36 (1).

Carvalho, N., Canela, F., Leite, P., Ferreira, M., Oliveira, V., Santos, M., Souza, N. ve Buso, G., 2017a, Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers, *Embrapa Hortaliças-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.

Carvalho, N., Canela, F. M., Leite, P. H. S., Ferreira, M. A., Oliveira, V. R., Santos, M. F., Souza, N. O. S. ve Buso, G. S. C., 2017b, Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers, *Genetics and Molecular Research*, 16 (3).

Castellanos, M. T., Cabello, M. J., Cartagena, M. d. C., Tarquis, A. M., Arce, A. ve Ribas, F., 2011, Growth dynamics and yield of melon as influenced by nitrogen fertilizer, *Scientia Agricola*, 68, 191-199.

Chesnokov, Y. V. ve Artemyeva, A., 2015, Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity, *Сельскохозяйственная биология* (5 (eng)).

Chevalier, A. J. B., 1901, Un ancêtre présumé du melon cultivé (Cucumis melo L.), *Bulletin du Muséum national d'histoire naturelle 1ère série*, 7, 284–287.

Chiba, N., Suwabe, K., Nunome, T. ve Hirai, M., 2003, Development of Microsatellite Markers in Melon (Cucumis melo L.) and Their Application to Major Cucurbit Crops, *Breeding Science*, 53 (1), 21-27.

Chikh-Rouhou, H., González-Torres, R., Oumouloud, A. ve Alvarez, J. M., 2011, Inheritance of race 1.2 Fusarium wilt resistance in four melon cultivars, *Euphytica*, 182 (2), 177.

Chomicki, G. ve Renner, S. S., 2015, Watermelon origin solved with molecular phylogenetics including Linnaean material: another example of museomics, *New Phytol*, 205 (2), 526-532.

Chomicki, G., Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2020, Origin and domestication of Cucurbitaceae crops: insights from phylogenies, genomics and archaeology, *New Phytologist*, n/a (n/a).

Chuan-qi, L., Peng, G. ve Fei-shi, L., 2014, Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fruit-associated traits in watermelon, *Scientia Agricultura Sinica*, 14, 2814-2829.

Clawson, D. L., 1985, Harvest Security and Intraspecific Diversity in Traditional Tropical Agriculture, *Economic Botany*, 39 (1), 56-57.

Clayberg, C. D., 1992, Interaction and linkage test of flesh color genes in Cucumis melo L, *Cucurbit Genet Coop Rep*, 15 (53), 18.

Cohen, S., Tzuri, G., Harel-Beja, R., Itkin, M., Portnoy, V., Sa'ar, U., Lev, S., Yeselson, L., Petrikov, M., Rogachev, I., Aharoni, A., Ophir, R., Tadmor, Y., Lewinsohn, E., Burger, Y., Katzir, N. ve Schaffer, A. A., 2012, Co-mapping studies of QTLs for fruit acidity and candidate genes of organic acid metabolism and proton transport in sweet melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 125 (2), 343-353.

Coudriet, D., DL, C., AN, K. ve GW, B., 1981, Inheritance of resistance to muskmelon necrotic spot virus in a melon aphid-resistant breeding line of muskmelon.

Cui, J., Cheng, J., Tan, P., Li, W., Wang, G. ve Hu, K., 2014, Genetic analysis of fruit length and fruit stalk length in luffa, *Guangdong Agricultural Sciences*, 8, 52-56.

Dal, Y., Kayak, N., Kal, Ü., Seymen, M. ve Türkmen, Ö., 2017, Yerel kavun (Cucumis melo L.) genotiplerinin bazı morfolojik özellikleri, *Akademik Ziraat Dergisi*, 2017; 6, 179-186.

Danin-Poleg, Y., Paris, H. S., Cohen, S., Rabinowitch, H. D. ve Karchi, Z., 1997, Oligogenic inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in melons, *Euphytica*, 93 (3), 331-337.

Danin-Poleg, Y., Reis, N., Tzuri, G. ve Katzir, N., 2001, Development and characterization of microsatellite markers in Cucumis, *Theoretical and Applied Genetics*, 102 (1), 61-72.

Dar, A. A., Mahajan, R., Lay, P. ve Sharma, S., 2017, Genetic diversity and population structure of Cucumis sativus L. by using SSR markers, *3 Biotech*, 7 (5), 307.

De Filippis, L. F., 2012, Breeding for Biotic Stress Tolerance in Plants, In: Crop Production for Agricultural Improvement, Eds: Ashraf, M., Öztürk, M., Ahmad, M. S. A. ve Aksoy, A., *Dordrecht*: Springer Netherlands, p. 145-200.

Decker-Walters, D. S., Chung, S. M., Staub, J. E., Quemada, H. D. ve López-Sesé, A. I., 2002, The origin and genetic affinities of wild populations of melon (Cucumis melo, Cucurbitaceae) in North America, *Plant Systematics and Evolution*, 233 (3), 183-197.

Demir, I., Mavi, K. ve Oztokat, C., 2004, Changes in germination and potential longevity of watermelon (Citrullus lanatus) seeds during development, *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 32 (1), 139-145.

Dempewolf, H., Baute, G., Anderson, J., Kilian, B., Smith, C. ve Guarino, L., 2017, Past and Future Use of Wild Relatives in Crop Breeding, *Crop Science*, 57 (3), 1070-1082.

Dhillon, N., Ranjana, R., Singh, K., Eduardo, I., Monforte, A., Pitrat, M., Dhillon, N. ve Singh, P., 2007, Diversity among landraces of Indian snapmelon (Cucumis melo var. momordica), *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54 (6), 1267-1283.

Dhillon, N. P., Monforte, A. J., Pitrat, M., Sudhakar, P., Singh, P. K., Reitsma, K. R., Garcia-Mas, J., Abhishek, S. ve McCreight, J. D., 2012, Melon landraces of India: contributions and importance, *Plant Breeding Reviews*, 35, 85-150.

Diaz-Pendon, J. A., Fernandez-Munoz, R., Gomez-Guillamon, M. L. ve Moriones, E., 2005, Inheritance of Resistance to Watermelon mosaic virus in Cucumis melo that Impairs Virus Accumulation, Symptom Expression, and Aphid Transmission, *Phytopathology*, 95 (7), 840-846.

Dogimont, C., Bussemakers, A., Martin, J., Slama, S., Lecoq, H. ve Pitrat, M., 1997, Two complementary recessive genes conferring resistance to Cucurbit Aphid Borne Yellows Luteovirus in an Indian melon line (cucumis melo L.), *Euphytica*, 96 (3), 391-395.

Dogimont, C., Leconte, L., Perin, C., Thabuis, A., Lecoq, H. ve Pitrat, M., 2000, Identification of QTLs contributing to resistance to different strains of cucumber mosaic cucumovirus in melon, *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510*, 391-398.

Dwivedi, N. K., Dhariwal, O. P., Gopala Krishnan, S. ve Bhandari, D. C., 2010, Distribution and extent of diversity in Cucumis species in the Aravalli ranges of India, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57 (3), 443-452.

Earl, D. A. ve vonHoldt, B. M., 2012, STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, *Conservation Genetics Resources*, 4 (2), 359-361.

Eduardo, I., Arús, P., Monforte, A. J., Obando, J., Fernández-Trujillo, J. P., Martínez, J. A., Alarcón, A. L., Álvarez, J. M. ve Knaap, E. v. d., 2007a, Estimating the Genetic Architecture of Fruit Quality Traits in Melon Using a Genomic Library of Near Isogenic Lines, 132 (1), 80.

Eduardo, I., Arús, P., Monforte, A. J., Obando, J., Fernández-Trujillo, J. P., Martínez, J. A., Alarcón, A. L., Álvarez, J. M. ve van der Knaap, E., 2007b, Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines, *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 132 (1), 80-89.

El-Bramawy, M. E.-H. S., El-Hendawy, S. ve Shaban, W. A., 2008, Assessing the suitability of morphological and phenological traits to screen Sesame genotypes for Fusarium wilt and charcoal rot disease resistance, *Journal of plant protection research*.

Elci, E., AKIŞCAN, Y. ve Akgöl, B., 2014, Genetic diversity of Turkish commercial cotton varieties revealed by molecular markers and fiber quality traits, *Turkish Journal of Botany*, 38 (6), 1274-1286.

Endl, J., Achigan-Dako, E. G., Pandey, A. K., Monforte, A. J., Pico, B. ve Schaefer, H., 2018, Repeated domestication of melon (Cucumis melo) in Africa and Asia and a new close relative from India, *Am J Bot*, 105 (10), 1662-1671.

Epinat, C., Pitrat, M. ve Bertrand, F., 1992, Genetic analysis of resistance of five melon lines to powdery mildews, *Euphytica*, 65 (2), 135-144.

Epinat, C. ve Pitrat, M., 1994a, Inheritance of resistance to downy mildew (Pseudoperonospora cubensis) in muskmelon (Cucumis melo). I. Analysis of a 8 x 8 diallel table.

Epinat, C. ve Pitrat, M., 1994b, Inheritance of resistance to downy mildew (Pseudoperonospora cubensis) in muskmelon (Cucumis melo). II. Generation means analysis of 5 genitors.

Erdoğan, F., 2016, GÖLLER BÖLGESİ YEREL KAVUN GENOTİPLERİN TOPLANMASI VE MORFOLOJİK KARAKTERİZASYONU, *SELÇUK UNIVERSITY*, 137.

Escribano, S. ve Lázaro, A., 2009, Agro-morphological diversity of Spanish traditional melons (Cucumis melo L.) of the Madrid provenance, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56 (4), 481-497.

Essafi, A., Diaz-Pendon, J. A., Moriones, E., Monforte, A. J., Garcia-Mas, J. ve Martin-Hernandez, A. M., 2009, Dissection of the oligogenic resistance to Cucumber mosaic virus in the melon accession PI 161375, *Theoretical and Applied Genetics*, 118 (2), 275-284.

Esteva, J. ve Nuez, F., 1992, Tolerance to a whitefly-transmitted virus causing muskmelon yellows disease in Spain, *Theoretical and Applied Genetics*, 84 (5), 693-697.

Evanno, G., Regnaut, S. ve Goudet, J., 2005, Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, *Mol Ecol*, 14 (8), 2611-2620.

Excoffier, L., Smouse, P. E. ve Quattro, J. M., 1992, Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data, *Genetics*, 131 (2), 479-491.

Fergany, M., Kaur, B., Monforte, A. J., Pitrat, M., Rys, C., Lecoq, H., Dhillon, N. P. S. ve Dhaliwal, S. S., 2011, Variation in melon (Cucumis melo) landraces adapted to the humid tropics of southern India, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 58 (2), 225-243.

Fernandez-Silva, I., Moreno, E., Essafi, A., Fergany, M., Garcia-Mas, J., Martín-Hernandez, A. M., Álvarez, J. M. ve Monforte, A. J., 2010, Shaping melons: agronomic and genetic characterization of QTLs that modify melon fruit morphology, *Theoretical and Applied Genetics*, 121 (5), 931-940.

Filipowicz, N., Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2014, Revisiting Luffa (Cucurbitaceae) 25 Years After C. Heiser: Species Boundaries and Application of Names Tested with Plastid and Nuclear DNA Sequences, *Systematic Botany*, 39 (1), 205-215.

Frantz, J. D. ve Jahn, M. M., 2004, Five independent loci each control monogenic resistance to gummy stem blight in melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 108 (6), 1033-1038.

Frary, A., Şığva, H. Ö., Tan, A., Taşkın, T., İnal, A., Mutlu, S., Haytaoğlu, M. ve Doğanlar, S., 2013, Molecular genetic diversity in the Turkish national melon collection and selection of a preliminary core set, *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 138 (1), 50-56.

Fujishita, N., 1973, About seed (embryo) and fruit development of Cucumis species (I). Effects of growth regulator affected apomixis and parthenocarpy of C. melo, *J. Japan. Soc. Hort. Sci.*, 42 (2), 186-187.

Fujishita, N., 1980, About comparison Cucumis melo seeds excavated from the Ikegami ruins with the contemporary melon seeds and the melon seeds excavated from other ruins, *Osaka Culture Center*, 6, 105-124.

Fukino, N., Sakata, Y., Kunihisa, M. ve Matsumoto, S., 2007, Characterisation of novel simple sequence repeat (SSR) markers for melon (Cucumis melo L.) and their use for genotype identification, *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 82 (2), 330-334.

Fukino, N., Ohara, T., Monforte, A. J., Sugiyama, M., Sakata, Y., Kunihisa, M. ve Matsumoto, S., 2008, Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 118 (1), 165-175.

Gao, C., Ren, X., Mason, A. S., Li, J., Wang, W., Xiao, M. ve Fu, D., 2013, Revisiting an important component of plant genomes: microsatellites, *Functional Plant Biology*, 40 (7), 645-661.

Gao, M., Hu, L., Li, Y. ve Weng, Y., 2016, The chlorophyll-deficient golden leaf mutation in cucumber is due to a single nucleotide substitution in CsChlI for magnesium chelatase I subunit, *Theoretical and Applied Genetics*, 129 (10), 1961-1973.

Gao, P., Sheng, Y., Luan, F., Ma, H. ve Liu, S., 2015, RNA-Seq Transcriptome Profiling Reveals Differentially Expressed Genes Involved in Sex Expression in Melon, *Crop Science*, 55, 1686-1695.

Gao, X., Ning, X., Wang, Y., Wang, X., Yan, W., Zhang, Z. ve Li, G., 2014, Fine mapping of a gene that confers palmately lobed leaf (pll) in melon (Cucumis melo L.), *Euphytica*, 200 (3), 337-347.

Garcia-Mas, J., Oliver, M., Gomez-Paniagua, H. ve De Vicente, M., 2000, Comparing AFLP, RAPD and RFLP markers for measuring genetic diversity in melon, *Theoretical and Applied Genetics*, 101 (5-6), 860-864.

Garcia-Mas, J., Benjak, A., Sanseverino, W., Bourgeois, M., Mir, G., González, V. M., Hénaff, E., Câmara, F., Cozzuto, L., Lowy, E., Alioto, T., Capella-Gutiérrez, S., Blanca, J., Cañizares, J., Ziarsolo, P., Gonzalez-Ibeas, D., Rodríguez-Moreno, L., Droege, M., Du, L., Alvarez-Tejado, M., Lorente-Galdos, B., Melé, M., Yang, L., Weng, Y., Navarro, A., Marques-Bonet, T., Aranda, M. A., Nuez, F., Picó, B., Gabaldón, T., Roma, G., Guigó, R., Casacuberta, J. M., Arús, P. ve Puigdomènech, P., 2012, The genome of melon (Cucumis melo L.), *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109 (29), 11872-11877.

Ghebretinsae, A. G., Thulin, M. ve Barber, J. C., 2007, Relationships of Cucumbers and Melons Unraveled: Molecular Phylogenetics of Cucumis and Related Genera (Benincaseae, Cucurbitaceae), *American Journal of Botany*, 94 (7), 1256-1266.

Gilbert, R. Z., Kyle, M. M., Munger, H. M. ve Gray, S. M., 1994, Inheritance of Resistance to Watermelon Mosaic Virus in Cucumis melo L, 29 (2), 107.

Gonzalo, M. J., Oliver, M., Garcia-Mas, J., Monfort, A., Dolcet-Sanjuan, R., Katzir, N., Arus, P. ve Monforte, A. J., 2005, Simple-sequence repeat markers used in merging linkage maps of melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 110 (5), 802-811.

Govindaraj, M., Vetriventhan, M. ve Srinivasan, M., 2015, Importance of Genetic Diversity Assessment in Crop Plants and Its Recent Advances: An Overview of Its Analytical Perspectives, *Genetics Research International*, 2015, 14.

Greenbaum, G., Templeton, A. R., Zarmi, Y. ve Bar-David, S., 2014, Allelic Richness following Population Founding Events – A Stochastic Modeling Framework Incorporating Gene Flow and Genetic Drift, *Plos One*, 9 (12), e115203.

Grube, R. C., Zhang, Y., Murphy, J. F., Loaiza-Figueroa, F., Lackney, V. K., Provvidenti, R. ve Jahn, M. K., 2000, New Source of Resistance to Cucumber mosaic virus in Capsicum frutescens, *Plant Disease*, 84 (8), 885-891.

Grumet, R., Taft, J., YiHong, W., Behera, T. ve Kole, C., 2011, Sex expression in cucurbits, *Genetics, Genomics and Breeding in Crop Plants. Science Publish-ers, Enfield, New Hampshire*, 353-375.

Guiu-Aragones, C., Sanchez-Pina, M. A., Diaz-Pendon, J. A., Pena, E. J., Heinlein, M. ve Martin-Hernandez, A. M., 2016, cmv1 is a gate for Cucumber mosaic virus transport from bundle sheath cells to phloem in melon, *Molecular Plant Pathology*, 17 (6), 973-984.

Guiu-Aragonés, C., Díaz-Pendón, J. A. ve Martín-Hernández, A. M., 2015, Four sequence positions of the movement protein of C ucumber mosaic virus determine the virulence against cmv1-mediated resistance in melon, *Molecular Plant Pathology*, 16 (7), 675-684.

Guliyev, N., Sharifova, S., Ojaghi, J., Abbasov, M. ve Akparov, Z., 2018, Genetic diversity among melon (Cucumis melo L.) accessions revealed by morphological traits and ISSR markers, *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 42 (6), 393-401.

Guo, F., Dey, D. K. ve Holsinger, K. E., 2009, A Bayesian hierarchical model for analysis of SNP diversity in multilocus, multipopulation samples, *J Am Stat Assoc*, 104 (485), 142-154.

Guo, Y., Gao, M., Liang, X., Xu, M., Liu, X., Zhang, Y., Liu, X., Liu, J., Gao, Y., Qu, S. ve Luan, F., 2020, Quantitative Trait Loci for Seed Size Variation in Cucurbits – A Review, *Frontiers in Plant Science*, 11 (304).

Gur, A., Tzuri, G., Meir, A., Sa'ar, U., Portnoy, V., Katzir, N., Schaffer, A. A., Li, L., Burger, J. ve Tadmor, Y., 2017, Genome-Wide Linkage-Disequilibrium Mapping to the Candidate Gene Level in Melon (Cucumis melo), *Scientific Reports*, 7 (1), 9770.

Harel-Beja, R., Tzuri, G., Portnoy, V., Lotan-Pompan, M., Lev, S., Cohen, S., Dai, N., Yeselson, L., Meir, A., Libhaber, S. E., Avisar, E., Melame, T., van Koert, P., Verbakel, H., Hofstede, R., Volpin, H., Oliver, M., Fougedoire, A., Stalh, C., Fauve, J., Copes, B., Fei, Z., Giovannoni, J., Ori, N., Lewinsohn, E., Sherman, A., Burger, J., Tadmor, Y., Schaffer, A. A. ve Katzir, N., 2010, A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes, *Theoretical and Applied Genetics*, 121 (3), 511-533.

Harlan, J. R. ve de Wet, J. M., 1971, Toward a rational classification of cultivated plants, *TAXON*, 20 (4), 509-517.

Hassan, M. Z., Rahim, M. A., Natarajan, S., Robin, A. H. K., Kim, H.-T., Park, J.-I. ve Nou, I.-S., 2018, Gummy Stem Blight Resistance in Melon: Inheritance Pattern and Development of Molecular Markers, *International Journal of Molecular Sciences*, 19 (10), 2914.

Hasson, A., Plessis, A., Blein, T., Adroher, B., Grigg, S., Tsiantis, M., Boudaoud, A., Damerval, C. ve Laufs, P., 2011, Evolution and diverse roles of the CUP-SHAPED COTYLEDON genes in Arabidopsis leaf development, *The plant cell*, 23 (1), 54-68.

Hatice Filiz, B., Volkan, T., Akin, T., Isilay Karasahin, Y., Mehmet, O. ve Aytekin, A., 2015, Morphological and Molecular Characterization and Relationships of Turkish Local Eggplant Heirlooms, *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 43 (1).

Hedrick, P., 2011, Genetics of populations, Jones & Bartlett Learning, p.

Hein, L., 2009, The economic value of the pollination service, a review across scales, *The Open Ecology Journal*, 2 (1).

Herman, R. ve Perl-Treves, R., 2007, Characterization and Inheritance of a New Source of Resistance to Fusarium oxysporum f. sp. melonis Race 1.2 in Cucumis melo, *Plant Disease*, 91 (9), 1180-1186.

Holsinger, K. E. ve Weir, B. S., 2009, Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting F(ST), *Nat Rev Genet*, 10 (9), 639-650.

Hong, Y.-J., Hossain, M. R., Kim, H.-T., Park, J.-I. ve Nou, I.-S., 2018, Identification of Two New Races of Podosphaera xanthii Causing Powdery Mildew in Melon in South Korea, *The plant pathology journal*, 34 (3), 182-190.

Hu, J., Gao, L., Xu, Y., Li, Q., Zhu, H., Yang, L., Li, J. ve Sun, S., 2019, Microsatellite Markers Reveal Genetic Diversity and Relationships within a Melon Collection Mainly Comprising Asian Cultivated and Wild Germplasms, *BioMed Research International*, 2019, 7495609.

Hughes, M., 1948, The inheritance of two characters of Cucumis melo and their interrelationship, *Proc Am Soc Hortic Sci*, 399-402.

Hussain, S., Habib, A., Ali, S., Haq, I. U., Rasul, A. ve Chohan, M. A., 2016, GENETIC AND BIO-CHEMICAL STRETIGIES FOR THE MANAGEMENT OF POWDERY MILDEW DISEASE OF WATERMELON (CITRULLUS LANATUS), *2016*, 28 (1), 8.

Iman, M., Abo-Bakr, M. ve Hanna, H., 1972, Inheritance of some economic characters in crosses between sweet melon and snake cucumber. I, *Inheritance of qualitative characters. Assiut J Ag Sco*, 3, 363-380.

IPGRI, 2003, Descriptors for melon (Cucumis melo L.), 64.

Jagger, I.C., Whitaker, T.W. ve Porter, D.R., 1938, A new biologic form of powdery mildew on muskmelons in the Imperial Valley of California, *Plant Dis. Rptr.*, 22, 275-276.

Jiao, S.-Q., Dong, A.-X., Shi, T.-L., Liu, H., Porth, I., Xin, H.-B. ve Mao, J.-F., 2020, Development of a Large Gene-Associated SSR Marker Set and in-Depth Genetic Characterization in Scarlet Sage, *Frontiers in Genetics*, 11, 504-504.

Jonah, P., Bello, L., Lucky, O., Midau, A., Moruppa, S. ve Moruppa, Ω., 2011, Review: The importance of molecular markers in plant breeding programmes, *Global Journal of Science Frontier Research*, 11 (5), 4-12.

José, M. A., Iban, E., Silvia, A. ve Pere, A., 2005, Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance, *Euphytica*, 144 (1), 31-38.

Junyi, G., Zhang, Y.-M. ve Wang, J., 2003, Genetic System of Quantitative Traits in Plants, p.

Kaan, J. F., 1973, Recherches sur la re´sistance du melon aux maladies, notammenta la mosaı¨que de la paste`que et au Pseudoperonospora, applique´es au type varie´tal "Cantaloup Charentais", *IXth EUCARPIA meeting on genetics and breeding of cucurbitaceae*, Avignon.

Kacar, Y. A., Simsek, O., Solmaz, I., Sari, N. ve Mendi, Y. Y., 2012, Genetic diversity among melon accessions (Cucumis melo) from Turkey based on SSR markers, *Genet Mol Res*, 11 (4), 4622-4631.

Kadkhodaei, S., Shahnazari, M., Nekouei, N., Ghasemi, M., Etminani, H., Imani, A. ve Ariff, A. B., 2011, A comparative study of morphological and molecular diversity analysis among cultivated almonds (Prunus dulcis), *Australian Journal of Crop Science*, 5 (1), 82.

Kalia, R. K., Rai, M. K., Kalia, S., Singh, R. ve Dhawan, A., 2011, Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants, *Euphytica*, 177 (3), 309-334.

Karchi, Z., 1975, Inheritance of resistance to cucumber mosaic virus in melons.

Kates, H. R., Soltis, P. S. ve Soltis, D. E., 2017, Evolutionary and domestication history of Cucurbita (pumpkin and squash) species inferred from 44 nuclear loci, *Mol Phylogenet Evol*, 111, 98-109.

Kaźmińska, K., Sobieszek, K., Targońska-Karasek, M., Korzeniewska, A., Niemirowicz-Szczytt, K. ve Bartoszewski, G., 2017, Genetic diversity assessment of a winter squash and pumpkin (Cucurbita maxima Duchesne) germplasm collection based on genomic Cucurbita-conserved SSR markers, *Scientia Horticulturae*, 219, 37-44.

Kenigsbuch, D., 1989, Independent inheritance of resistance to race 1 and race 2 of Sphaerotheca fuliginea in muskmelon, *Plant Disease*, v. 73 (no. 3), pp. 206-208-1989 v.1973 no.1983.

Kenigsbuch, D. ve Cohen, Y., 1992, Inheritance of resistance to downy mildew in Cucumis melo PI 124112 and commonality of resistance genes with PI 124111F, *Plant Disease*, 76 (6), 615-617.

Khadivi-Khub, A., Salehi-Arjmand, H., Movahedi, K. ve Hadian, J., 2015, Molecular and morphological variability of Satureja bachtiarica in Iran, *Plant Systematics and Evolution*, 301 (1), 77-93.

Kııll, L. H. P., FEITOZA, E. D. A., SIQUEIRA, K. M. M. D., RIBEIRO, M. D. F. ve SILVA, E. M. S. D., 2016, EVALUATION OF FLORAL CHARACTERISTICS OF MELON HYBRIDS (Cucumis melo L.) IN POLLINATOR ATTRACTIVENESS, *Revista Brasileira de Fruticultura*, 38.

Kim, K.-H., Ahn, S.-G., Hwang, J.-H., Choi, Y.-M., Moon, H.-S. ve Park, Y.-H., 2013, Inheritance of resistance to powdery mildew in the watermelon and development of a molecular marker for selecting resistant plants, *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 54 (2), 134-140.

Kirkbride, J. H., 1993, Biosystematic monograph of the genus Cucumis (Cucurbitaceae): botanical identification of cucumbers and melons, Parkway Publishers, Inc., p.

Kistler, L., Montenegro, Á., Smith, B. D., Gifford, J. A., Green, R. E., Newsom, L. A. ve Shapiro, B., 2014, Transoceanic drift and the domestication of African bottle gourds in the Americas, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111 (8), 2937-2941.

KONG, Q., XIANG, C., YU, Z., ZHANG, C., LIU, F., PENG, C. ve PENG, X., 2007, Mining and charactering microsatellites in Cucumis melo expressed sequence tags from sequence database, *Molecular Ecology Notes*, 7 (2), 281-283.

Kong, Q., Xiang, C., Yang, J. ve Yu, Z., 2011, Genetic variations of Chinese melon landraces investigated with EST-SSR markers, *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 52 (2), 163-169.

Kong, Q., Liu, Y., Xie, J. ve Bie, Z., 2020, Development of Simple Sequence Repeat Markers from De Novo Assembled Transcriptomes of Pumpkins, *Plant Molecular Biology Reporter*, 38 (1), 130-136.

Kordrostami, M., Rabiei, B. ve Hassani Kumleh, H., 2016, Association analysis, genetic diversity and haplotyping of rice plants under salt stress using SSR markers linked to SalTol and morpho-physiological characteristics, *Plant Systematics and Evolution*, 302 (7), 871-890.

Kumar, J., Heikrujam, M., Sharma, K. ve Agrawal, V., 2019, SRAP and SSR marker-assisted genetic diversity, population structure analysis and sex identification in Jojoba (Simmondsia chinensis), *Industrial Crops and Products*, 133, 118-132.

Larson, G., Piperno, D. R., Allaby, R. G., Purugganan, M. D., Andersson, L., Arroyo-Kalin, M., Barton, L., Climer Vigueira, C., Denham, T., Dobney, K., Doust, A. N., Gepts, P., Gilbert, M. T. P., Gremillion, K. J., Lucas, L., Lukens, L., Marshall, F. B., Olsen, K. M., Pires, J. C., Richerson, P. J., Rubio de Casas, R., Sanjur, O. I., Thomas, M. G. ve

Fuller, D. Q., 2014, Current perspectives and the future of domestication studies, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111 (17), 6139-6146.

Lázaro, A., Fernández, I. C., Borrero, M. J., Cabello, F., López-Sesé, A. I., Gómez-Guillamón, M. L. ve Picó, B., 2017, Agromorphological genetic diversity of Spanish traditional melons, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64 (7), 1687-1706.

Lee, W. S., Suh, D. H., Lee, H. Y. ve Noriyuki, F., 2013, Cultivation Characteristics of Wild Weedy Melons Collected in Korea, *Horticultural Science & Technology*, 31 (4), 467-472.

Li, D., Sheng, Y., Niu, H. ve Li, Z., 2019, Gene Interactions Regulating Sex Determination in Cucurbits, *Frontiers in Plant Science*, 10, 1231-1231.

Li, L., Xu, X. L., Wu, P., Zhang, G. ve Zhang, X. B., 2018, Establishment of Molecular Identity Cards for Cucumis melo Cultivars Using SSR Markers, *Hortscience*, 53 (2), 138-143.

Li, Y.-C., Korol, A. B., Fahima, T. ve Nevo, E., 2004, Microsatellites within genes: structure, function, and evolution, *Molecular Biology and Evolution*, 21 (6), 991-1007.

Lin, T., Zhu, G., Zhang, J., Xu, X., Yu, Q., Zheng, Z., Zhang, Z., Lun, Y., Li, S., Wang, X., Huang, Z., Li, J., Zhang, C., Wang, T., Zhang, Y., Wang, A., Zhang, Y., Lin, K., Li, C., Xiong, G., Xue, Y., Mazzucato, A., Causse, M., Fei, Z., Giovannoni, J. J., Chetelat, R. T., Zamir, D., Städler, T., Li, J., Ye, Z., Du, Y. ve Huang, S., 2014, Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding, *Nature Genetics*, 46 (11), 1220-1226.

Lisch, D., 2013, How important are transposons for plant evolution?, *Nature Reviews Genetics*, 14 (1), 49-61.

Liu, L., Kakihara, F. ve Kato, M., 2004, Characterization of six varieties of Cucumis melo L. based on morphological and physiological characters, including shelf-life of fruit, *Euphytica*, 135 (3), 305.

Liu, L., Chen, Y., Su, Z., Zhang, H. ve Zhu, W., 2010, A Sequence-amplified Characterized Region Marker for a Single, Dominant Gene in Melon PI 134198 that Confers Resistance to a Unique Race of Podosphaera xanthii in China, 45 (9), 1407.

López-Sesé, A. ve Gómez-Guillamón, M., 2000, Resistance to cucurbit yellowing stunting disorder virus (CYSDV) in Cucumis melo L, *Hortscience*, 35 (1), 110-113.

López-Sesé, A., Staub, J. ve Gómez-Guillamón, M., 2003, Genetic analysis of Spanish melon (Cucumis melo L.) germplasm using a standardized molecular-marker array and geographically diverse reference accessions, *Theoretical and Applied Genetics*, 108 (1), 41-52.

López-Sesé, A. I., Staub, J., Katzir, N. ve Gómez-Guillamón, M. L., 2002, Estimation of between and within accession variation in selected Spanish melon germplasm using RAPD and SSR markers to assess strategies for large collection evaluation, *Euphytica*, 127 (1), 41-51.

Luan, F., Delannay, I. ve Staub, J. E., 2008, Chinese melon (Cucumis melo L.) diversity analyses provide strategies for germplasm curation, genetic improvement, and evidentiary support of domestication patterns, *Euphytica*, 164 (2), 445-461.

Luikart, G., England, P. R., Tallmon, D., Jordan, S. ve Taberlet, P., 2003, The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing, *Nature Reviews Genetics*, 4 (12), 981-994.

Maleki, M., Shojaeiyan, A. ve Rashidi Monfared, S., 2018, Population structure, morphological and genetic diversity within and among melon (Cucumis melo L.) landraces in Iran, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 16 (2), 599-606.

Mallor-Giménez, C., Álvarez, J. M. ve Arteaga, M. L., 2003, Inheritance of resistance to systemic symptom expression of Melon necrotic spot virus (MNSV) in Cucumis melo L. `Doublon', *Euphytica*, 134 (3), 319-324.

Mallor Giménez, C., Álvarez Álvarez, J. M. ve Arteaga, M. L., 2003, Inheritance of resistance to systemic symptom expression of Melon necrotic spot virus (MNSV) in Cucumis melo L. `Doublon', *Euphytica*, 134 (3), 319-324.

Mancak, I., Sarı, N., SOLMAZ, I. ve OZKAN, H., 2014, Determining the relationships between Kirkagac and other melon types by using morphological and molecular methods, *CUCURBITACEAE 2014*, 80.

Mancak, İ., 2013, Altınbaş grubu kavunların diğer kavunlarla akrabalık ilişkilerinin morfolojik ve moleküler yöntemlerle araştırılması,, *Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*, Adana.

Marr, K. L., Yong-Mei, X. ve Nirmal, K. B., 2007, Allozymic, Morphological, Phenological, Linguistic, Plant Use, and Nutritional Data of Benincasa hispida (Cucurbitaceae), *Economic Botany*, 61 (1), 44-59.

Mason, A. S., 2015, SSR genotyping, In: Plant genotyping, Eds: Springer, p. 77-89.

Masuda, T., 2008, Recent overview of the Mg branch of the tetrapyrrole biosynthesis leading to chlorophylls, *Photosynth Res*, 96 (2), 121-143.

Matthews, P. J., 2003, Identification of Benincasa hispida (wax gourd) from the Kana archaeological site, Western Highlands Province, Papua New Guinea, *Archaeology in Oceania*, 38, 186+.

McCreight, J. D. ve Fashing-Burdette, P., 1996, Resistance of PI 124112 and 'Eldorado-300' melons (Cucumis melo L.) to papaya ringspot virus watermelon strain *Cucurbits towards 2000 : proceedings of the VIth Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding*,, Algarrobo, Málaga.

McCreight, J. D., 2000, Inheritance of Resistance to Lettuce Infectious Yellows Virus in Melon, 35 (6), 1118.

McCreight, J. D., Liu, H.-Y. ve Turini, T. A., 2008, Genetic Resistance to Cucurbit Leaf Crumple Virus in Melon, 43 (1), 122.

McCreight, J. D. ve Coffey, M. D., 2011, Inheritance of Resistance in Melon PI 313970 to Cucurbit Powdery Mildew Incited by Podosphaera xanthii Race S, 46 (6), 838.

McCreight, J. D. ve Wintermantel, W. M., 2011, Genetic Resistance in Melon PI 313970 to Cucurbit yellow stunting disorder virus, 46 (12), 1582.

Meirmans, P. G., 2012, AMOVA-based clustering of population genetic data, *Journal of Heredity*, 103 (5), 744-750.

Mendi, Y. Y., Sari, N., Akyildiz, A., Solmaz, İ., Ünek, C., Özkaya, O. ve Serçe, S., 2010, Determination of gene escape and fruit quality characteristics in transgenic melon (Cucumis melo L. var. inodorus), *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 34 (2), 135-143.

Michalakis, Y. ve Excoffier, L., 1996, A generic estimation of population subdivision using distances between alleles with special reference for microsatellite loci, *Genetics*, 142 (3), 1061-1064.

Ming, M., Ying, W., Qibing, L., Yihua, W. ve Zhijun, C., 2016, Identification and gene mapping of a yellow-leaf rice mutant ys94, *Crops*, 4, 41-46.

Mliki, A., Staub, J. E., Zhangyong, S. ve Ghorbel, A., 2001, Genetic diversity in melon (Cucumis melo L.): Anevaluation of African germplasm, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48 (6), 587-597.

Moing, A., Allwood, J. W., Aharoni, A., Baker, J., Beale, M. H., Ben-Dor, S., Biais, B., Brigante, F., Burger, Y., Deborde, C., Erban, A., Faigenboim, A., Gur, A., Goodacre, R., Hansen, T. H., Jacob, D., Katzir, N., Kopka, J., Lewinsohn, E., Maucourt, M.,

Meir, S., Miller, S., Mumm, R., Oren, E., Paris, H. S., Rogachev, I., Rolin, D., Saar, U., Schjoerring, J. K., Tadmor, Y., Tzuri, G., de Vos, R. C. H., Ward, J. L., Yeselson, E., Hall, R. D. ve Schaffer, A. A., 2020, Comparative Metabolomics and Molecular Phylogenetics of Melon (Cucumis melo, Cucurbitaceae) Biodiversity, *Metabolites*, 10 (3), 121.

Molla, M. R., Ahmed, I., Rahman, S., Hossain, M. A., Salam, M. A., Chowdhury, M. A. Z. ve Rohman, M. M., 2017, Genetic diversity among muskmelon (Cucumis melo L.) germplasm in Bangladesh as revealed by microsatellite markers, *African Journal of Agricultural Research*, 12 (44), 3203-3213.

Monforte, A., Garcia-Mas, J. ve Arús, P., 2003, Genetic variability in melon based on microsatellite variation, *Plant Breeding*, 122 (2), 153-157.

Monforte, A., Oliver, M., Gonzalo, M., Alvarez, J., Dolcet-Sanjuan, R. ve Arus, P., 2004, Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 108 (4), 750-758.

Monforte, A. J., Iban, E., Silvia, A. ve Pere, A., 2005, Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance, *Euphytica*, 144 (1), 31-38.

Monforte, A. J., Diaz, A., Cano-Delgado, A. ve van der Knaap, E., 2014, The genetic basis of fruit morphology in horticultural crops: lessons from tomato and melon, *Journal of Experimental Botany*, 65 (16), 4625-4637.

Monforte, A. J., 2017, The genetic control of fruit morphology in Cucumis melo L, In: V International Symposium on Cucurbits, Eds: GomezGuillamon, M. L., Fernandez, J. A. ve Alfocea, F. P., *Leuven 1*: Int Soc Horticultural Science, p. 1-3.

Morgante, M., De Paoli, E. ve Radovic, S., 2007, Transposable elements and the plant pan-genomes, *Current Opinion in Plant Biology*, 10 (2), 149-155.

Nalavade, R., Griesche, N., Ryan, D., Hildebrand, S. ve Krauss, S., 2013, Mechanisms of RNA-induced toxicity in CAG repeat disorders, *Cell death & disease*, 4 (8), e752-e752.

Nei, M. ve Roychoudhury, A. K., 1974, Sampling variances of heterozygosity and genetic distance, *Genetics*, 76 (2), 379-390.

Nei, M. ve Li, W. H., 1979, Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 76 (10), 5269-5273.

Nei, M., 1987, Molecular Evolutionary Genetics, Columbia University Press, p.

Nhi, P. T. P., Akashi, Y., Hang, T. T. M., Tanaka, K., Aierken, Y., Yamamoto, T., Nishida, H., Long, C. ve Kato, K., 2010, Genetic diversity in Vietnamese melon landraces revealed by the analyses of morphological traits and nuclear and cytoplasmic molecular markers, *Breed Sci*, 60 (3), 255-266.

Niklas, K. J., 1989, The effect of leaf-lobing on the interception of direct solar radiation, *Oecologia*, 80 (1), 59-64.

Omari, S., Kamenir, Y., Benichou, J. I. C., Pariente, S., Sela, H. ve Perl-Treves, R., 2018, Landraces of snake melon, an ancient Middle Eastern crop, reveal extensive morphological and DNA diversity for potential genetic improvement, *Bmc Genetics*, 19 (1), 34.

Oumouloud, A., Arnedo-Andrés, M. S., González-Torres, R. ve Álvarez, J. M., 2010, Inheritance of resistance to Fusarium oxysporum f. sp. melonis races 0 and 2 in melon accession Tortuga, *Euphytica*, 176 (2), 183-189.

Pan, Y., Wang, Y., McGregor, C., Liu, S., Luan, F., Gao, M. ve Weng, Y., 2020, Genetic architecture of fruit size and shape variation in cucurbits: a comparative perspective, *Theoretical and Applied Genetics*, 133 (1), 1-21.

Paris, H. S., Amar, Z. ve Lev, E., 2012a, Medieval History of the Duda'im Melon (Cucumis melo, Cucurbitaceae), *Economic Botany*, 66 (3), 276-284.

Paris, H. S., Amar, Z. ve Lev, E., 2012b, Medieval emergence of sweet melons, Cucumis melo (Cucurbitaceae), *Annals of Botany*, 110 (1), 23-33.

Paris, H. S., 2015, Origin and emergence of the sweet dessert watermelon, Citrullus lanatus, *Annals of Botany*, 116 (2), 133-148.

Paris, M. K., Zalapa, J. E., McCreight, J. D. ve Staub, J. E., 2008, Genetic dissection of fruit quality components in melon (Cucumis melo L.) using a RIL population derived from exotic × elite US Western Shipping germplasm, *Molecular Breeding*, 22 (3), 405-419.

Parvathaneni, R. K., Natesan, S., Devaraj, A. A., Muthuraja, R., Venkatachalam, R., Subramani, A. P. ve Laxmanan, P., 2011, Fingerprinting in cucumber and melon (Cucumis spp.) Genotypes using morphological and ISSR markers, *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 14 (1), 39-43.

Pasam, R. K., Sharma, R., Walther, A., Özkan, H., Graner, A. ve Kilian, B., 2014, Genetic Diversity and Population Structure in a Legacy Collection of Spring Barley Landraces Adapted to a Wide Range of Climates, *Plos One*, 9 (12), e116164.

Penha, H. A., Pereira, G. D. S., Zucchi, M. I., Diniz, A. L. ve Vieira, M. L. C., 2013, Development of microsatellite markers in sweet passion fruit, and identification of length and conformation polymorphisms within repeat sequences, *Plant Breeding*, 132 (6), 731-735.

Perchepied, L. ve Pitrat, M., 2004, Polygenic Inheritance of Partial Resistance to Fusarium oxysporum f. sp. melonis Race 1.2 in Melon, *Phytopathology*, 94 (12), 1331-1336.

Perchepied, L., Bardin, M., Dogimont, C. ve Pitrat, M., 2005, Relationship Between Loci Conferring Downy Mildew and Powdery Mildew Resistance in Melon Assessed by Quantitative Trait Loci Mapping, *Phytopathology™*, 95 (5), 556-565.

Pereira, L., Ruggieri, V., Pérez, S., Alexiou, K. G., Fernández, M., Jahrmann, T., Pujol, M. ve Garcia-Mas, J., 2018, QTL mapping of melon fruit quality traits using a high-density GBS-based genetic map, *Bmc Plant Biology*, 18 (1), 324.

Perin, C., Hagen, L. S., Giovinazzo, N., Besombes, D., Dogimont, C. ve Pitrat, M., 2002, Genetic control of fruit shape acts prior to anthesis in melon (Cucumis melo L.), *Mol Genet Genomics*, 266 (6), 933-941.

Perrier, X. ve Jacquemoud-Collet, J. P., 2006, DARwin software.

Phumichai, C., Phumichai, T. ve Wongkaew, A., 2015, Novel chloroplast microsatellite (cpSSR) markers for genetic diversity assessment of cultivated and wild Hevea rubber, *Plant Molecular Biology Reporter*, 33 (5), 1486-1498.

Piperno, D. R., Andres, T. C. ve Stothert, K. E., 2000, Phytoliths in Cucurbita and other Neotropical Cucurbitaceae and their Occurrence in Early Archaeological Sites from the Lowland American Tropics, *Journal of Archaeological Science*, 27 (3), 193-208.

Piperno, D. R., 2011, Patterns, Process, and New Developments

The Origins of Plant Cultivation and Domestication in the New World Tropics, *Current Anthropology*, 52 (S4), S453-S470.

Pitrat, M. ve Lecoq, H., 1984, Inheritance of zucchini yellow mosaic virus resistance in Cucumis melo L, *Euphytica*, 33 (1), 57-61.

Pitrat, M., 1991, Linkage Groups in Cucumis melo L, *Journal of Heredity*, 82 (5), 406-411.

Pitrat, M., 1998, Inheritance of resistance of three lines of muskmelon (Cucumis melo) to downy mildew (Pseudoperonospora cubensis). In: Cucurbitaceae: Evaluation and Enhancement of Cucurbit Germplasm, ASHS Press, Alexandria, VA.

Pitrat, M., Chauvet, M. ve Foury, C., 1999, DIVERSITY, HISTORY AND PRODUCTION OF CULTIVATED CUCURBITS, 21-28.

Pitrat, M., Hanelt, P. ve Hammer, K., 2000, Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon, *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510*, 29-36.

Pitrat, M., 2008, Melon, In: Vegetables I: Asteraceae, Brassicaceae, Chenopodicaceae, and Cucurbitaceae, Eds: Prohens, J. ve Nuez, F., *New York, NY*: Springer New York, p. 283-315.

Pitrat, M., 2012, Domestication and diversification of melon. Adana, University of Cukurova, Ziraat Fakultesi**:** 31-40.

Pitrat, M., Wipf-Scheibel, C., Besombes, D., Desbiez, C. ve Lecoq, H., 2012, Resistance of melon to Cucumber Vein Yellowing Virus (CVYV), *Cucurbitaceae 2012. Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, Antalya, Turkey, 15-18 October, 2012*, 157-164.

Pitrat, M., 2013a, Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (Cucumis melo), *Plant Biotechnology*, advpub.

Pitrat, M., 2013b, Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (Cucumis melo), *Plant Biotechnology*, 13.0813 a.

Pitrat, M., 2016, Disease Resistance in Melon and Its Modification by Molecular Breeding Techniques, In: Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops, Eds: Ezura, H., Ariizumi, T., Garcia-Mas, J. ve Rose, J., *Berlin, Heidelberg*: Springer Berlin Heidelberg, p. 175-197.

Pitrat, M., 2017, Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy, In: Genetics and Genomics of Cucurbitaceae, Eds: Grumet, R., Katzir, N. ve Garcia-Mas, J., *Cham*: Springer International Publishing, p. 25-60.

Poole, C. F., 1941, Inheritance of seed characters in watermelon, *J. Agr. Res.*, 63, 433-456.

Prasad, K. ve Norton, J. D., 1967, Inheritance of resistance to Mycosphaerella citrullina in muskmelon, *PROCEEDINGS OF THE AMERICAN SOCIETY FOR HORTICULTURAL SCIENCE*, 396-&.

Pritchard, J. K., Stephens, M. ve Donnelly, P., 2000, Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data, *Genetics*, 155 (2), 945-959.

Provvidenti, R., 1998, A source of a high level of tolerance to Squash mosaic virus in a melon from China, *Cucurbit Genet Coop Rep*, 21, 29-30.

Qi, J., Liu, X., Shen, D., Miao, H., Xie, B., Li, X., Zeng, P., Wang, S., Shang, Y., Gu, X., Du, Y., Li, Y., Lin, T., Yuan, J., Yang, X., Chen, J., Chen, H., Xiong, X., Huang, K., Fei, Z., Mao, L., Tian, L., Städler, T., Renner, S. S., Kamoun, S., Lucas, W. J., Zhang, Z. ve Huang, S., 2013, A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity, *Nature Genetics*, 45 (12), 1510-1515.

Raghami, M., López-Sesé, A. I., Hasandokht, M. R., Zamani, Z., Moghadam, M. R. F. ve Kashi, A., 2014, Genetic diversity among melon accessions from Iran and their relationships with melon germplasm of diverse origins using microsatellite markers, *Plant Systematics and Evolution*, 300 (1), 139-151.

Ramamurthy, R. K. ve Waters, B. M., 2015, Identification of fruit quality and morphology QTLs in melon (Cucumis melo) using a population derived from flexuosus and cantalupensis botanical groups, *Euphytica*, 204 (1), 163-177.

Reddy, D. C., Lakshamana, V., K, S., Reddy, A. C., Aswath, C., Avinash, K. N., Nandini, H. ve Sreenivasa Rao, E., 2016, Genetic diversity and population structure of Indian melon (Cucumis melo L.) landraces with special reference to disease and insect resistance loci, *Plant Breeding*, 135 (3), 384-390.

Rehman, A., Mehboob, S., Sohail, M., Gondal, A. S., Idrees, M. ve Ali, H., 2014, ESTIMATION OF GENETIC DIVERSITY OF PEA GERMPLASM AGAINST POWDERY MILDEW (ERYSIPHE PISI) DISEASE AND ITS

CHEMOSYNTHETIC MANAGEMENT, *Pakistan Journal of Phytopathology*, 26 (2), 309-313.

Renner, S. S., Schaefer, H. ve Kocyan, A., 2007, Phylogenetics of Cucumis (Cucurbitaceae): Cucumber (C. sativus) belongs in an Asian/Australian clade far from melon (C. melo), *Bmc Evolutionary Biology*, 7 (1), 58.

Renner, S. S. ve Schaefer, H., 2017, Phylogeny and Evolution of the Cucurbitaceae, In: Genetics and Genomics of Cucurbitaceae, Eds: Grumet, R., Katzir, N. ve Garcia-Mas, J., *Cham*: Springer International Publishing, p. 13-23.

Renner, S. S., Sousa, A. ve Chomicki, G., 2017, Chromosome numbers, Sudanese wild forms, and classification of the watermelon genus Citrullus, with 50 names allocated to seven biological species, *TAXON*, 66 (6), 1393-1405.

Risser, G., 1973, Etude de l'heredite de la resistance du melon (Cucumis melo) aux races 1 et 2 de Fusarium oxysporum f. melonis, *Annales de l'Amélioration des Plantes*.

Risser, G., 1977, ETUDE DE LA RESISTANCE DU MELON (CUCUMIS MELO L.) AU VIRUS DE LA MOSAIQUE DU CONCOMBRE.

Ritschel, P. S., Lins, T. C. d. L., Tristan, R. L., Buso, G. S. C., Buso, J. A. ve Ferreira, M. E., 2004, Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon (Cucumis meloL.), *Bmc Plant Biology*, 4 (1), 9.

Rivera, A., Mallor, C., Garcés-Claver, A., García-Ulloa, A., Pomar, F. ve Silvar, C., 2016, Assessing the genetic diversity in onion (Allium cepa L.) landraces from northwest Spain and comparison with the European variability, *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 44 (2), 103-120.

Robinson, R. W. ve Decker-Walters, D. S., 1997, Cucurbits, *Wallingford*, CAB INTERNATIONAL, p.

Rodrigo Gómez, S., Ornosa, C., Selfa, J., Guara, M. ve Polidori, C., 2016, Small sweat bees (Hymenoptera: Halictidae) as potential major pollinators of melon (Cucumis melo) in the Mediterranean, *Entomological Science*, 19 (1), 55-66.

Roy, A., Bal, S. S., Fergany, M., Kaur, S., Singh, H., Malik, A. A., Singh, J., Monforte, A. J. ve Dhillon, N. P. S., 2012, Wild melon diversity in India (Punjab State), *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59 (5), 755-767.

Sanjur, O. I., Piperno, D. R., Andres, T. C. ve Wessel-Beaver, L., 2002, Phylogenetic relationships among domesticated and wild species of Cucurbita (Cucurbitaceae) inferred from a mitochondrial gene: Implications for crop plant evolution and areas of origin, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 99 (1), 535-540.

Sanseverino, W., Hénaff, E., Vives, C., Pinosio, S., Burgos-Paz, W., Morgante, M., Ramos-Onsins, S. E., Garcia-Mas, J. ve Casacuberta, J. M., 2015, Transposon Insertions, Structural Variations, and SNPs Contribute to the Evolution of the Melon Genome, *Molecular Biology and Evolution*, 32 (10), 2760-2774.

Santos, L. d. S., Diniz, G. M. M., Gomes, R. F., Silva, E. H. C., Silva, A. J. d. ve Braz, L. T., 2019, Selection of melon genotypes with resistance to Didymella bryoniae using a diallel approach, *Acta Scientiarum. Agronomy*, 41.

Sari, N. ve Solmaz, I., 2007, FRUIT CHARACTERIZATION OF SOME TURKISH MELON GENOTYPES, 103-109.

Sarı, N., 2017, Characterization of Some Agronomic Traits and β-Carotene Contents of Orange Fleshed Altinbas Melon Dihaploid Lines, *Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics*, 3 (1), 12-18.

Sarı, N. ve Solmaz, I., 2018, TÜRKİYE KARPUZ VE KAVUN GENETİK KAYNAKLARI, p.

Saxena, R. K., Edwards, D. ve Varshney, R. K., 2014, Structural variations in plant genomes, *Briefings in Functional Genomics*, 13 (4), 296-307.

Schaefer, H., Heibl, C. ve Renner, S. S., 2009, Gourds afloat: a dated phylogeny reveals an Asian origin of the gourd family (Cucurbitaceae) and numerous oversea dispersal events, *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 276 (1658), 843-851.

Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2010a, A three-genome phylogeny of Momordica (Cucurbitaceae) suggests seven returns from dioecy to monoecy and recent long-distance dispersal to Asia, *Mol Phylogenet Evol*, 54 (2), 553-560.

Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2010b, A Gift from the New World? The West African Crop Cucumeropsis mannii and the American Posadaea sphaerocarpa (Cucurbitaceae) are the Same Species, *Systematic Botany*, 35 (3), 534-540, 537.

Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2011, Phylogenetic relationships in the order Cucurbitales and a new classification of the gourd family (Cucurbitaceae), *TAXON*, 60 (1), 122-138.

Schweinfurth, G., 1883, The Flora of Ancient Egypt1, *Nature*, 28 (709), 109-114.

Sebastian, P., Schaefer, H., Telford, I. R. ve Renner, S. S., 2010, Cucumber (Cucumis sativus) and melon (C. melo) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 107 (32), 14269-14273.

Sensoy, S., Büyükalaca, S. ve Abak, K., 2007, Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (Cucumis melo L.) based on phenotypic characters and RAPD markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54 (6), 1351-1365.

Sensoy, S. ve Sahin, U., 2012, Genetic relationships among various Sihke melon landraces, *Yüzüncü Yil Üniversitesi Journal of Agricultural Sciences*, 22 (3), 147-154.

Serres-Giardi, L. ve Dogimont, C., 2012, Cucurbitaceae 2012, *Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae. Antalya: Çukurova University*, 254-263.

Seymen, M., 2020, Çerezlik Kabakta (Cucurbita pepo L.) Kurağa Tolerant Genotiplerin Fizyolojik ve Agronomik Yöntemlerle Araştırılması, *SELÇUK UNIVERSITY*, THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK UNIVERSITY, 194.

Shete, S., Tiwari, H. ve Elston, R. C., 2000, On Estimating the Heterozygosity and Polymorphism Information Content Value, *Theoretical Population Biology*, 57 (3), 265-271.

Slatkin, M., 1995, A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies, *Genetics*, 139 (1), 457-462.

Smith, B. D., 1997, The Initial Domestication of Cucurbita pepo in the Americas 10,000 Years Ago, *Science*, 276 (5314), 932-934.

Solmaz, I., Kacar, Y. A., Simsek, O. ve Sari, N., 2016a, Genetic Characterization of Turkish Snake Melon (Cucumis melo L. subsp. melo flexuosus Group) Accessions Revealed by SSR Markers, *Biochemical Genetics*, 54 (4), 534-543.

Solmaz, I., Sari, N., Dogimont, C. ve Pitrat, M., 2016b, Evaluation of Turkish melon accessions for resistance to Fusarium wilt, downy mildew, powdery mildew, Cucumber mosaic virus and Zucchini yellow mosaic virus, 133-140.

Soltani, F., Akashi, Y., Kashi, A., Zamani, Z., Mostofi, Y. ve Kato, K., 2010, Characterization of Iranian melon landraces of Cucumis melo L. Groups Flexuosus and Dudaim by analysis of morphological characters and random amplified polymorphic DNA, *Breed Sci*, 60 (1), 34-45.

Song, Z.-C., Miao, H., Zhang, S., Wang, Y., Zhang, S.-P. ve Gu, X.-F., 2016, Genetic Analysis and QTL Mapping of Fruit Peduncle Length in Cucumber (Cucumis sativus L.), *Plos One*, 11 (12), e0167845.

Sousaraei, N., Ramshini, H., Lotfi, M. ve Sharzei, A., 2017, Marker assisted backcrossing for introgression of Fusarium wilt resistance gene into melon, *Euphytica*, 214 (1), 7.

Sugiyama, M., Ohara, T. ve Sakata, Y., 2007, Inheritance of Resistance to Cucumber Green Mottle Mosaic Virus in Cucumis melo L. ‘Chang Bougi&rsquo, *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, 76 (4), 316-318.

Swamy, K., 2017, Origin, distribution and systematics of culinary cucumber (Cucumis melo subsp. agrestis var. conomon), *Journal of Horticultural Sciences*, 12 (1), 1-22.

Szabó, Z., Gyulai, G., Humphreys, M., Horváth, L., Bittsánszky, A., Lágler, R. ve Heszky, L., 2005, Genetic variation of melon (C. melo) compared to an extinct landrace from the Middle Ages (Hungary) I. rDNA, SSR and SNP analysis of 47 cultivars, *Euphytica*, 146 (1), 87-94.

Szamosi, C., Solmaz, I., Sari, N. ve Bársony, C., 2010, Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (Cucumis melo L.) germplasm, *Scientia Horticulturae*, 124 (2), 170-182.

Şahin, U., 2008, Değişik sıhke kavun populasyonları arasındaki genetik varyasyonun fenotipik belirteçlerle karşılaştırılması, *Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*, 1-69.

Tadmor, Y., Burger, J., Yaakov, I., Feder, A., Libhaber, S. E., Portnoy, V., Meir, A., Tzuri, G., Sa'ar, U., Rogachev, I., Aharoni, A., Abeliovich, H., Schaffer, A. A., Lewinsohn, E. ve Katzir, N., 2010, Genetics of Flavonoid, Carotenoid, and Chlorophyll Pigments in Melon Fruit Rinds, *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58 (19), 10722-10728.

Taha, M., Omara, K. ve El Jack, A., 2003, Correlation among growth, yield and quality characters in Cucumis melo L, *Cucurbit Genetics Cooperative Report*, 26, 9-11.

Tanaka, K., Nishitani, A., Akashi, Y., Sakata, Y., Nishida, H., Yoshino, H. ve Kato, K., 2007, Molecular characterization of South and East Asian melon, Cucumis melo L., and the origin of Group Conomon var. makuwa and var. conomon revealed by RAPD analysis, *Euphytica*, 153 (1), 233-247.

Tanaka, K., Akashi, Y., Fukunaga, K., Yamamoto, T., Aierken, Y., Nishida, H., Long, C. L., Yoshino, H., Sato, Y.-I. ve Kato, K., 2013, Diversification and genetic differentiation of cultivated melon inferred from sequence polymorphism in the chloroplast genome, *Breed Sci*, 63 (2), 183-196.

Tanaka, K., Stevens, C. J., Iwasaki, S., Akashi, Y., Yamamoto, E., Dung, T. P., Nishida, H., Fuller, D. Q. ve Kato, K., 2016, Seed size and chloroplast DNA of modern and ancient seeds explain the establishment of Japanese cultivated melon (Cucumis melo L.) by introduction and selection, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 63 (7), 1237-1254.

Tang, M., Bie, Z.-l., Wu, M.-z., Yi, H.-p. ve Feng, J.-x., 2010, Changes in organic acids and acid metabolism enzymes in melon fruit during development, *Scientia Horticulturae*, 123 (3), 360-365.

Tanksley, S. D., 2004, The genetic, developmental, and molecular bases of fruit size and shape variation in tomato, *The plant cell*, 16 (suppl 1), S181-S189.

Temnykh, S., 2001, Computational and experimental analysis of microsatellite in rice (Oryza sativa L.): frequency, length variation transposon associations, and genetic marker potential, *Genome Research*, 11, 1141-1152.

Thomas, C. E., 1988, Inheritance of resistance to downy mildew in Cucumis melo, *Plant Disease*, v. 72 (no. 1), pp. 33-30-1988 v.1972 no.1981.

Thomas, C. E., McCreight, J. D. ve Jourdain, E. L., 1990, Inheritance of resistance to Alternaria cucumerina in Cucumis melo line MR-1, *Plant Disease*, 74 (11), 868-870.

Trimech, R., Zaouali, Y., Boulila, A., Chabchoub, L., Ghezal, I. ve Boussaid, M., 2013, Genetic variation in Tunisian melon (Cucumis melo L.) germplasm as assessed by morphological traits, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60 (5), 1621-1628.

Tschoeke, P. H., Oliveira, E. E., Dalcin, M. S., Silveira-Tschoeke, M. C. A. C. ve Santos, G. R., 2015, Diversity and flower-visiting rates of bee species as potential pollinators of melon (Cucumis melo L.) in the Brazilian Cerrado, *Scientia Horticulturae*, 186, 207-216.

Tsukaya, H., 2006, Mechanism of leaf-shape determination, *Annu. Rev. Plant Biol.*, 57, 477-496.

Tzitzikas, E. N., Monforte, A. J., Fatihi, A., Kypriotakis, Z., Iacovides, T. A., Ioannides, I. M. ve Kalaitzis, P., 2009, Genetic Diversity and Population Structure of Traditional Greek and Cypriot Melon Cultigens (Cucumis melo L.) Based on Simple Sequence Repeat Variability, 44 (7), 1820.

Ünlü, M., 2012, Kavun Yetiştiriciliği ve Islahının Ülkemizde ve Dünyadaki Durumu, *www.batem.gov.tr/yayınlar*.

Valadares, R. N., Melo, R. A., Sarinho, I. V., Oliveira, N. S., Rocha, F. A., Silva, J. W. ve Menezes, D., 2018, Genetic diversity in accessions of melon belonging to momordica group, *Horticultura Brasileira*, 36, 253-258.

van Zeist, W. ve de Roller, G. J., 1993, Plant remains from Maadi, a predynastic site in lower Egypt, *Vegetation History and Archaeobotany*, 2 (1), 1-14.

Vieira, M. L. C., Santini, L., Diniz, A. L. ve Munhoz, C. d. F., 2016, Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful, *Genetics and Molecular Biology*, 39 (3), 312-328.

Vishnu-Mittre, A., 1974, The beginnings of agriculture: Palaeobotanical evidence in India, In: Evolutionary Studies in World Crops, Eds: Hutchinson, J., *Cambridge, UK*: Cambridge University Press, p. 3-30.

Vogel, S., 2009, Leaves in the lowest and highest winds: temperature, force and shape, *New Phytologist*, 183 (1), 13-26.

Vural, H., Eşiyok, D. ve Duman, İ., 2000, Kültür sebzeleri: Sebze yetiştirme, Ege Üniversitesi, p.

Wang, S., Yang, J. ve Zhang, M., 2011, Developments of functional markers for Fom-2-mediated fusarium wilt resistance based on single nucleotide polymorphism in melon (Cucumis melo L.), *Molecular Breeding*, 27 (3), 385-393.

Wang, Y.-H., Thomas, C. E. ve Dean, R. A., 2000, Genetic mapping of a fusarium wilt resistance gene (Fom-2) in melon (Cucumis melo L.), *Molecular Breeding*, 6 (4), 379-389.

Wang, Y.-H., Wu, D.-H., Huang, J.-H., Tsao, S.-J., Hwu, K.-K. ve Lo, H.-F., 2016a, Mapping quantitative trait loci for fruit traits and powdery mildew resistance in melon (Cucumis melo), *Botanical Studies*, 57 (1), 19.

Wang, Y.-L., Gao, L.-Y., Yang, S.-Y., Xu, Y.-B., Zhu, H.-Y., Yang, L.-M., Li, Q., Hu, J.-B., Sun, S.-R. ve Ma, C.-S., 2018, Molecular diversity and population structure of oriental thin-skinned melons, Cucumis melo subsp. agrestis, revealed by a set of core SSR markers, *Scientia Horticulturae*, 229, 59-64.

Wang, Y. H., Wu, D. H., Huang, J. H., Tsao, S. J., Hwu, K. K. ve Lo, H. F., 2016b, Mapping quantitative trait loci for fruit traits and powdery mildew resistance in melon (Cucumis melo), *Botanical Studies*, 57.

Wasylikowa, K. ve van der Veen, M., 2004, An archaeobotanical contribution to the history of watermelon, Citrullus lanatus(Thunb.) Matsum. & Nakai (syn. C. vulgaris Schrad.), *Vegetation History and Archaeobotany*, 13 (4), 213-217.

Watanabe, K., SAITO, T., HIROTA, S., TAKAHASHI, B. ve FUJISHITA, N., 1991, Carotenoid pigments in orange, light orange, green and white flesh colored fruits of melon (Cucumis melo L.), *Nippon Shokuhin Kogyo Gakkaishi*, 38 (2), 153-159.

Webb, R. E., 1979, Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in Cucumis melo L. , *Hortscience*, 14, 265–266.

Weijschedé, J., Martínková, J., De Kroon, H. ve Huber, H., 2006, Shade avoidance in Trifolium repens: costs and benefits of plasticity in petiole length and leaf size, *New Phytologist*, 172 (4), 655-666.

Weinberger, K. ve Lumpkin, T., 2005, Horticulture for Poverty Alleviation - The Unfunded Revolution, *SSRN Electronic Journal*.

Weir, B. S. ve Cockerham, C. C., 1984, Estimating F-statistics for the analysis of population structure, *Evolution*, 1358-1370.

Whitaker, T. W. ve Davis, G. N., 1962, Cucurbits: botany, cultivation, and utilization, L. Hill, p.

Wolukau, J. N., Zhou, X.-H., Li, Y., Zhang, Y.-B. ve Chen, J.-F., 2007, Resistance to Gummy Stem Blight in Melon (Cucumis melo L.) Germplasm and Inheritance of Resistance from Plant Introductions 157076, 420145, and 323498, 42 (2), 215.

Xu, J., Liu, L., Xu, Y., Chen, C., Rong, T., Ali, F., Zhou, S., Wu, F., Liu, Y. ve Wang, J., 2013, Development and characterization of simple sequence repeat markers providing genome-wide coverage and high resolution in maize, *DNA research*, 20 (5), 497-509.

Xu, Y., 2010, Molecular plant breeding, CABI Publishing; CABI, p.

Yarşi, G. ve Sarı, N., 2006, Aşılı fide kullanımının sera kavun yetiştiriciliğinde beslenme durumuna etkisi, *alatarım*, 5 (2), 1-8.

Yashiro, K., Iwata, H., Akashi, Y., Tomita, K.-o., Kuzuya, M., Tsumura, Y. ve Kato, K., 2005, Genetic relationship among East and South Asian melon (Cucumis melo L.) revealed by AFLP analysis, *Breed Sci*, 55 (2), 197-206.

Yuan, X.-Y., Sun, Y.-W., Bai, X.-R., Dang, M., Feng, X.-J., Zulfiqar, S. ve Zhao, P., 2018, Population structure, genetic diversity, and gene introgression of two closely related walnuts (Juglans regia and J. sigillata) in Southwestern China revealed by EST-SSR markers, *Forests*, 9 (10), 646.

Yunli, W., Yangyang, W., Wenlong, X., Chaojie, W., Chongshi, C. ve Shuping, Q., 2020, GENETIC DIVERSITY OF PUMPKIN BASED ON MORPHOLOGICAL AND SSR MARKERS, *Pak. J. Bot*, 52 (2), 477-487.

Yuste-Lisbona, F. J., Capel, C., Gómez-Guillamón, M. L., Capel, J., López-Sesé, A. I. ve Lozano, R., 2011a, Codominant PCR-based markers and candidate genes for powdery mildew resistance in melon (Cucumis melo L.), *Theoretical and Applied Genetics*, 122 (4), 747-758.

Yuste-Lisbona, F. J., Capel, C., Sarria, E., Torreblanca, R., Gomez-Guillamon, M. L., Capel, J., Lozano, R. ve Lopez-Sese, A. I., 2011b, Genetic linkage map of melon (Cucumis melo L.) and localization of a major QTL for powdery mildew resistance, *Molecular Breeding*, 27 (2), 181-192.

Zalapa, J. E., Staub, J. E., McCreight, J. D., Chung, S. M. ve Cuevas, H., 2007, Detection of QTL for yield-related traits using recombinant inbred lines derived from exotic and elite US Western Shipping melon germplasm, *Theoretical and Applied Genetics*, 114 (7), 1185-1201.

Zhang, C., Pratap, A. S., Natarajan, S., Pugalendhi, L., Kikuchi, S., Sassa, H., Senthil, N. ve Koba, T., 2012, Evaluation of morphological and molecular diversity among South Asian germplasms of Cucumis sativus and Cucumis melo, *ISRN Agronomy*, 2012.

Zhang, Q.-d., Jia, R.-Z., Meng, C., Ti, C.-W. ve Wang, Y.-L., 2015, Diversity and population structure of a dominant deciduous tree based on morphological and genetic data, *Aob Plants*, 7.

Zhang, S., Mersha, Z., Vallad, G. E. ve Huang, C. H., 2016, Management of Powdery Mildew in Squash by Plant and Alga Extract Biopesticides, *Plant Pathology Journal*, 32 (6), 528-536.

Zhang, Y., Fan, X., Aierken, Y., Ma, X., Yi, H. ve Wu, M., 2017a, Genetic diversity of melon landraces (Cucumis melo L.) in the Xinjiang Uygur autonomous region on the basis of simple sequence repeat markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64 (5), 1023-1035.

Zhang, Y. B., Fan, X. B., Aierken, Y., Ma, X. L., Yi, H. P. ve Wu, M. Z., 2017b, Genetic diversity of melon landraces (Cucumis melo L.) in the Xinjiang Uygur Autonomous Region on the basis of simple sequence repeat markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64 (5), 1023-1035.

Zhu, Q. L., Gao, P., Wan, Y., Cui, H. N., Fan, C., Liu, S. ve Luan, F. S., 2018, Comparative transcriptome profiling of genes and pathways related to resistance against powdery mildew in two contrasting melon genotypes, *Scientia Horticulturae*, 227, 169-180.

Zink, F., 1985, Inheritance of resistance in muskmelon to Fusarium wilt, *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 110, 600-604.

Zuniga, T. L., Jantz, J. P., Zitter, T. A. ve Jahn, M. K., 1999, Monogenic Dominant Resistance to Gummy Stem Blight in Two Melon (Cucumis melo) Accessions, *Plant Disease*, 83 (12), 1105-1107.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Hasan CAN
Uyruğu : Türkiye Cumhuriyeti Vatandaşı
Doğum Yeri ve Tarihi : Akhisar/Manisa 22.02.1988
Telefon : 05542337730
Faks :
e-mail : hasancan194@yahoo.com.tr

EĞİTİM

Derece		**Adı, İlçe, İl**	**Bitirme Yılı**
Lise	:	Adnan Menderes Lisesi, Akhisar, Manisa	2006
Üniversite	:	Necmettin Erbakan Üniversitesi, Biyoloji Öğretmenliği Bölümü, Meram, Konya	2012
Yüksek Lisans	:	Selçuk Üniversitesi, Toprak Bilimi ve Bitki Besleme Bölümü, Selçuklu, Konya	2015
Doktora	:	Selçuk Üniversitesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Selçuklu, Konya	2020

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	**Kurum**	**Görevi**
2017-devam	Kırgızistan-Türkiye Manas Üniversitesi	Araştırma Görevlisi

UZMANLIK ALANI

Sebze Yetiştiriciliği ve Islahı

YABANCI DİLLER

İngilizce

YAYINLAR

(Doktora tezi ile ilgili yayın)

Construction, characteristics and high throughput molecular screening methodologies in some special breeding populations: a horticultural perspective

Dergi: Journal of Genetics (SCI)

Doi: https://doi.org/10.1007/s12041-019-1129-7