



T.C.
SELÇUK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KIRIKKALE YEREL KAVUN GEN KAYNAKLARININ
TOPLANMASI, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER
KARAKTERİZASYONU**

Nursal KOCA

DOKTORA TEZİ

BAHÇE BİTKİLERİ Anabilim Dalı

OCAK-2024
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

TEZ KABUL VE ONAYI

Nursal KOCA tarafından hazırlanan “**Kırıkkale Yerel Kavun Gen Kaynaklarının Toplanması, Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu.**” adlı tez çalışması 16/01/2024 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı’nda DOKTORA TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

İmza

Başkan

Prof. Dr. Önder TÜRKMEN

.....

Danışman

Prof. Dr. Mustafa PAKSOY

.....

Üye

Prof. Dr. Ertan Sait KURTAR

.....

Üye

Prof. Dr. Önder TÜRKMEN

.....

Üye

Doç. Dr. Ali Tefvik Uncu

.....

Üye

Dr. Öğr. Üyesi Hasan CAN

.....

Bu tez çalışması Bilimsel Araştırmalar Projeleri (BAP) tarafından 22211032 nolu proje ile desteklenmiştir.

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Ömer Faruk YÜKSEL
FBE Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

İmza

Nursal KOCA

Tarih:16 Ocak 2024

ÖZET

DOKTORA TEZİ

KIRIKKALE YEREL KAVUN GEN KAYNAKLARININ TOPLANMASI, MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Nursal KOCA

Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
BAHÇE BİTKİLERİ Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Mustafa PAKSOY
II. Danışman: Prof. Dr. Mustafa Türk

2024, 148 Sayfa

Jüri

Prof. Dr. Mustafa PAKSOY
Prof. Dr. Ertan Sait KURTAR
Prof. Dr. Önder TÜRKMEN
Doç. Dr. Ali Tefvik Uncu
Dr. Öğr. Üyesi Hasan CAN

Kırıkkale yerel kavun genotiplerinin morfolojik ve moleküler olarak karakterizasyonun yapılması ve ıslah çalışmalarına zemin hazırlaması amaçlanmıştır. Genetik materyaller, Kırıkkale'nin Bahşılı, Balışeyh, Çelebi, Delice, Keskin, Yahşıhan ilçeleri ile Ankara ve Kırşehir illerinden 2021 yılında elde edilmiş ve toplam 60 genotip incelenmiştir. Moleküler analizler, 10 SSR primer çifti ile 56 genotip üzerinden tamamlanmıştır. Fenotip değerlendirmeleri için güncelleştirilmiş Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği (UPOV) sertifika parametreleri baz alınarak; hipokotil uzunluğu, yaprak sap uzunluğu, yaprak en-boy, yaprak karakterleri, yaprak lobluluğu, yaprak rengi, yaprak taban şekli, çiçek cinsiyet tipi, dişi çiçek/erkek çiçek oranı, çiçek rengi, dişi organda tüylenme; meyve şekli, meyve kabuk rengi, meyve en ve boy oranı, meyve ağırlığı, meyve olgunlaşma süresi, tohum hilum şekli, tohum ağırlığı, tohum rengi tespit edilmiştir. İncelenen genotiplerde; yaprak lobluğu tüm genotiplerde aynı ve sığ, yaprak taban şekli bakımından da tüm genotiplerin kalp şeklinde, çiçek cinsiyeti ise andromonoik olarak gözlemlenmiştir. Hipokotil uzunluğu, yaprak genişliği, yaprak uzunluğu ve yaprak sap uzunluğu bakımından genotipler arasında benzerlik bulunmuştur. İncelenen genotipler; bitki özellikleri ile meyve özellikleri bakımından morfolojik özellikleri değerlendirilmesinde Temel Bileşen Analizi (PCA) ve Kümeleme analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, dendrogram incelendiğinde genotipler üç alt gruba ayrılmıştır. Çalışmada kullanılan SSR 10 markörlerden %40 Polimorfik bulunmuştur. Çalışılan genotipler genel olarak değerlendirildiğinde yüksek oranda birbiri ile benzerlik gösterdiği ve belirli oranda çeşitlilik gösterdiği saptanmıştır.

Anahtar Kelimeler: *Cucumis melo*, Morfolojik, Yerel genotip, Kırıkkale, Moleküler, SSR

ABSTRACT

Ph.D THESIS

COLLECTION, MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERISATION OF LOCAL MELON GENE RESOURCES IN KIRIKKALE

Nursal KOCA

THE GRADUATE SCHOOL OF NATURAL AND APPLIED SCIENCE OF SELÇUK
UNIVERSITY

THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE / DOCTOR OF PHILOSOPHY IN MECHANICAL
ENGINEERING

Advisor: Prof. Dr. Mustafa PAKSOY

II. Advisor: Prof. Dr. Mustafa Türk

2024, 148 Pages

Jury

Prof. Dr. Mustafa PAKSOY

Prof. Dr. Ertan Sait KURTAR

Prof. Dr. Önder TÜRKMEN

Doç. Dr. Ali Tevfik UNCU

Dr. Öğr. Üyesi Hasan CAN

It is aimed to characterize the local melon genotypes of Kırıkkale morphologically and molecularly, and to prepare the ground for breeding studies. Genetic materials were obtained from Bahşılı, Balışeyh, Çelebi, Çelebi, Delice, Keskin, Yahşıhan districts of Kırıkkale and Ankara and Kırşehir provinces in 2021 and a total of 60 genotypes are analysed. Molecular analyses are completed on 56 genotypes with 10 SSR primer pairs. For phenotype evaluations, based on the updated International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV) certificate parameters; hypocotyl length, stem length, leaf length and diameter, leaf characters, leaf lobularity, leaf color, leaf base shape, flower gender type, ratio of female/male flower, flower color, female organ pubescence; fruit shape, fruit skin colour, fruit length and diameter ratio, fruit weight, fruit ripening time, seed hilum shape, seed weight, seed colour were determined. In the genotypes examined; it is observed that leaf lobes are the same and shallow in all genotypes, all genotypes are heart-shaped in terms of leaf base shape, and flower gender is andromonoic. It is noticed that similarity is found out among the genotypes in terms of hypocotyl length, leaf width, leaf length and stem length. Analysed genotypes are subjected to Principal Component Analysis and Cluster Analysis in the evaluation of morphological characteristics in terms of plant characteristics and fruit characteristics. As a result of the analysis, when the dendrogram is examined, the genotypes were divided into three subgroups. It is found that 40% of the SSR 10 markers used in the study are polymorphic. When the genotypes studied are evaluated in general, it is determined that they are highly similar to each other and showed a certain amount of diversity.

Keywords: *Cucumis melo*, Morphological, Local genotype, Kırıkkale, Molecular, SSR,

ÖNSÖZ

Bu tez, Kırıkkale Yerel Kavun Gen Kaynaklarının Toplanması, Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu başlığını taşıyan ve Nursal KOCA tarafından hazırlanan bir doktora tezi olup, Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı'nda DOKTORA TEZİ olarak tamamlanan bir akademik çalışmanın ürünüdür. Bu uzun ve zorlu süreçte beni destekleyen birçok kişi ve kuruluş olduğunu belirtmek isterim.

Tez araştırması 2021 yılında yerel kaynakların toplanması ve arazi çalışması ile, 2022 yılında tez yazım sürecinin başlaması ve 2023 Aralık tarihinde ise tez yazımının tamamlanmasıyla bitmiştir. Bu süreç benim için sadece akademik değil, aynı zamanda kişisel bir büyüme fırsatı oldu. Bu süre zarfında, bu tezin tamamlanmasında büyük bir öneme sahip olan danışmanım Prof. Dr. Mustafa PAKSOY tarafından yönlendirildim. Prof. Dr. Mustafa PAKSOY'un bilgisi, mentorluğu olmadan, bu tez başarıya ulaşamazdı. Bu nedenle kendisine içten teşekkürlerimi sunarım. İkinci Doktora tez danışmanım Kırıkkale Üniversitesi Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi Biyosistem Mühendisliği Öğretim Üyesi Prof. Dr. Mustafa Türk'e de tezin yürütülmesi sürecinde katkılarından dolayı teşekkürlerimi sunarım.

Tez sürecimde beni destekleyen diğer öğretim üyelerine, üniversiteme de teşekkür etmek istiyorum. Tezin hazırlık sürecindeki değerli katkıları, görüşleri ve eleştirileriyle beni destekleyen çalışmamın kalitesini artırmam konusunda önemli bir katkı sağlayan ve beni daha iyi bir araştırmacı olma yolunda teşvik eden, Kırıkkale Üniversitesine, Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Öğretim Üyesi Prof. Dr. Önder Türkmen'e, tezin başarılı bir şekilde tamamlanması için değerli görüş ve önerilerini sunan ve Tez İzleme Komitesinde yer alan Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Öğretim Üyesi Prof. Dr. Ertan Sait Kurtar'a, Necmettin Erbakan Üniversitesi Ereğli Ziraat Fakültesi Dr. Öğr. Üyesi Hasan Can'a ayrıca, Kırıkkale Üniversitesi Veteriner Fakültesi Prof. Dr. Naim Deniz Ayaz'a, Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Doç. Dr. Nüket Bilgen'e, Kırıkkale Üniversitesi YÖK 100/2000 Doktora Bursiyeri Veteriner Hekim Erva Eser'e, Sakarya Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dr. Öğr. Üyesi Necibe Kayak'a teşekkürlerimi iletmek isterim.

Bu süreçte ailem ve dostlarımın maddi ve manevi verdiği destek de benim için son derece kıymetliydi. Onların sabrı, anlayışı ve motivasyonu olmadan, bu tez yazımı başarıyla tamamlayamazdım. Kendilerine minnettarlığımı sunarım. Son olarak, tez boyunca iş birliği yaptığım diğer araştırmacılar ve bu çalışmanın gerçekleştirilmesinde katkıda bulunan adını yazamadığım herkese teşekkür ederim.

Bu tez, gelecekte ıslah çalışmalarına ışık tutması ayrıca hem evrensel bilime hem de bölge ve ülke tarımına katkı sağlaması üzerine bir derinlik sunmayı hedeflemektedir. Umarım bu tez, ilgilenenlere bilgi ve anlayış sağlar, aynı zamanda gelecekteki çalışmalara katkıda bulunur.

Herkese ilginiz, rehberliğiniz ve desteğiniz için teşekkür eder, saygılar sunarım.

Nursal KOCA
KONYA-2024

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ABSTRACT.....	v
ÖNSÖZ	vi
İÇİNDEKİLER.....	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR	x
1. GİRİŞ.....	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	10
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	30
3.1. Morfolojik Çalışmalar.....	30
3.1.1. Araştırma Yeri	31
3.1.1.1. Araştırma Yeri Konumu	31
3.1.1.2. Araştırma Yerinin İklim Özellikleri	32
3.1.1.3. Araştırma Yerinin Toprak Özellikleri.....	33
3.1.2. Denemede Kullanılan Kavun Genetik Materyali.....	34
3.1.3. Toprak Hazırlığı ve Tohum Ekimi.....	36
3.1.4. Bakım İşlemleri.....	38
3.1.5. Güncelleştirilmiş UPOV Parametrelerine göre Yapılan Gözlem Ölçün	
Tartım ve Analizler	40
3.1.5.1. Hipokotil Uzunluğu	44
3.1.5.2. Yaprak karakterleri	44
3.1.5.3. Yaprak lobluluğu	44
3.1.5.4. Yaprak rengi	45
3.1.5.5. Yaprak en/boy indeksi	45
3.1.5.6. Yaprak taban şekli	46
3.1.5.7. Yaprak sapı uzunluğu	46
3.1.5.8. Çiçek cinsiyet tipi	47
3.1.5.9. Dişi çiçek/erkek çiçek oranı.....	47
3.1.5.10. Erkek çiçekte erkencilik.....	47
3.1.5.11. Dişi çiçekte erkencilik	48
3.1.5.12. Çiçek Rengi.....	48
3.1.5.13. Dişi organda tüylenme	48
3.1.5.14. Yumurtalık şekli	49
3.1.5.15. Meyve büyüklüğü	50
3.1.5.16. Meyve Şekli	50
3.1.5.17. Meyve Olgunlaşma zamanı	51
3.1.5.18. Baskın meyve kabuk rengi.....	51
3.1.5.19. Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi.....	52
3.1.5.20. Meyve uzunluğu	53
3.1.5.21. Meyve eni	53
3.1.5.22. Olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğu.....	53

3.1.5.23. Kabuk desen rengi (ikincil kabuk rengi).....	54
3.1.5.24. Kabuktaki ikincil renk dağılımı	54
3.1.5.25. Meyve sapı uzunluğu	54
3.1.5.26. Meyve sapı kalınlığı.....	54
3.1.5.27. Mühür büyüklüğü	55
3.1.5.28. Meyve eti kalınlığı	55
3.1.5.29. Kabuk kalınlığı	55
3.1.5.30. Meyve eti rengi	56
3.1.5.31. Meyve taban şekli	57
3.1.5.32. Meyve uç şekli	57
3.1.5.33. Meyvede suyundaki SÇKM (%).....	57
3.1.5.34. Meyvede pH.....	57
3.1.5.35. Tohum ağırlığı	57
3.1.5.36. Tohum hilum sonu şekli	58
3.1.5.37. Tohum rengi.....	58
3.2. Moleküler Çalışmalar	59
3.2.1. DNA İzolasyonu	59
3.2.2. Kavun DNA NanoDrop ölçüm sonuçları.....	62
3.2.3. SSR (Simple Sequence Repeat– Kısa Tekrar Bölgeleri) Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile Yükseltgenmesi.....	65
3.2.3.1. PCR bileşenleri, kullanılan miktarları ve konsantrasyonları	66
3.2.3.2. SSR bölgelerin Yeni Nesil Dizilemesi.....	68
3.3. Verilerin Değerlendirilmesi	71
4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA.....	72
4.1. Morfolojik Bulgular	72
4.1.1. Bitki Özelliklerine Ait Bulgular	72
4.1.1.1 Hipokotil Uzunluğu	72
4.1.1.2. Yaprak Karakterleri	73
4.1.1.3. Çiçek ve Yumurtalık Karakterleri.....	77
4.1.2. Meyve Karakterlerine Ait Bulgular	78
4.1.2.1 Meyve Ağırlığı.....	78
4.1.2.2. Meyve Uzunluğu ve Meyve Çapı	80
4.1.2.3. Meyve sap uzunluğu ve meyve sap kalınlığı	82
4.1.2.4. Meyve Et ve Meyve Kabuk Kalınlığı	83
4.1.2.5. Meyve Kabuk Rengi Karakterleri ve Meyve et rengi.....	84
4.1.2.6. Meyve Şekli	86
4.1.2.7. Meyve Olgunlaşma Zamanları.....	87
4.1.2.8. Meyve SÇKM ve pH	91
4.1.2.9. Bazı Tohum Özellikleri	92
4.1.3. Morfolojik Özelliklerin İstatistik Değerlendirilmesi	94
4.1.3.1. Morfolojik Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi.....	94
4.1.3.2. Morfolojik Özelliklerin Temel Bileşen (PCA) Analizi	96
4.1.4. Meyve Özelliklerin İstatistik Değerlendirmesi.....	103
4.1.4.1. Meyve Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi	103
4.2. Moleküler Karakterizasyon Bulguları	107
4.2.1. Genetik Çeşitlilik Analizi	107
4.2.2. Kavun Genotiplerinde Moleküler Ölçümlere Göre Oluşan Dendogramın Değerlendirilmesi.....	108

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	113
5.1. Sonuçlar	113
5.2. Öneriler	117
KAYNAKLAR	118
EKLER	125
ÖZGEÇMİŞ	137



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

%	:	Yüzde
°C	:	Santigrat derece
µl	:	Mikrolitre
♀	:	Dişi
♂	:	Erkek
Brix	:	Sulu bir çözeltideki çözünmüş şeker derecesi
cm	:	Santimetre
da	:	Dekar
dk	:	Dakika
g/l	:	Gram/litre
g	:	Gram
kg	:	Kilogram
m/s	:	Metre/saniye
m	:	Metre
m ²	:	Metrekare
mg	:	Miligram
ml	:	Mililitre
mm	:	Milimetre
ng/µl	:	Nanogram/mikrolitre
pH	:	Potansiyel Hidrojen
ppm	:	Milyonda bir birimi ifade eder. 1 ppm=10 ⁶ mg/litre
rpm	:	Dakikadaki devir sayısı
sn	:	Saniye

Kısaltmalar

A	:	Adenin
ABD	:	Amerika Birleşik Devletleri
AFLP	:	Amplified Fragment Length Polymorphism
C	:	Sitosin
CBDP	:	CAAT-box derived polymorphism
CEAP	:	Cis-element amplified polymorphism
Conc.	:	Konsantrasyon
CTAB	:	Setil Trimetilamonyum Bromür
ddH ₂ O	:	Double distilled water
DNA	:	Deoksiribonükleik asit
dNTP	:	DNA nükleotid bazları
EST	:	Expressed sequence-tag
G	:	Guanin
GBS	:	Genotyping by Sequencing
IGV	:	Integrative Genomic Viewer
IPGRI	:	Uluslararası bitki genetik kaynakları Enstitüsü
ISSR	:	Inter-Simple Sequence Repeat
KZRY	:	Kabuk Zemin Rengi Yoğunluğu
L.	:	Lineus
Maks.	:	Maksimum
MgCl ₂	:	Magnezyum Klorür
Min.	:	Minimum

mRNA	:	Messenger Ribonükleik asit
NaCL	:	Sodyum klorür
NGS	:	Next Generation Sequencing
PCA	:	Temel bileşen analizi
PCR	:	Polymerase Chain Reaction- (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
PIC	:	Polymorphism information contents
QTL	:	Quantitative trait loci
RAPD	:	Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Arttırılmış Polimorfik Dna)
SCoT	:	Start Codon Targeted
SÇKM	:	Suda çözünür kuru madde miktarı
SNP	:	Single nucleotide polymorphism (Tek nükleotid polimorfizmi)
SPSS	:	Statistical Package for the Social Sciences
SRAP	:	Sequence-related amplified polymorphism (sekansla ilişkili amplifiye polimorfizm)
SSR	:	Simple Sequence Repeats
STR	:	Short Tandem Repeats
T	:	Timin
TBA	:	Temel Bileşen Analizi
UPGMA	:	Unweighted Pair Group Method
UPOV	:	Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerinin Korunması Birliği
Var.	:	Varyete

1. GİRİŞ

Türkiye pek çok bitki türü için yerel gen kaynağı durumundadır. Bunun yanında pek çok tür içinde yerleşmiş bir genetik çeşitliliğe sahip olmuştur. Bunun pek çok nedeni olmakla birlikte Anadolu'da farklı kültürlerin birlikte yaşadığı dolayısı ile farklı inanç ve yeme alışkanlıklarına sahip olmaları, ekolojik zenginlik ve tarih boyunca ticaret yolları üzerinde olması genetik çeşitliliğe neden olmuştur. Ancak çevresel ve diğer nedenlerden dolayı mevcut genetik kaynaklar gün geçtikçe erozyona uğramakta ve yok olması tehlikesiyle karşı karşıya kalmaktadır. Sürdürülebilir tarımsal üretim için genetik kaynakların çeşitliliğinin derlenmesi, tanımlanması, amacına uygun olarak korunması ve dolaylı veya doğrudan kullanıma sunulması çok önemli olmaktadır. Bu amaçla, pek çok ülkede olduğu gibi Türkiye'de de bitki genetik kaynakları ile ilgili derleme tanımlama ve muhafaza çalışmaları devam etmektedir.

Cucurbitaceae familyasına ait bitki türleri ülkemiz sebze tarımında oldukça önemli yere sahiptir. Bu türler içerisinde ülkemiz açısından ekonomik anlamda oldukça önemli bir yer tutan kavun bitkisi de yer almaktadır Robinson ve ark. (2023). Cucurbitaceae ailesine ait pek çok tür için Anadolu primer veya sekonder gen merkezleri arasında yer almaktadır. Bu bağlamda Anadolu'da kavun başta olmak üzere Cucurbitaceae ailesinden pek çok türde yerel gen kaynakları ile ilgili çalışmalar yapılmış ve yapılmaktadır. Bu çalışmaların devamlılık arz etmesi hem yerel gen kaynaklarının erozyona uğrama riskini ortadan kaldırmakta hem de kavun örneğinde olduğu gibi bitkinin çiçek yapısı ve döllenme biyoloji göz önüne alındığında doğal yollardan yeni oluşabilecek kombinasyonların kayıt altına alınması açısından son derece önemlidir.

Bitki genetik kaynakları, genetik çeşitlilik için önemli kaynak niteliğinde olup, bir bitki türünün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliği o türün genetik zenginliğini göstermektedir. Bu kaynaklar, yerel çeşitler olarak nitelendirilen köy popülasyonları; bunların yabani akrabaları, artık günümüzde kullanılmayan eski çeşitler ve kalıtsal özellikleri kesin olarak belirlenmiş hatlardan oluşmaktadır. Özellikle günümüzden 10000 yıl öncesinde bitkilerin kültüre alınan yerel çeşitleri arasında gözlenen genetik çeşitlilik, aynı zamanda farklı yerel koşullara adaptasyon yeteneğini yansıttığından, bu türlerin evrimsel potansiyellerinin korunması ve ıslah çalışmalarında kullanılması yönünden önem taşımaktadır. Bitki türlerinin değişen çevre koşullarına adaptasyon sağlayabilmesi için, genetik çeşitliliğe sahip olması gerekmektedir. Bitki genetik kaynakları, aynı zamanda, içerdikleri genetik çeşitlilik nedeniyle son yıllarda hızla ilerleme kaydeden biyoteknoloji alanında, üstün nitelikli bitki çeşitlerinin geliştirilmesi için gerekli hammadde özelliği taşımaktadır (Altındal ve Akgün, 2015).

Yerel çeşitlerin tanımını net bir şekilde ortaya koymak zor olmasına rağmen iki farklı şekilde açıklanmaktadır. İlki, farklı özellikler kazanmış, genellikle genetik farklılıklar gösteren, ıslah edilmemiş, yerel olarak uyum kabiliyeti sağlamış, geleneksel tarım sistemi ile birleşmiş, tarihsel geçmişi olan ve tarımı yapılan bitkilerin dinamik popülasyon(ları) şeklinde tanımlanmaktadır. İkincisi ise tohumla üretilen bir bitkinin yerel çeşidi, çoğunlukla yerel bir adı olan, tanınabilir değişken bir popülasyon olarak ifade edilmektedir. Bitki ıslah yöntemleri uygulanmamış olan yerel çeşitler, tarımı yapılan yörenin ekolojik özelliklerine özel adaptasyonu (biyotik ve abiyotik streslere tolerans) ile karakterize edilmektedir (Taş ve ark., 2017).

Yerel çeşitler, modern çeşitlerin elde edilmeden önce üreticilerin tamamen kendilerinin yetiştirdiği ve her yıl elde ettikleri tohumları kullanarak yeni tohumları ürettikleri genetik materyallerdir. Üretilen bu tohumlar farklı bir genetik özellik gösterdiğinden bu çeşitler oldukça önemli genetik kaynaklardır. Bu kaynakların diğer önemli bir yönü ise sadece çok az küçük üreticilerin elinde bulunmaktadır veya gen bankalarında saklanmaktadır (İlhan, 2017).

Anadolu’da farklı ekolojik koşullar altında canlılığını devam ettiren genetik kaynakların uyum kabiliyetleri oldukça yüksektir. Bu genetik kaynakların abiyotik ve biyotik stres şartlarına toleranslı yeni çeşitlerin elde edilmesi amacıyla ıslah çalışmalarında kullanılması önemli olmaktadır. Fakat ıslah çalışmalarına dahil edilmeden önce genetik materyallerin morfolojik, fenolojik, moleküler ve biyokimyasal karakterizasyonu çalışılarak sahip oldukları özelliklerin ortaya konması gerekmektedir. Bu nedenle arazi ve tohum gen bankalarında genetik materyalin korunmasının dışında karakterizasyonunun da tamamlanmış olması gerekmektedir (Kamber ve Balık, 2022).

Genetik varyasyon, bir türün sahip olduğu farklı popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği tanımlamaktadır (Ramanatha Rao ve Hodgkin, 2002). Genetik varyasyon ve dağılımı, analizi, bitkilerdeki çeşitli biyolojik olayların moleküler esasının ortaya konmasına, bu çeşitliliğin muhafaza edilmesine çalışılan bitki türlerinin sınıflandırılmasına ve kökeni hakkında bilgi edinilmesinde fayda sağlamaktadır. Değişik bitki genotipleri önemli tarımsal özellikler bakımından çeşitlilik barındırmaktadır. Bu çeşitlilik, bitki ıslah çalışmaları ile yeni çeşitlerin elde edilmesinde ileri seviyede seçenekler sunmaktadır (Govindaraj ve ark., 2015). Ayrıca, moleküler teknikler aracılığıyla yürütülen filogenetik ve evrimsel çalışmalar, tür içi ve türler arasındaki genetik varyasyonun dağılımı ve kapsamı hakkında geniş bilgiler vermektedir (Öztürk ve ark., 2021)

Genetik kaynakların varlığı, toplanması ve korunmasının yanı sıra, genetik kaynakların ıslah ve tarımda kullanılabilirliği de önemlidir. Yerel çeşitler çoğunlukla kalite özellikleri

yüksek, yöre ile uyum içinde olan bireylerin seçimi ve birbirini izleyen nesillerde seleksiyon yoluyla devam edilip seçilen bireylerde yetiştiriciliğin sürdürülmesi ile ortaya çıkmaktadır. Yerel çeşitler, ıslah çalışmalarında önemli olması ve kültür çeşitleri ile melezlenebilmesi nedeniyle oldukça önemli görülmektedir (Dal ve ark., 2017).

Bitki genetik kaynakları, özellikleri belirlenmiş kültür bitkilerini ve bunların yabani akrabalarını bünyesinde toplaması nedeniyle ıslah çalışmaları açısından vazgeçilmez bir değere sahiptir. Yerel gen kaynakları, çeşit ıslah çalışmalarının başarıya ulaşmasında en önemli faktörlerden birisi olan fenotipik varyasyonun temelini oluşturmaktadır. Ülkemiz, bitki genetik kaynakları ve genetik çeşitlilik açısından dünyanın eşsiz ve önemli ülkelerinden birisidir (Karaağaç ve Balkaya, 2017).

Kavun (*Cucumis melo* L.), ilk defa 1753 yılında Linne tarafından bir sebze türü olarak belirtilmiştir. Kavun Cucurbitaceae familyasının 825 türünden biri olup, tek yıllık otsu, tüylü sürüngen bir gövdeye, sarılcı kollara, oldukça büyük, yuvarlak veya kalp şeklinde yapraklara ve 3-5 adet ana sürgüne sahip olan, hoş kokulu, aromalı, hoş lezzetli, genellikle oval ya da yuvarlak biçimli, sarı, yeşilimsi sarı ya da pembemsi turuncu etli yapılı, bol sulu iri bir meyve olarak tanımlamıştır. Ayrıca, kavun morfolojik çeşitlilik bakımından en zengin türlerden birisi olup $2n=24$ kromozoma sahiptir. (Guliyev ve ark., 2018).

Gen merkezi geniş bir alanı kapsayan kavun, Cucurbitaceae (kabakgiller) familyasının Cucumis cinsinden tek yıllık otsu bir bitki olan ve birçok farklı alt türleri içeren ve ekonomik anlamda değerli olan bir türdür. Cucurbitaceae familyasının içinde kültüre alınan birçok kavun tipleri bulunmaktadır. Bu türler yaprak, bitki ve meyve karakterleri bakımından çok fazla morfolojik çeşitlilik göstermektedir (Ermiş ve Aras, 2017). Bu nedenle birçok bölgede üretici ve tüketici isteklerine uygun, uzun yıllar yetiştiriciliği yapılan gerek yörenin ekolojik ve toprak özelliklerinin etkisiyle gerek kavun bitkisinin açık tozlanma özelliği nedeniyle zamanla yöreyle özdeşleşip köy popülasyon özelliği kazanmış birçok kavun tipleri oluşmuştur.

Kavunun kültüre alınma tarihi, Afrika ve Asya'da aynı zamana denk gelmesi sebebiyle bir fikir birliği sağlanamamış ve hala tartışılmaktadır. Genellikle kültüre alınan kavunların iki yerel tür olan *C. melo* ssp. *melo* ve *C. melo* ssp. *meloides*'den orjin aldığı bilinmektedir. Meloides alt türü Afrika'da çoğunlukla yetişmiş ve Sudan bölgesinde büyüyen 'Tibish' ve 'Fadasi' kavunlarına menşei oluşturmuştur. Diğer alt tür melo ise Asya ile sınırlı kalmasına rağmen dünya çapında yetiştirilen tüm modern çeşitlerin ortaya çıkmasına katkı sağlamıştır (Chomicki ve ark., 2020). Asya kavunları ayrıca yabani kavun olarak da bilinen *C. melo* alt türü *agrestis* çeşitlerini de içerir (Lian ve ark., 2021). *Agrestis*'ten 5 tür ve kavundan 11 tür olmak üzere 16 taksonun iki alt tür arasında paylaşıldığı bilinirken, yakın tarihli bir çalışmada bu sayı 19 olarak bildirilmiştir (Xu ve ark., 2022).

Farklı coğrafik bölge kaynaklı yabani ve kültüre alınan birçok kavun tipi mevcuttur. Cucumis cinsine giren yabani türlerin daha çok Afrika'da yaygın görüldüğü, kavunun anavatanının burası olduğu; Asya'nın Türkiye'den Japonya'ya kadarki kısmının ise ikincil gen merkezi olabileceğini belirtmişlerdir (Pitrat ve ark., 2000). Pitrat (2017), kavunun genetik kaynakları araştırmasında fenotipik ve bahçe bitkileri taksonomisi kitabında kavunu 19 alt grubu ayırmıştır. Bunları; *C. melo* var. *agrestis*, *C. melo* var. *kachri*, *C. melo* var. *chito*, *C. melo* var. *tibish*, *C. melo* var. *acidulus*, *C. melo* var. *momordica*, *C. melo* var. *conomon*, *C. melo* var. *makuwa*, *C. melo* var. *chinensis*, *C. melo* var. *flexuosus*, *C. melo* var. *chate*, *C. melo* var. *dudaim*, *C. melo* var. *chandalak*, *C. melo* var. *indicus*, *C. melo* var. *ameri*, *C. melo* var. *cassaba*, *C. melo* var. *ibericus*, *C. melo* var. *inodorus*, *C. melo* var. *cantalupensis* olarak gruplandırmıştır.

Kavun, Türkiye tarımı açısından son derece önemli bir sebze türüdür. Çok sayıda kültür ve yerel çeşit varlığı göstermesi birçok yerde ve geniş alanlarda yaygın olarak yetiştiriciliği yapılmasına imkân sağlamaktadır (Ece, 2017).

Dünyada kavun üretim miktarı 1,2 milyon hektar alanda yaklaşık 32 milyon tona ulaşmıştır. Türkiye ise 1.587.2301 tonluk (TÜİK, 2022). üretim miktarına ulaşmakta ve dünya kavun üreticisi ülkeler arasında Çin'den 13.865.368 ton sonra ikinci sırada yer almaktadır (FAO, 2022). Türkiye'de kavun yetiştiriciliği bölgesel bazlı incelendiğinde Orta Anadolu, Ege, ve Akdeniz bölgeleri; iller bazında incelendiğinde Denizli 126.433 ton, Konya 117.159 ton, Adana 116.101 ton (TÜİK, 2022) illeri üretimde ön plana çıkmaktadır. Türkiye'de kavun üretimi genellikle açık arazi koşullarında yapılmaktadır. Bununla birlikte sıcak iklim bölgelerinde hem alçak tünellerde hem de seralarda ilkbahar yetiştiriciliği şeklinde üretilmektedir.

Anadolu'da göç ve ticaret gibi faktörler genetik çeşitlilikte etkili olmaktadır. Kavun, zengin genetik açılmaya ve yabancı tozlaşan bir bitki türü olması nedeniyle doğal birçok farklı

varyantı ortaya çıkmaktadır. Farklı ekolojik ortamlarda hayatta kalabilen bitkiler döllenerek yerel stres koşullarına uyum kabiliyeti yüksek yerel popülasyonların ortaya çıkmasına seleksiyonun neden olduğunu ifade edilmektedir (Kuşvuran ve ark., 2012).

Tarımsal üretimin artırılması için yeni çeşitlerin geliştirilmesi, aynı zamanda hammadde durumundaki doğal (yabani) bitki türlerinin erozyona uğratılmadan gelecek nesillere aktarılması için var olan bitkisel kaynakların saklanması ve korunması sağlanarak olabilmektedir (Balkaya ve Yanmaz, 2001). Bu nedenle yöresel genetik materyalin derlenmesi ve muhafazası çok önemli bir basamak olmaktadır (Krasteva, 2000).

Bitki genetik kaynakları var olan eski yerel çeşitler ve bunların yabani akrabaları olmak üzere iki bölümde toplanmaktadır. Eski yerel çeşitler ve popülasyonlar, bulundukları bölgelerin üç esas ekolojik kaynağına iklim, toprak ve su faktörlerine geçmişten günümüze kadar getirdikleri yüksek adaptasyonlarının yanı sıra hastalık ve zararlılar gibi biyotik etmenlere karşı direnç gösterdikleri içinde önemli görülmektedir. Ayrıca, birçok kalite unsurlarında (renk, tat, koku, irilik vs.) bünyelerinde taşımaktadırlar. Bu tip kaynakların kullanılması ile hastalıklara ve zararlılara, abiyotik stres faktörleri (tuzluluk, kuraklık vs.) ve birçok çevresel olayların oluşturduğu koşullara dirençli ve/veya tolerant genotipler elde edilmektedir. Ayrıca şu anda tanımlanmayan ancak ilerleyen yıllarda ortaya çıkabilecek ihtiyaçlar için de önemli bir kaynak oluşturmaktadırlar (Kaya, 2020).

Kavun gruplarının çeşitliliği, benzerliği ve ayırt edici morfolojik özelliklerinin belirlenmesi üzerine yapılan bir çalışmada, kavunların çeşitliliği ve benzerliğinin tespiti, kalitatif ve kantitatif karakterlerin aracılığıyla ortaya konmaktadır. Çevreden daha az etkilenen ve majör genler tarafından kontrol edilen kalitatif karakterler, kavun bitkileri arasındaki karakterlerin ayırt edilmesinde önemli bir unsur olmaktadır. Ayrıca kantitatif karakterler çevreden çok fazla etkilenip ve küçük genler aracılığıyla kontrol edildiğini ifade ettikleri için yetiştirme ortamı kavunların çeşitliliğini ve benzerliğini de etkilemektedir. Kalitatif karakterler için kavun genotipinde ayırt edici karakterlerin meyvenin şekli, kabuk rengi ve et rengi olduğunu belirtmektedir. Belirtilen ayırt edici özelliklerdeki farklılıkların, çeşitlerin genetik geçmişlerine dayandığını öne sürülmektedirler. (Saputra ve ark., 2022).

Modern kavun çeşitlerinde gözlenen fenotipik çeşitliliğin, üretici tercihiyle bağlı olarak farklılık gösterebildiği ve modern kavunların yabani kavunlardan daha polimorfik olduğu ifade edilmektedir. Bu çeşitliliğin meyve iriliği ve şekli, meyve dış kabuğu birincil ve ikincil rengi, uniform renk/benekli/çizgili, dilimli/dilimsiz, çitili, pütürlü, meyve et rengi, tatlı/tatsız, tekstürü etli/sulu/sıkı/gevrek, aromatik/aromasız, 5 plasenta/3 plasenta, tohum iriliği, tohum özellikleri,

çiçek yapısı, yaprak karakterleri, hastalık ve zararlı dayanımı gibi karakterlere göre gruplandırılabilceği belirtilmektedir (Pitrat, 2012).

Uzun yıllardır, tarımsal faaliyet uygulamaları yetişen ürünlerin genetik modifikasyonunu, hızlı büyüme, daha iri tohumlar veya kültür bitki türlerinin özelliklerini yabancı akrabalardan farklılaştıran özelliklerin seçilmesi yoluyla sağlanmaktadır. Genetik çeşitliliğin dağılımı konusunda güvenilir bilgi, ıslah ve koruma programları için birincil şarttır. Bir türün veya popülasyonun genetik varyasyonu, alanda veya laboratuvarındaki moleküler ve diğer markörler incelenerek değerlendirilmektedir. Moleküler markörler, genomun spesifik lokasyonlarında bulunan tanımlanabilir DNA sekansları olup ve bir özellik veya bağlantılı genin kalıtımı ile bağlantılıdır (Kar, 2019).

Bitkiler arasındaki akrabalık ilişkilerini belirlemede kullanılan geleneksel markörler, morfolojik markörlerdir. Herhangi bir tür içindeki bitki ya da bitki gruplarını diğerlerinden ayıran herhangi bir özellik, o tür için bir morfolojik markör olarak değerlendirilmektedir (Staub ve ark., 1996). Yetiştiriciliği yapılan türler içerisinde bulunan varyasyonların bilinmesi ve bu varyasyonun dağılışı durumu ıslah programlarının uygulanması açısından çok önemli görülmektedir (Ermiş ve Aras, 2017).

Gen kaynağının kullanılabilmesi için kültüre alınmış türlerin ve bunların yabancı akrabalarının genetik çeşitliliğin dağılımı ve yayılımının detaylıca bilinmesi gerekmektedir. Bu ise DNA polimorfizmine dayanan teknolojilerin kullanılmasını içeren bazı yöntemler aracılığıyla daha etkin başarılabilmektedir. DNA moleküler belirteçleri (DNA işaretleyicileri), çeşitler arasındaki değişiklikleri ve benzerliklerin saptanması veya ebeveynler ile çeşitler arasındaki farklılıkların ve benzerliklerin tespit edilmesi oldukça geniş alanda kullanılmaktadır (Ulukapı ve Onus, 2013).

Elde edilen yerel genetik kaynaklar moleküler çalışmalarla istenilen özelliğe sahip genotiplerin tespit edilmesi, ıslah alanında önemli gelişmelerin olmasını sağlamıştır. Moleküler biyoloji çalışmaları 1990'dan beri hızlı bir gelişme göstermektedir. Yaşanan gelişme sayesinde ıslah hedeflerine yönelik uygulamalardan yararlanarak ıslah sürecinin hızlandırılması ve etkinliğinin artırılmasına olanak sağlanmıştır (Yorgancılar ve ark., 2015).

Geniş ve kapsamlı kullanım olanağı bulunan moleküler uygulamalar genel olarak, genomik yaklaşımlarla kalitatif veya kantitatif nitelikteki agronomik özelliklerin genetik mekanizmasının açıklanmasında, gen bölgelerinin ve genlerin tespitinde, agronomik özelliklerle ilişkili markörlerin belirlenmesinde kullanılmaktadır. Geliştirilen bu moleküler markörler ile gen kaynaklarının taranması, ıslah sürecinde ilgili özelliği genetik olarak taşıyan bireylerin seçimi ve ıslah çalışmalarının bu bilgiler ışığında sürdürülmesi mümkün olmaktadır

(Sarıkamış, 2014). Moleküler markör yöntemleri DNA molekülündeki polimorfik bölgelerin belirlenmesi prensibiyle açıklanmaktadır. Popülasyonda herhangi bir genin veya özelliğin birden fazla formu bulunuyorsa o gen ya da fenotipik özellik polimorfik olarak belirtilmektedir.

Hedeflenen ıslah çalışmalarında, elde edilen gen havuzundaki genotiplere ait varyasyonun bilinmesi özellikle hibrit çeşit elde edilmesi amaçlandığında çok önemli olmakta ayrıca gen havuzunda birbirinden oldukça uzak akrabalık derecesine sahip genotiplerin varlığı hibrit çeşit elde etme şansını artırmaktadır (Sönmez ve ark., 2015).

Yerel çeşitlerin değerlendirilmesi, ya doğrudan bu çeşitlerin yetiştiriciliğinin ve tüketiminin teşvik edilmesi ya da dolaylı olarak bu çeşitlerin yeni çeşitler geliştirmek üzere yürütülen ıslah çalışmalarında etkin olarak kullanılması ile gerçekleştirilebilir (İnal, 2002).

Sınıflandırmaların çoğu morfolojik ve moleküler özelliklere dayanmaktadır. Çiçek ve meyve özellikleri (cinsiyet ifadesi, meyve boyutu ve şekli, meyve kabuğu rengi, pH, et rengi, tat, aroma, şeker bileşimi, tohum boyutu ve şekli) gibi morfolojik özellikler geçtiğimiz yüzyıllarda kavun çeşitlilik analizi için kullanılmıştır. Daha sonra, bilim adamları bu fenotipik ve biyokimyasal özellikleri (pH, Toplam Çözünabilir Katılar, Askorbik asit içeriği, Titre edilebilir asitlik) moleküler araçlarla genotipik değişkenlik ile ilişkilendirir Genellikle kavun çeşitlilik analizi için kullanılan moleküler araçlar RAPD, RFLP, AFLP, SSR markörleri ve SNP Polimorfizmidir. Kavun çeşitliliği ile ilgili bir araştırmada, kavun meyveleri, kavunun piyasa değerine yansıyan biçim, şekil, kabuk karakterleri, et rengi, et kalınlığı, tatlılık, çekirdek boşluğu, çekirdek boyutu vb. açılarından önemli farklılıklar gösterdiğini kavunda sürekli ve ilerici araştırmalar çeşitlilik çalışmaları, morfolojik ve ayırt etmek için moleküler karakterizasyon çalışmalarını vurgulamışlardır (Lija ve Beevy, 2021).

Basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeats, SSR), aynı zamanda kısa tandem tekrarlar (Short Tandem Repeats STR) veya mikrosatelitler olarak da bilinir, ökaryot genomlarında yaygın olarak bulunmaktadır. STR'lar bitki genetiği çalışmalarında sıklıkla kullanılan moleküler markörlerdir. Bu lokusların incelenmesinde jel görüntüleme, fragment analizi ve DNA dizileme yöntemleri kullanılabilmektedir. Jel görüntüleme, ekonomik ve hızlı bir seçenek sunarken, fragment analizi yüksek çözünürlük ve otomatik veri elde etme avantajlarına sahiptir. DNA dizileme ise en yüksek çözünürlüğü sağlar, ancak maliyeti ve süresi diğer yöntemlere göre daha yüksektir ayrıca yeni nesil dizileme (NGS), mikrosatelit genotipleme yöntemini devrim niteliğinde değiştirmiş, geleneksel fragment boyutu belirleme yöntemine göre daha yüksek bir polimorfizm düzeyini ortaya çıkarmıştır (Šarhanová ve ark., 2018). Bunun yanında STR'ler bazı türler için bilinmemektedir ve bu durum bitki ıslahı yaklaşımlarının kapasitesini sınırlamaktadır. Yeni nesil dizileme, mikrosatelit varyasyonların

tanımlamasını hızlandırmakta ve kolaylaştırmaktadır (Taheri ve ark., 2018). NGS yöntemiyle yapılan genotiplendirme işlemine sekanslanarak yapılan genotiplendirme (Genotyping by Sequencing, GBS) adı verilmektedir. GBS yönteminde mikrosatelit bölgeleri önce polimeraz zincir reaksiyonu ile yükseltgenmekte ve elde edilen ampikonlar yeni nesil sekanslama (YNS) tabi tutulmaktadır. Bu yöntem özellikle mikrosatellitlerin keşfi için de kullanılmaktadır.

Mikrosatellitler (SSR, STR, SNP vb.), en bilgilendirici ve bitki fonksiyonel genomuğında kullanılan çok amaçlı genetik markörlerdir. Ancak, mikrosatellitlerin geliştirilmesi ve geleneksel yöntemlerde kullanılmasının zahmetli, zaman alıcı ve maliyetlidir. Mikrosatellit validasyonunda PCR için primer tasarımının önündeki en önemli engellerden biri genom dizilerinin arka plan bilgilerinin içeren markör prosedürleri gerekliliği gibi nedenler araştırmacıların son zamanlarda, geleneksel yaklaşımlardan daha az maliyet ve zahmet gösteren yüksek verimli dizileme teknolojilerinin geliştirilmesine yönlendirmiştir (Taheri ve ark., 2018).

SSR'lar, bitki genetik çalışmalarında en çok bilgi sağlayan DNA tabanlı mikrosatellit markörlerdir. Ancak SSR markörlerinin klasik yöntemler ile geliştirilmesi zordur ve daha yüksek maliyet gerektirmektedir. Yeni nesil dizileme metotlarının avantajı genom boyunca yayılan ve gen tabanlı olan mikrosatellit lokuslarını içeren çok geniş sekans verileri sağlamaktır (Şimşek ve ark., 2018).

Bağrıbütün kavununda polimorfik olan bazı SSR markörlerinin belirlenmesi üzerine yapılan çalışmada, kavun genotiplerinin genetik korelasyonlarının daha kısa sürede ve daha doğru sonuçların SSR primerlerle bulunacağını ifade etmişlerdir. DNA markörlerin belirlenmiş olması, genetik çeşitliliğinin sürdürülebilir olması dışında ıslah çalışmalarına katkı sağlayacağını belirtmişlerdir ve ıslah çalışmalarında genetik çeşitliliğin fazla olması ıslahçıların yeni ve nitelikli özelliklere sahip genotipler elde etme kazanımlarının artacağını vurgulamışlardır (Güney ve ark., 2020).

Kavun ıslahında güncel gelişmeler üzerine yapılan bir araştırmada, yeni genetik kaynakların tanınması için çalışmalara ihtiyaç olduğunu iklim değişikliğinin dayattığı benzersiz zorluklarla ilgili genlerin araştırmacılar tarafından moleküler temelinin incelemeleri ve aydınlatmaları gerektiğini, kavun genomlarının geniş ölçekte dizilenmesi, farklı hastalıklara karşı hastalık direnci gösteren genleri ve önemli biyokimyasal nitelikler sağlayan genler hakkında güvenilir bilgi sağlamada katkı sağlayacağını ifade etmişlerdir (Kesh ve Kaushik, 2021).

Yerel genotiplerin toplanması, tanımlanması, muhafaza edilmesi ve buradan elde edilecek yeni çeşitlerin tarıma kazandırılması önemlidir. Gerek tarımsal üretimin artırılması için yeni çeşitlerin geliştirilmesi, gerekse ham madde durumundaki yerli bitki türlerinin

erozyona uğratılmadan gelecek nesillere aktarılması, mevcut bitkisel çeşitliliğin saklanması ve korunmasıyla mümkün olabilecektir. Kavunun ikincil gen merkezi olan Anadolu'nun pek çok bölgesinde yetişen yerel kavun gen kaynakları benzer çalışmalara konu olmuş ve nitelikli sonuçlar elde edilmiştir. Ancak iç Anadolu bölgesinde kendine has ekolojik özelliklere sahip olan ve kavun tarımının genelde ticari kaygılardan uzak olarak yapılan Kırıkkale yöresi ve çevresinde detaylı bir çalışmaya rastlanmamıştır.

Bu bilgiler ve tespitler ışığında, yerel genetik kaynakların genetik erozyona maruz kalmadan derlenmesi, tanımlanması, kayıt altına alınması ve modern tarıma katkı sağlaması sürdürülebilir bir tarım için zorunluluk olarak görülmelidir. Çalışmamıza konu olan Kırıkkale ili ve yöresi kavun üretiminin ticari kaygılardan uzak, geleneksel ve kendi ihtiyaçlarını karşılayacak kadar yetiştiricilik yapılması var olan çeşitliliğin korunmasına ve çiftçiler tarafından kendi isteklerine göre ön plana çıkan sebzelerde yetiştiricilik ile seleksiyon yapmaya devam edeceklerdir. Bu sayede bölgedeki materyaller uzun yıllar boyunca koruma altına alınacaktır.

Kırıkkale ilinden selekte edilen yerel kavun genotiplerinin morfolojik olarak genetik karakterizasyon çalışmalarının yapılmamış olması bu nedenle genetik ilişkilerinin araştırılıp ortaya konması bu araştırmanın amacını oluşturmaktadır. Bir diğer ifade ile yerel gen kaynaklarının derlenmesi, morfolojik ve moleküler yöntemlerle tanımlanması ve kayıt altına alınması, gen havuzu oluşturulması ve gelecekte ıslah çalışmalarına ışık tutması çalışmanın temel amacı olup bu yönü ile çalışmamız özgün olup hem evrensel bilime hem de bölge ve ülke tarımına katkı sağlaması hedeflenmektedir.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

Bitki genetik kaynakları, genetik çeşitlilik için önemli kaynak niteliğinde olup, bir bitki türünün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliği zenginliğini göstermektedir. Bu kaynaklar, yerel çeşitler olarak nitelendirilen köy popülasyonları; bunların yabani akrabaları, artık günümüzde kullanılmayan eski çeşitler ve kalıtsal özellikleri kesin olarak belirlenmiş hatlardan oluşmaktadır. Özellikle günümüzden 10000 yıl öncesinde bitkilerin kültüre alınan yerel çeşitleri arasında gözlenen genetik çeşitlilik, aynı zamanda farklı yerel koşullara adaptasyon yeteneğini yansıttığından, bu türlerin evrimsel potansiyellerinin korunması ve ıslah çalışmalarında kullanılması yönünden önem taşımaktadır. Bitki türlerinin değişen çevre koşullarına adaptasyon sağlayabilmesi için, genetik çeşitliliğe sahip olması gerekmektedir. Bitki genetik kaynakları, aynı zamanda, içerdikleri genetik çeşitlilik nedeniyle son yıllarda hızla ilerleme kaydeden biyoteknoloji alanında, üstün nitelikli bitki çeşitlerinin geliştirilmesi için gerekli hammadde özelliği taşımaktadır (Altındal ve Akgün, 2015).

Yerel çeşitlerin tanımını net bir şekilde ortaya koymak zor olmasına rağmen iki farklı şekilde açıklanmaktadır. İlki, farklı özellikler kazanmış, genellikle genetik farklılıklar gösteren, ıslah edilmemiş, yerel olarak uyum kabiliyeti sağlamış, geleneksel tarım sistemi ile birleşmiş, tarihsel geçmişi olan ve tarımı yapılan bitkilerin dinamik popülasyon(ları) şeklinde tanımlanmaktadır. İkincisi ise tohumla üretilen bir bitkinin yerel çeşidi, çoğunlukla yerel bir adı olan, tanınabilir değişken bir popülasyon olarak ifade edilmektedir. Bitki ıslahından yoksun olan yerel çeşitler, tarımı yapılan yörenin ekolojik özelliklerine özel adaptasyonu (biyotik ve abiyotik streslere tolerans) ile karakterize edilmektedir (Taş ve ark., 2017).

Yerel çeşitler, modern çeşitlerin elde edilmeden önce üreticilerin tamamen kendilerinin yetiştirdiği ve her yıl elde ettikleri tohumları kullanarak yeni tohumları ürettikleri genetik materyallerdir. Üretilen bu tohumlar farklı bir genetik özellik gösterdiğinden bu çeşitler oldukça önemli genetik kaynaklardır. Bu kaynakların diğer önemli bir yönü ise sadece çok az küçük üreticilerin elinde bulunmakta veya gen bankalarında saklanmaktadır (İlhan, 2017).

Genetik kaynakların ıslah programlarına dahil edilebilmesi materyalin morfolojik, fenolojik, moleküler ve biyokimyasal karakterizasyonunun yapılması ve sahip olduğu özelliklerin ortaya konulması ile mümkün olmaktadır. Bu nedenle arazi ve tohum gen bankalarında genetik materyalin korunmasının yanı sıra karakterizasyonunun da tamamlanmış olması gerekmektedir.

Genetik varyasyon, bir türün sahip olduğu farklı popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği tanımlamaktadır (Ramanatha Rao ve Hodgkin, 2002). Genetik varyasyon ve dağılımı,

analizi, bitkilerdeki çeşitli biyolojik olayların moleküler esasının ortaya konmasına, bu çeşitliliğin muhafaza edilmesine çalışılan bitki türlerinin sınıflandırılmasına ve kökeni hakkında bilgi edinilmesinde fayda sağlamaktadır. Değişik bitki genotipleri önemli tarımsal özellikler bakımından çeşitlilik sunmaktadır. Bu çeşitlilik, bitki ıslah çalışmaları ile yeni çeşitlerin elde edilmesinde ileri seviyede seçenekler sunmaktadır (Govindaraj ve ark., 2015). Ayrıca, moleküler teknikler aracılığıyla yürütülen filogenetik ve evrimsel çalışmalar, tür içi ve türler arasındaki genetik varyasyonun dağılımı ve kapsamı hakkında geniş bilgiler vermektedir (Öztürk ve ark., 2021).

Anadolu'da her türlü ekolojik koşullar altında canlılığını devam ettiren genetik kaynakların uyum kabiliyetleri oldukça yüksektir. Bu genetik kaynakların abiyotik ve biyotik stres şartlarına toleranslı yeni çeşitlerin elde edilmesi amacıyla ıslah çalışmalarında kullanılması önemli olmaktadır. Fakat ıslah çalışmalarına dahil edilmeden önce genetik materyallerin morfolojik, fenolojik, moleküler ve biyokimyasal karakterizasyonu çalışılarak sahip oldukları özelliklerin ortaya konması gerekmektedir. Bu nedenle arazi ve tohum gen bankalarında genetik materyalin korunmasının dışında karakterizasyonunun da tamamlanmış olması gerekmektedir (Kamber ve Balık, 2022).

Genetik kaynakların varlığı, toplanması ve korunmasının yanı sıra, genetik kaynakların ıslah ve tarımda kullanılabilirliği de önemlidir. Yerel çeşitler çoğunlukla kalite özellikleri yüksek, yöre ile uyum içinde olan bireylerin seçimi ve birbirini izleyen nesillerde seleksiyon yoluyla devam edilip seçilen bireylerde yetiştiriciliğin sürdürülmesi ile ortaya çıkmaktadır. Yerel çeşitler, ıslah çalışmalarında önemli olması ve kültür çeşitleri ile melezlenebilmesi nedeniyle oldukça önemli görülmektedir (Dal ve ark., 2017). Bitki genetik kaynakları, özellikleri belirlenmiş kültür bitkilerini ve bunların yabani akrabalarını bünyesinde toplaması nedeniyle ıslah çalışmaları açısından vazgeçilmez bir değere sahiptir. Yerel gen kaynakları, çeşit ıslah çalışmalarının başarıya ulaşmasında en önemli faktörlerden birisi olan fenotipik varyasyonun temelini oluşturmaktadır. Ülkemiz, bitki genetik kaynakları ve genetik çeşitlilik açısından dünyanın eşsiz ve önemli ülkelerinden birisidir (Karaağaç ve Balkaya, 2017).

Kavun (*Cucumis melo L.*), ilk defa 1753 yılında Linne tarafından bir sebze türü olarak belirtilmiştir. Kavun Cucurbitaceae familyasının 825 türünden biri olup, tek yıllık otsu, tüylü sürüngen bir gövdeye, sarılcı kollara, oldukça büyük, yuvarlak veya kalp şeklinde yapraklara ve 3-5 adet ana sürgüne sahip olan, hoş kokulu, aromalı, hoş lezzetli, genellikle oval ya da yuvarlak biçimli, sarı, yeşilimsi sarı ya da pembemsi turuncu etli yapılı, bol sulu iri bir meyve olarak tanımlanmıştır. Ayrıca, morfolojik çeşitliliği yüksek türlerin en önemlilerinden biri olan kavun, $2n=24$ kromozoma sahip olduğunu belirtilmiştir (Guliyev ve ark., 2018).

Gen merkezi geniş bir alanı kapsayan kavun, Cucurbitaceae (kabakgiller) familyasının Cucumis cinsinden tek yıllık otsu bir bitki olan ve birçok farklı alt türleri içeren ve ekonomik anlamda değerli olan bir türdür. Cucurbitaceae familyasının içinde kültüre alınan birçok kavun tipleri bulunmaktadır. Bu türler yaprak, bitki ve meyve karakterleri bakımından çok fazla morfolojik çeşitlilik göstermektedir (Ermiş ve Aras, 2017). Bu nedenle birçok bölgede üretici ve tüketici isteklerine uygun, uzun yıllar yetiştiriciliği yapılan gerek yörenin ekolojik ve toprak özelliklerinin etkisiyle gerek kavun bitkisinin açık tozlanma özelliği nedeniyle zamanla yöreyle özdeşleşip köy popülasyon özelliği kazanmış birçok kavun tipleri oluşmuştur. Kavunun kültüre alınma tarihi, Afrika ve Asya'da aynı zamana denk gelmesi sebebiyle bir fikir birliği sağlanamamış ve hala tartışılmaktadır.

Türkiye, Çin'den sonra en çok kavun üreten ikinci ülke ve kavunun ikincil çeşitlilik merkezidir. Türkiye'de üretim ağırlıklı olarak inodorus grubuna ait yerel genotiplerle yapılmaktadır. Bazı Türk kavunu genotiplerinin meyve karakterizasyonu üzerine yapılan çalışmada 2004 yılı yaz ve güz döneminde, değerli kavun gen kaynaklarına sahip Ege, Orta Anadolu, Akdeniz, Marmara-Trakya ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi illerinden 64 adet kavun çeşidi toplanmıştır. Genotiplerin morfolojik karakterizasyonu uzunluk, çap, boyuna kesit şekli, olgunlukta kabuğun zemin rengi, kabuğun ikincil renkleri, pistil izinin boyutu, oluklar, yüzeyin kırışması ve ağ olmak üzere 10 meyve karakteri için yapılmıştır. İlgili karakterler bakımından genotipler arasında farklılıkların olduğu ve genotiplerin farklı akrabalık ilişkileri içerisinde olduğu belirlenmiştir (Sari ve Solmaz, 2005).

Anadolu'da göç ve ticaret gibi faktörler genetik çeşitlilikte etkili olmaktadır. Kavun, zengin genetik açılmaya ve yabancı tozlaşan bir bitki türü olması nedeniyle doğal birçok farklı tür elde edilmektedir. Farklı ekolojik ortamlarda hayatta kalabilen bitkiler döllenerek yerel stres koşullarına uyum kabiliyeti yüksek çeşitlerin ortaya çıkmasına seleksiyonun neden olduğunu ifade etmektedir (Kuşvuran ve ark., 2012). Tarımsal üretimin artırılması için yeni çeşitlerin geliştirilmesi, aynı zamanda hammadde durumundaki doğal (yabani) bitki türlerinin erozyona uğratılmadan gelecek nesillere aktarılması için var olan bitkisel kaynakların saklanması ve korunması sağlanarak olabilmektedir (Balkaya ve Yanmaz, 2001). Bu nedenle yöresel genetik materyalin derlenmesi ve muhafazası çok önemli bir basamak olmaktadır (Krasteva, 2000).

Saputra ve ark. (2022).kavun gruplarının çeşitliliği, benzerliği ve ayırt edici morfolojik özelliklerinin belirlenmesi üzerine yaptıkları çalışmada, kavunların çeşitliliği ve benzerliği kalitatif ve kantitatif karakterlerinden anlaşıldığı belirtilmektedir. Çevreden daha az etkilenen ve majör genler tarafından kontrol edilen kalitatif karakterler, kavun bitkileri arasındaki karakterlerin ayırt edilmesinde önemli bir unsur olmaktadır. Ayrıca kantitatif karakterler

çevreden çok fazla etkilenir ve küçük genler aracılığıyla kontrol edildiğini ifade ettikleri için yetiştirme ortamı kavunların çeşitliliğini ve benzerliğini de etkilemektedir. Kalitatif karakterler için kavun genotipinde ayırt edici karakterlerin meyvenin şekli, kabuk rengi ve et rengi olduğunu belirtmektedir. Ayırt edici özelliklerdeki değişiklikler kavunların farklı genetik geçmişlerinden kaynaklanabileceğini öne sürmektedirler

Yerel genetik kaynaklar moleküler çalışmalarla istenilen özelliğe sahip genotiplerin tespit edilmesi, ıslah alanında önemli gelişmelerin olmasını sağlamıştır. Moleküler biyoloji çalışmaları 1990'dan beri hızlı bir gelişme göstermektedir. Yaşanan gelişme sayesinde ıslah hedeflerine yönelik uygulamalardan yararlanarak ıslah sürecinin hızlandırılması ve etkinliğinin artırılmasına olanak sağlanmıştır (Yorgancılar ve ark., 2015).

Gen kaynağının kullanılabilmesi için kültüre alınmış türlerin ve bunların yabani akrabalarının genetik çeşitliliğin dağılımı ve yayılımının detaylıca bilinmesi gerekmektedir. Bu ise DNA polimorfizmine dayanan teknolojilerin kullanılmasını içeren bazı yöntemler aracılığıyla daha etkin başarılabilmektedir. DNA moleküler belirteçleri (DNA işaretleyicileri), çeşitler arasındaki değişiklikleri ve benzerliklerin saptanması veya ebeveynler ile çeşitler arasındaki farklılıkların ve benzerliklerin tespit edilmesi oldukça geniş alanda kullanılmaktadır (Ulukapı ve Onus, 2013).

Geniş ve kapsamlı kullanım olanağı bulunan moleküler uygulamalar genel olarak, genomik yaklaşımlarla kalitatif veya kantitatif nitelikteki agronomik özelliklerin genetik mekanizmasının açıklanmasında, gen bölgelerinin ve genlerin tespitinde, agronomik özelliklerle ilişkili markörlerin belirlenmesinde kullanılmaktadır. Geliştirilen bu moleküler markörler ile gen kaynaklarının taranması, ıslah sürecinde ilgili özelliği genetik olarak taşıyan bireylerin seçimi ve ıslah çalışmalarının bu bilgiler ışığında sürdürülmesi mümkün olmaktadır (Sarıkamış, 2014). Moleküler markör yöntemleri DNA molekülündeki polimorfik bölgelerin belirlenmesi prensibiyle açıklanmaktadır. Popülasyonda herhangi bir genin veya özelliğin birden fazla formu bulunuyorsa o gen ya da fenotipik özellik polimorfik olarak belirtilmektedir.

Sınıflandırmaların çoğu morfolojik ve moleküler özelliklere dayanmaktadır. Çiçek ve meyve özellikleri (cinsiyet ifadesi, meyve boyutu ve şekli, meyve kabuğu rengi, pH, et rengi, tat, aroma, şeker bileşimi, tohum boyutu ve şekli) gibi morfolojik özellikler geçtiğimiz yüzyıllarda kavun çeşitlilik analizi için kullanılmıştır. Daha sonra, bilim adamları bu fenotipik ve biyokimyasal özellikleri (pH, Toplam Çözünabilir Katılar, Askorbik asit içeriği, Titre edilebilir asitlik) moleküler araçlarla genotipik değişkenlik ile ilişkilendirir. Genellikle kavun çeşitlilik analizi için kullanılan moleküler araçlar RAPD, RFLP, AFLP, SSR işaretleri ve Tek Nükleotid Polimorfizmidir. Kavun çeşitliliği üzerine bir inceleme makalesinde, Kavun

meyveleri, kavunun piyasa değerine yansıyan biçim, şekil, kabuk karakterleri, et rengi, et kalınlığı, tatlılık, çekirdek boşluğu, çekirdek boyutu vb. açılarından önemli farklılıklar gösterdiğini kavunda sürekli ve ilerici araştırmalar çeşitlilik çalışmaları, morfolojik ve ayırt etmek için moleküler karakterizasyon çalışmalarını vurgulamışlardır (Lija ve Beevy, 2021).

Moleküler markör kullanılarak organizmaların genetik yapıları hakkında bilgi alınması amacıyla pek çok analiz yöntemi geliştirilmiştir. Bu yöntemler elektroforez, genom dizileme gibi yöntemleri kapsar. Elektroforez kapiller, dikey ve agaroz jel gibi farklı yöntemlerle çalışırken; genom dizileme gün geçtikçe gelişmekte ve incelenen alanın boyutuna göre farklı teknikler üretilmektedir. Genom dizileme yöntemleri olarak sıklıkla Gilbert, Sanger ve NGS kullanılmaktadır. Maxam ve Gilbert (1977), DNA molekülünün bazlara özgül kimyasallarla modifikasyonuna ve elektroforezle ayırımına dayanan kimyasal ayırım yöntemini geliştirmişlerdir. Aynı yıl Sanger ve ark. (1977) tarafından geliştirilen daha uzun DNA parçalarının dizilenmesine imkân sağlayan zincir sonlandırma yöntemi kullanılmaya başlanmıştır. Bu yöntem Maxam ve Gilbert yöntemine kıyasla daha verimli olduğu, daha az toksik kimyasal madde ve radyoaktivite gerektirdiği için kısa sürede hızla yaygınlaşmıştır. Bu yöntemlerin temelde benzer fakat sonucun yorumlanmasında farklı detaylar elde edilmektedir. Ancak araştırmalar esnasında karşılaşılan zorluklar nedeniyle bilim insanları, kısa sürede daha fazla dizileme yapabilen, daha ucuz ve doğruluk oranı daha yüksek yeni yöntemler geliştirme ihtiyacı duymuşlardır (Kızmaz ve ark., 2017) ve bu gereksinim genom analizlerinde yeni nesil dizileme yöntemi (Next Generation Sequence-NGS) kullanılmasını ortaya çıkarmaktadır ve son dönemlerde sıklıkla kullanılmaktadır.

Basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeats, SSR), aynı zamanda kısa tandem tekrarlar (Short Tandem Repeats STR) veya mikrosatelitler olarak da bilinir, ökaryot genomlarında yaygın olarak bulunmaktadır. STR'lar bitki genetiği çalışmalarında sıklıkla kullanılan belirteçlerdir. Bu lokusların incelenmesinde jel görüntüleme, fragment analizi ve DNA dizileme yöntemleri kullanılabilir. Jel görüntüleme, ekonomik ve hızlı bir seçenek sunarken, fragment analizi yüksek çözünürlük ve otomatik veri elde etme avantajlarına sahiptir. DNA dizileme ise en yüksek çözünürlüğü sağlar, ancak maliyeti ve süresi diğer yöntemlere göre daha yüksektir ayrıca yeni nesil dizileme (NGS), mikrosatelit genotipleme yöntemini devrim niteliğinde değiştirmiş, geleneksel fragment boyutu belirleme yöntemine göre daha yüksek bir polimorfizm düzeyini ortaya çıkarmıştır, (Šarhanová ve ark., 2018). Bunun yanında STR'ler bazı türler için bilinmektedir ve bu durum bitki ıslahı yaklaşımlarının kapasitesini sınırlamaktadır. Yeni nesil dizileme, mikrosatelit varyasyonların tanımlamasını hızlandırmakta ve kolaylaştırmaktadır (Taheri ve ark., 2018). NGS yöntemiyle yapılan

genotiplendirme işlemine sekanslanarak yapılan genotiplendirme (Genotyping by Sequencing, GBS) adı verilmektedir. GBS yönteminde mikrosatelit bölgeleri önce polimeraz zincir reaksiyonu ile yükseltgenmekte ve elde edilen ampliconlar yeni nesil sekanslama (YNS) tabi tutulmaktadır. Bu yöntem özellikle mikrosatelitlerin keşfi için de kullanılmaktadır.

Mikrosatellitler (SSR, STR, SNP vb.), en bilgilendirici ve bitki fonksiyonel genomuğında kullanılan çok amaçlı genetik markörlerdir. Ancak, mikrosatellitlerin geliştirilmesi ve geleneksel yöntemlerde kullanılması zahmetli, zaman alıcı ve maliyetlidir. Mikrosatellit validasyonunda PCR için primer tasarımının önündeki en önemli engellerden biri genom dizilerinin arka plan bilgilerinin içeren markör prosedürlerinin zorunluluğudur. bu ve buna benzer nedenler araştırmacıları son zamanlarda, geleneksel yaklaşımlardan daha az maliyet ve zahmet gösteren yüksek verimli dizileme teknolojilerinin geliştirilmesine yönlendirmiştir (TaHERi ve ark., 2018).

SSR'lar, bitki genetik çalışmalarında en çok bilgi sağlayan DNA tabanlı mikrosatellit markörlardır. Ancak SSR markörlerinin klasik yöntemler ile geliştirilmesi zordur ve daha yüksek maliyet gerektirmektedir. Yeni nesil dizileme metotlarının avantajı genom boyunca yayılan ve gen tabanlı olan mikrosatellit lokuslarını içeren çok geniş sekans verileri sağlamaktır (Şimşek ve ark., 2018).

Fanourakis ve ark. (2000), Yunanistan kavun (*Cucumis melo*) yerli ırklarının morfolojik özellikleri ve külleme direnci üzerine çalışmalarında; Yunanistan'ın çeşitli bölgelerinden toplanan 21 yerli kavun ırkının çiçek cinsiyeti, meyve şekli, olgunlaşmamış meyve rengi, olgun meyve rengi, meyve kabuk yüzeyi olmak üzere morfolojik özellikler açısından değerlendirilmiştir ve incelenen tüm özellikler açısından farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir. Meyve şekli oval -uzun, olgunlaşmamış meyve kabuk rengi açık yeşilden koyu yeşile, olgunlaşmış meyve kabuk rengi sarı, turuncu yeşil ve meyve yüzeyi ağsız ve düz olarak gözlemlenmiştir.

Madrid menşeli İspanyol geleneksel kavunlarının (*Cucumis melo L.*) tarımsal morfolojik çeşitliliğinin incelenmesi üzerine yapılan çalışmada 14 yerel kavunda kalitatif ve kantitatif toplam 58 morfolojik özellik değerlendirilmiştir. Bitki, meyve, tohum ve fenoloji ile ilgili veriler, çok değişkenli bir analiz kullanılarak analiz edilmiştir. Analiz sonucunda yerel kavunlarda incelenen türler içi ve türler arası çeşitlilik belirlenmiştir. Çalışmada incelenen genotiplerde yapraklar beş loblu, orta derinlikte, yaprak rengi koyu yeşil renk, cinsiyet tipi andromonoik ve çiçek rengi sarı olarak belirlenmiştir. Hipokotil uzunluğu gruplar arasında 1,20-11,0 cm arasında değişkenlik göstermiştir. Meyve ağırlığı en düşük 0,48 kg en yüksek 4,95 kg olarak tartılmıştır. Meyve çapı ve uzunluğu sırasıyla; en düşük 7,50 ve 8,50; en yüksek

23,20 ve 44,20 cm ölçülmüştür. Gruplar arasında en erken olgunlaşma gün sayısı 76 gün olarak hesaplanmıştır (Escribano ve Lázaro, 2009).

Frery ve ark. (2009), Ulusal kavun (*Cucumis melo*) koleksiyonlarındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi araştırmasında 239 kavun genotipinde 35 morfolojik karakter incelenmişler ve genotipler arasında önemli farklılıklar tespit etmişlerdir. İncelenen özelliklerde yaprak şekli bütün ve 5 loblu olarak gruplandırılmış ve yaklaşık yarısı 5 loblu olarak saptanmıştır. Yaprak rengi incelendiğinde açık yeşil, yeşil ve koyu yeşil renkler gözlemlenmiş ve genotiplerin çoğunluğunun yeşil renkli yapraklara sahip olduğu belirlenmiştir. Çiçek tipleri bakımından çoğu genotipin andromonoik (erkek/dişi ve erkek) çiçek tipine sahip olduğu ancak sadece birkaç genotipte monoik (erkek ve dişi) çiçek tipi gözlemlendiği bildirilmiştir. Meyve ağırlıkları 100 gr ile 4500 gr arasında değişiklik göstermiş, ortalama meyve ağırlıkları ise 1400 – 1800 gr arasında bulunmuştur. Meyve şekilleri bakımından genotipler arasında büyük farklılıkların olduğu, meyve şekillerinin çoğunlukla düz veya eliptik çok az kısmının ise palamut ya da uzun meyve şekline sahip olduğu belirlenmiştir. Meyve uzunlukları 5 ile 30 cm arasında değişiklik göstermiş olup ortalama meyve boyu 17,1 cm olarak ölçülmüştür. Meyve zemin renkleri sarı ve turuncu arasında değişirken meyve eti renkleri ise geniş bir dağılım göstererek beyazdan turuncuya kadar farklılık göstermiştir. Meyve eti kalınlıkları en az 5 mm, en çok 50 mm olarak ölçülmüştür. Genotiplerin tohum şekilleri incelendiğinde yuvarlaktan ovale değişen şekillerde olduğu ancak çoğunluğunun eliptik veya oval şekilli tohumlara sahip olduğu gözlemlenmiştir. 100 adet tohum ağırlıkları tartıldığında ise 2- 6 gr arasında farklılık gösterdiği belirlenmiştir.

Macar ve Türk kavun genotiplerinin morfolojik özelliklerini karşılaştırmak için tipik yerel çeşitler ve çeşitli kökenlere ait gen bankalarından kavunlar dahil olmak üzere toplam 58 kavun çeşidi incelenmiştir. Çalışma kapsamında, 70 kalitatif karakter ve 17 kantitatif karakter (3 fide, 3 yaprak, 2 çiçek, 9 meyve) ölçülmüştür. Sonuçlar hem Macar hem de Türk genotip kaynaklarının morfolojik özellikler açısından geniş bir çeşitliliğe sahip olduğunu göstermiştir. Çalışmada sonuçlarında, yaprak renginin yeşil ve yoğunluğunun %2 açık, %74 orta ve %24 koyu olduğu belirlenmiştir. Yaprak ayası 5,7-13,5 cm arasında farklılık göstermiştir. Hipokotil uzunluğu en kısa 1,3 cm en uzun 3,6 cm bulunmuştur. Tohum rengi %81 krem-sarı, %19 fildişi olarak gözlemlenmiştir. Meyve ağırlığı ortalama Türk genotiplerinde 1017,7 g olurken Macar kavun genotiplerinde ise 1333,7 g tartılmıştır. Meyve uzunluğu ve eni Türk ve Macar genotiplerinde sırasıyla 14,6-22,5 cm; 10,2-13,2 cm bulunmuştur. Meyve et kalınlığı ise Türk genotiplerinde ortalama 2,2 mm; Macar genotiplerinde ise 3,3 mm olarak ölçülmüştür (Szamosi ve ark., 2010).

Türkiye'nin Doğu ve İç Anadolu bölgesinden toplanan bazı kavun genotiplerinin karakterizasyonu üzerine yapılan çalışmada, 78 kavun genotipi toplanmış ve UPOV kriterlerine göre yaprak, tohum, meyve, çiçek ve bitki özellikleri dikkate alınarak incelenmiştir. Türk kavun genotiplerinin hipokotil uzunluğu 1,98 ile 4,50 cm arasında farklılık göstermiştir. Yaprak özelliklerinde yaprak ayası uzunluğu 12,20 ile 17,80 cm; yaprak ayası genişliği ise 16,70 cm ile 23,40 cm arasında değişkenlik göstermiştir. Diğer yaprak özellikleri değerlendirildiğinde, yaprak aya boyu %45'i orta ve %55'i büyük olarak belirlenirken, küçük boy hiç elde edilmemiştir. Yaprak rengi çoğunlukla orta yeşil renk olarak tespit edilmiştir. İncelenen kavun aksesyonları çiçek ve yumurtalık özellikleri bakımından ele alındığında çoğunlukla andromonoik olarak belirlenirken, yumurtalığın uzunluğu ise çok kısıdan çok uzuna farklılık göstermiştir. Genotiplerin meyve karakterleri %72 basık şekilli, olgunlaşmış meyve zemin rengi sarı, meyve sap uzunluğu yaklaşık %50'sinde orta uzunluk ve meyve et kalınlığı çoğunlukla orta olarak kaydedilmiştir. Meyve ağırlığı 213,67 gr ve 4037,80 gr arasında bulunmuş olup, ortalama meyve ağırlığı ise 2636 g olarak tartılmıştır. Meyve çapı 16,1 cm, meyve uzunluğu ise 21,3 cm olarak belirlenmiştir. Genotiplerde toplam çözünebilir kuru madde miktarı % 4,7 ile 12,90 arasında değişiklik göstermiştir. İncelenen genotiplerin tohum şekli ise eliptik olarak belirlenmiştir (Solmaz ve ark., 2010).

Morfolojik özellikler ile nükleer ve sitoplazmik moleküler markörlerin analizleri ile ortaya konan Vietnam kavun yerel popülasyonlarının genetik çeşitlilik çalışmasında, Vietnam'daki yerel pazardan elde edilen 34 meyvenin nitel ve nicel özellikleri ölçülmüş ve farklılık gösterdikleri saptanmıştır. Kavun aksesyonlarında meyve ağırlığı 160-2700 g arasında değişmiştir. Meyve şekilleri uzun ve yuvarlak, rengi turuncu ve beyaz olarak saptanmıştır. Suda çözünür kuru madde miktarı ise % 2-7 arasında farklılık göstermiştir (Nhi ve ark., 2010).

Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanan 43 yerel kavun genotipi ve varyetelerinde karakterizasyon çalışması yapılmıştır. Toplanan örneklerin tümünde IPGRI ve UPOV deskriptörleri kullanılarak; 86 özellik incelemiş ve morfolojik ve fenolojik analizler sonucu genotipler arasında önemli farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. Dişi çiçek sayısı/erkek çiçek sayısı oranı genellikle erkek, çiçek cinsiyeti andromonoik ve rengi sarı olarak tespit edilmiştir. Hipokotil uzunluğu en uzun 2,31 cm, en kısa 1,33 cm bulunmuştur. Yaprak en ve boy sırasıyla, 13,32-19,84; 9,17- 13,44 cm arasında ölçülmüştür. Yaprak şekli bakımından %91' inin 5 loblu, %9'unun ise bütün olduğu gözlemlenmiştir. Meyve eni en geniş 20,00 cm, en dar ise 10,50 cm olarak elde edilmiştir. Meyve uzunluğu ölçüldüğünde 13,45-28,05 cm arasında çeşitlilik göstermiştir. Meyve şekli, %31 yuvarlak, %26 eliptik, %20 basık, %11 düz, %3 uzun olarak farklı oranlarda varyasyon göstermiştir. Popülasyonlar incelendiğinde meyve ağırlıkları

yaklaşık 1200 -3000 g arasında saptanmıştır. Meyve et kalınlığı en fazla 50,52 mm, en az 32,88 mm olarak elde edilmiştir. Meyve et renginde beyazdan turuncuya değişen farklılık gözlemlenmiştir. Tohum hilum ucu şekli %63'ünde sivri uçlu, %37'sinde küt uçlu olarak tespit edilmiştir. Tohum kabuk rengi bakımından popülasyonlar incelendiğinde farklılık olduğu ve popülasyonlarda beyaz, krem, kahverengi renklerinin olduğu belirlenmiştir (Mısır, 2012).

Güney Asya hıyar ve kavun genotipleri arasında morfolojik ve moleküler çeşitliliğin değerlendirilmesi çalışmalarında, kavun genotiplerinde morfolojik farklılık belirlenmiştir. İlgili genotiplerde meyve ağırlığı en yüksek 1390 g en düşük 290 g; meyve uzunluğu 14,0- 46,3 cm olarak ölçülmüştür. Yaprak uzunluk, genişlik, boğum arası uzunluk ve yaprak sap uzunlukların ortalama değerleri ise sırasıyla, 13,12 cm, 15,06 cm, 8,6 cm ve 8,25 cm olarak tespit edilmiştir (Zhang ve ark., 2012).

Farklı İran kavun türlerinin (*Cucumis melo L.*) morfolojik varyasyonları üzerine yapılan bir çalışmada, 11 İran yerli kavun türlerini incelemiştir. Elde edilen bulgulara göre en düşük meyve uzunluğu 22,64 cm en yüksek 40,55 cm; meyve çapı en düşük 15,15 cm en yüksek 19,56 cm; meyve kabuk kalınlığı en düşük 6,01 en yüksek 11,03 mm ve meyve et kalınlığı en düşük 24,92 en yüksek 36,54 mm olarak saptanmıştır. Çalışmada meyve ağırlığı ile meyve uzunluğu, meyve çapı, et kalınlığı, kabuk arasında pozitif ilişki; kalınlık ve şeker içeriği, meyve uzunluğu ile meyve çapı arasında negatif bir ilişki gözlenmiştir. Meyve çap, meyve et kalınlığı ve meyve kabuk kalınlığı, meyve uzunluğu ve tohum boşluğu genişliği arasında ise önemli negatif ilişki olduğu kaydedilmiştir (Nasrabadı ve ark., 2012).

Altınbaş grubu kavunların diğer kavunlarla akrabalık ilişkilerinin morfolojik ve moleküler yöntemlerle araştırılması çalışmasında, 83 kavun genotipi incelenmiştir. İncelenen bu kavunların 50'si Altınbaş tipi (*Cucumis melo* var. *inodorus*) grubunda yer almaktadır. Genotipler arasında çeşitliliğin bulunduğu ve Altınbaş genotiplerinin tümünün UPOV'a göre 8 karakter yönünden aynı özellikte olduğu saptanmıştır. Yapılan analizler sonucu genotiplerin oluşturduğu gruplar ve toplandıkları yerler arasında ise korelasyon olmadığı bildirilmiştir (Mancak, 2013).

Farklı kavun (*Cucumis melo*) germplazm kaynaklarının morfolojik karakterlere göre genetik çeşitliliği araştırmasında 250 farklı kavun genotipi 19 morfolojik karakter bakımından incelenmiştir. Yabancı kavun genotiplerinde, 1,378 ortalama çeşitlilik indeksi (Shannon indeksi, H') saptanmış ve morfolojik çeşitlilik açısından zengin oldukları belirtilmiştir. 9 kalitatif karakterde (meyve şekli, meyve kabuğunun zemin rengi, meyve kabuğunun damar rengi, meyve kabuğunun damar şekli, ağın yoğunluğu, ağın kalınlığı, et rengi, et dokusu ve tohum kabuğu rengi) çeşitliliğin fazla olduğu ve 4 kantitatif karakterde (tek meyvenin taze

ağırlığı, meyve etinin kalınlığı, çözünür katı madde içeriği ve 1 000 tohum ağırlığı) ise sırasıyla H' değerinin 1,0 ve 1,9'dan büyük olduğu tespit edilmiştir. Aynı çalışmada Küme analizi sonucunda kavun genotiplerinin dört gruba ayrıldığı saptanmıştır (Hu ve ark., 2013a).

Çin kavununun (*Cucumis melo* L.) morfolojik karakterlere dayalı germplazm kaynaklarının genetik çeşitlilik analizinde, Çin'in çeşitli bölgelerini temsil edecek şekilde toplanan 257 kavun incelenmiştir. Çalışmada 20 morfolojik karakter (meyve şekli, meyve kabuğunun zemin rengi, meyve kabuğunun damar rengi, damar şekli, meyve kabuğu, et rengi, et dokusu ve tohum kabuğu rengi; meyve çapı, meyve uzunluk, meyve kalınlığı, çözünür kuru madde içeriği ve tohum ağırlığı) incelenmiş ve meyve şekli yuvarlak, oval, armut; meyve et rengi beyaz, sarı, açık yeşil, yeşil turuncu, turuncu olarak belirlenmiştir. Meyve çapı genotipler arasında en yüksek 44,45 cm, meyve uzunluğu ise 77,19 cm olarak ölçülmüştür. Tohum şekli incelendiğinde ise oval ve armut şekilli oldukları bildirilmiştir (Hu ve ark., 2013b)

Malik ve ark. (2014)'nın yaptığı çalışmada Hindistan'ın Hint-Gangetik ovalarından yerel kavun türleri ile ABD yerel kavunları arasında genetik ilişkileri incelemişlerdir. Yapılan çalışmada 4 tarımsal ekolojik bölgeden üç kavun grubundan 88 yerel çeşit toplanmıştır. 88 yerel çeşit ve 8 ABD çeşidi arasında 18 bitki ve meyve özelliği açısından önemli farklılıklar saptanmıştır. Elde edilen veriler incelendiğinde ortalama meyve ağırlığı en yüksek 1465 gr, olgunlaşma gün sayısı en fazla 88,5 en az 79,1 gün olarak hesaplanmıştır. Meyve et rengi sarı, turuncu, beyaz olmak üzere 11 farklı renk gözlenmiştir. Meyve şekli bakımından ise oval, küre, basık olmak üzere 3 farklı şekil elde edilmiştir. Genotipler arasında suda çözünür kuru madde miktarı %2,9-13,2 arasında farklılık göstermiştir.

Kavun genotipleri arasındaki genetik ilişkilerin morfolojik markörlere göre değerlendirilmesi çalışmasında, İran ve Afganistan'dan 19 kavun çeşidi kullanılmış ve 35 morfolojik özellik değerlendirilmiştir. Ölçülen tüm özellikler için genotipler arasında farklılıklar olduğu tespit edilmiştir (Bagheriyan ve ark., 2015).

Bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu, haploid bitki eldesi ve heterotik grup oluşturulması amacıyla kavun genotipleri 13 ayrı morfolojik karakter açısından incelenmiştir. Morfolojik çalışmalar sonucu elde edilen verilerin farklılık gösterdiği; en yüksek varyasyon katsayısına sahip olan morfolojik özelliğinin %47,48 ile mühür olduğunu tespit etmiştir (Tantawy, 2016).

Kavun çeşitlerinin morfolojik karakterizasyonu ve akrabalık derecelerinin belirlenmesi üzerine yapılan bir çalışmada, kullanılan çeşitlerin 54 adedi hibrit (F₁), 10 adedi ise açık tozlanan çeşit olup *inodorus*, *reticulatus*, ve *cantalupensis* kavun alt türleri incelenmiştir.

Çalışmaya dahil edilen genotiplerde benzerlik düzeyleri 0,16 ile 0,96 arasında değişkenlik göstermiş ve 0,54 benzerlik düzeyinde 3 ana grup tespit edilmiştir (Ermış ve Aras, 2017).

İran'da yerel kavun çeşitlerinde 27 genotipin morfolojik yapısı ve genetik çeşitliliği incelenmiştir. Çalışmada uzun, eliptik ve oval, aynı sıklıkta %18,5 benzer şekilde küre, palamut ve yassı meyveler aynı ve düşük oranda %17,8 olmak üzere altı meyve şekli gözlemlenmiştir. Olgunlaşmamış meyvelerde %55,5 açık yeşil, %29,6 orta ve %14,8 koyu yeşil olmak üzere üç farklı ana renk gözlemlenmiştir. Meyve etinde ise %37,0 beyaz, %25,9 turuncu, %22,2 açık yeşil ve %7,7 somon renklerinin gözlemlendiği belirtilmiştir. Ortalama meyve ağırlığı 340-3160 gr arasında bulunmuştur. Suda çözünür kuru madde miktarı %5,57- 11,96 arasında değerlendirilmiştir. Meyve kabuk kalınlığı 0,57-4,89 mm; meyve et kalınlığı 15,80- 43,90 mm arasında rapor edilmiştir. Aynı çalışmada kavun çeşitlerinin bazılarında geç bazılarında erken olgunlaşma saptanmıştır (Maleki ve ark., 2018).

Yerel Bağrıbutün kavununun morfolojik ve fenolojik özelliklerini inceleyen Üçok (2019) yaprak şekli bütün, çiçek tipi andromonoik, meyve yüzeyi düz, meyve ucu şekli düz, meyve ağırlığı 1210-2878 g, meyve boyu 12,98-14,73 cm, meyve eni 13,53-16,73 cm, Suda çözünür kuru madde miktarı %12,50-14,40, pH 4,85-6,78 arasında, meyve et yapısı lifli-jelatinli, meyve aroması kokulu olarak saptamıştır.

Şırnak Bölgesine ait farklı kaplan kavunu (*C. melo* var. *dudaim*) genotiplerinin verim ve morfolojik özelliklerinin araştırılmasında 18 farklı kaplan kavun genotipinde meyvede toplam verim, tohum ağırlığı, meyve başına tohum ağırlığı, tohum uzunluğu, meyve başına tohum sayısı, meyve ağırlığı, meyve uzunluk, meyve genişliği, meyve duvar kalınlığı, ana gövde çapı, ana gövde uzunluğu incelenmiştir. Genotipler arasında incelenen karakter bakımından önemli farklılıklar olduğu gözlenmiş ve en yüksek meyve ağırlığı 611,0 gr; en yüksek meyve uzunluğu 184,0 mm olarak elde edilmiştir. Genotipler arasında meyve eni 47,95-98,20 mm; meyve kabuk kalınlığı 7,44-16,24 mm, meyve/tohum ağırlığı ise 4,42 -13-54 arasında değişkenlik göstermiştir. SÇKM miktarı ise en yüksek % 8,60 en düşük % 5,18 olarak ölçülmüştür (Akhoundnejad ve Sevgin, 2019).

Diyarbakır ili bazı yerel kavun genotiplerinin meyve özelliklerini ortaya koymak için yapılan çalışmada 18 genotip incelenmiştir. Meyve ağırlığı en yüksek kışlık karakter gösteren genotipten 10505,0 g, en düşük ise 2837,0 g olarak yazlık karakter gösteren genotipten elde edilmiştir. Kışlık kavun genotiplerinde meyve uzunluğu 21,19-38,65 cm; meyve çapı 19,41-30,49 cm; Suda çözünür kuru madde miktarı %10,03-%19,03 arasında bulunmuştur. Aynı özellikler yazlık kavun genotipinde ise meyve uzunluğu 21,19-32,95 cm; meyve çapı 19,08-30,49 cm; SÇKM %10,03-14,05 arasında tespit edilmiştir. Her iki genotipte de meyve şekli

yuvarlak, sivri, uzun; meyve kabuk rengi sarı, yeşil, yeşilimsi sarı, turuncu; meyve et rengi sarımsı, beyaz, turuncu olarak gözlemlenmiştir (Tatar ve Şensoy, 2020).

Ghorbani ve ark. (2020), Bazı İran kavun (*Cucumis melo* L.) genotiplerinde agromorfolojik varyasyon üzerine yaptıkları çoklu analiz çalışmalarında kantitatif özellikler için genotipler arasında önemli farklılıklar olduğunu ortaya koymuşlardır. Yerel İran kavun genotiplerinde meyve zemin rengi çoğunlukla sarı, meyve zemin yoğunluğu orta; meyve şekli oval veya eliptik, meyve ağırlığı en yüksek 2246,0 gr, meyve uzunluğu 11,40-22,00 cm, meyve çapı 10,25- 14,40 cm, suda çözünür kuru madde miktarı ise %7,10-11,40 arasında değer aldığı bildirilmiştir. Genotiplerin hasat süresi incelendiğinde ise en erken 81,7 gün en geç 89,1 gün olarak saptanmıştır.

Endonezya yerel 'Hikapel Kavun (*C. melo* L.) ile ticari çeşitlerinin karşılaştırılması ve tanımlanması üzerine yürütülen çalışmada kavun genotipleri incelendiğinde 3 ticari kavun çeşidi ile Hikapel arasında önemli farklılıklar bulunmuş; Hikapel kavununun morfolojik özelliklerinin diğer ticari çeşitlere oranla en yüksek sonuçları verdiği saptanmıştır. Hikapel kavununda meyve et renginin turuncu, meyve kabuk renginin yeşilimsi sarı ve turuncu olduğu gözlemlenmiştir. Meyve ağırlığı 804,0 gr; meyve et kalınlığı 2,40 cm ve meyve kabuk kalınlığı ise 0,30 cm olarak saptanmıştır. Yaprak uzunluğu 15,36 cm; yaprak eni 21,88 cm arasında ölçülmüştür. Yaprak şekli üç loblu, tohum rengi koyu turuncu sarı olarak ifade etmişlerdir. Hasat süresi 55-62 gün arasında, Suda çözünür kuru madde miktarı % 9-11 arasında farklılık elde etmişlerdir. Tohum şekli elips; 100 tohum ağırlığı ise 3,66 g olarak elde edilmiştir (Yusuf ve ark., 2020).

Yerli ve egzotik kavunlar arasında meyve morfolojisi kalite bileşenleri ve mikrosatelit markörlere bağlı olarak genetik çeşitlilik ilişkisi incelenmiştir (Singh ve ark., 2020). Çalışmada, genotiplerin 36'sının çoğunluğu turuncu, on iki genotip kremi beyaz, sekiz genotip sarı, sekiz genotip sarı yeşil, beş genotip kırmızı yeşil ve bir genotip açık yeşil meyve kabuk rengine sahip olduğu gözlenmiştir. İncelenen genotiplerden 31 tanesi çizgisiz, 29 genotip çizgili ve 31 genotip ağsız; 39 genotip ise ağırlı olarak gözlemlenmiştir. Meyve ağırlığı 92,5 gr ile 2000,0 gr arasında; meyve şekli basık, yuvarlak ve uzun olarak belirlenmiştir. En yüksek meyve et kalınlığını 3,4 cm olarak saptanmıştır.

Chikh-Rouhou ve ark. (2021b)'nın meyve kalite değerlendirmesi ve kavun genotiplerinin karakterizasyonu çalışmasında Tunus bölgesinde yetiştiriciliği yaygın yapılan *cantalupensis*, *reticulatus*, *flexuosus*, *inodorus* kavun alt gruplarından 12 kavun genotipi incelemişlerdir. Gruplar arasında ve aynı grup içinde farklılıklar tespit edilmiştir. Meyve et rengi yeşil, sarı, turuncu, yeşilimsi-turuncu; meyve şekli yuvarlak, uzun, oval, yassı olarak

belirlenmiştir. Gruplar arasında en uzun meyve *flexoues* grubunda 318,0 mm; en geniş meyve 200,8 mm ile *inodorus* grubunda; meyve et kalınlığı en fazla 37.16 mm ile *inodorous* grubunda elde edilmiştir. Suda çözünür kuru madde miktarı ise en yüksek % 12,53 ile *cantalupensis*, en düşük % 4,23 ile *flexuosus* grubunda saptanmıştır. Meyve asitliği (pH) ise 6,52 ile *cantalupensis*, grubunda ölçülmüştür.

Katgıcı (2021), kavunda (*Cucumis melo L.*)'da nitelikli hat geliştirilmesi üzerine araştırmasında, yaprak ayası uzunlukları 14,85-17,50 cm, yaprak genişlikleri 14,85-22,00 cm, yaprak sap kalınlıkları 5,12-6,97 mm arasında farklılık göstermiştir. En uzun yaprak 17,50 cm ve en kısa yaprak 14,85 cm olarak ölçülmüştür.

Chikh-Rouhou ve ark. (2021a), Tunus kavununun genetik ve fenotipik özelliklerini SSR moleküler markörler kullanarak incelemişlerdir. Genotiplerin meyve şeklinin %33,3 oval, %29,2 eliptik ve %20,8 yuvarlak şekilli olarak üç grup; meyve kabuk renklerini %37,5 sarı, %20,8 sarı-yeşil, %12,5 açık yeşil, yeşil ve turuncu ile %4,2 kremi olmak üzere altı grup oluşturulmuştur. Meyve et rengi incelendiğinde ise %37,5 turuncu et rengine sahip olduğu saptanmıştır. Meyve kabuk yapısı %75 çizgisiz, %75 ağsız olarak belirlenmiştir.

Bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve pomolojik özelliklerinin belirlenmesi için 305 adet kavun genotipinde kendilemeler yapılmış ve kademe ilerlemesi tamamlandıktan sonra genotipler arasında çiçek cinsiyet tipi, dişi çiçek/erkek çiçek oranını incelenmiştir. Çiçek cinsiyeti tüm genotiplerde andromonoik olarak ve dişi çiçek/erkek çiçek oranı çoğunlukla erkek çiçek olarak gözlenmiştir (Kayak ve Türkmen, 2021).

Güney Hindistan'ın Karnataka eyaletinin kavun (*Cucumis melo L.*) yerel çeşitleri ve yabancı akrabalarındaki genetik varyasyon üzerine yapılan çalışmada; bölgeyi temsil eden 23 yerel kavun ırkı ve yabancı akrabası ile farklı botanik grupların dört referans çeşidi agronomik özellikler açısından değerlendirilmiştir. Kavun çeşitleri arasında yumurtalık karakterleri, cinsiyet tipleri, olgunlaşma günleri açısından çok geniş varyasyonlar gözlemleyen Shivapriya ve ark. (2021), aynı çalışmada olgunlaşma gün sayısı bakımından da benzer varyasyonu tespit etmişlerdir. Meyve uzunluğu 2,81-3,2 cm; meyve çapı 2,60-11,30 cm; meyve ağırlığı 20-5170 g; meyve et kalınlığı 0,16-5,80 cm; Suda çözünür kuru madde miktarı %3,43-11,90 arasında geniş bir açılım gösterdiği de belirlenmiştir.

Yusuf ve Daryono (2021), Endonezya yerel kavunu Hikapel (*Cucumis melo L.*)'in genetik ve morfolojik özellikleri üzerine araştırmasında; 6 kavun genotipini Hikapel ile karşılaştırmışlardır. Hikapel ve Sonya kavununun şekli yuvarlak diğerleri oval gözlemlemişlerdir. Suda çözünür kuru madde miktarı en yüksek % 11-13,5 ile Hikapel kavununda; en düşük %8-10 ile Sonya kavununda tespit etmişlerdir. Meyve uzunluğu 10,12-

1483 cm; meyve çapı 9,67- 13,03 cm; meyve ağırlığı 653,8-1157 gr; meyve kabuk kalınlığı 1,50-4,08 mm arasında ölçmüşlerdir. Meyve kabuk renkleri ise, Hikapel kavunlarında sarıdan yeşile diğer yerel kavunlar için sarıda turuncuya değişiklik gösterdiğini gözlemlemişlerdir. Aynı çalışmada Hikapel kavununun olgunlaşma süresi 70-83 gün olarak hesaplanmışlardır.

Hindistan'ın az bilinen kavunlarında (*Cucumis melo L.*) meyve morfolojisi, besin ve çiçek çeşitliliği üzerine araştırma yapan Pandey ve ark. (2021), 39 kavun genotipi incelemişler ve "choti kachri" ve "badi kachri" genotipleri arasında meyve boyutu ve ağırlığı dışında diğer morfolojik özelliklerinin aynı, diğer kavun genotipleri ise benzer özellikler göstererek aynı grupta yer aldığını belirlenmiştir. Meyvesi çok küçük yuvarlak veya oval çizgili; "choti kachri" ve "badi kachri" genotipleri arasında meyve ağırlığı sırasıyla 25-50 gr. ve 200-300 gr arasında ölçülmüştür. İlgili iki kavun genotipinde yumurtalık şekli uzun ve tüylü, diğer genotiplerde ise yumurtalık kısa tüylü olarak gözlemlenmiştir. Rajasthan'dan toplanan kavunlar ise çoğunlukla yuvarlak meyveli-oval şekilli, meyve rengi kahverengiden yeşilimsi sarıya ve çizgili olduklarını belirtilmiştir. Ayrıca tüm kavun genotiplerinde çiçek yapısının monoik ve erkek çiçeğin ise erkenci olduğunu gözlemlemişlerdir.

Kuzey Kıbrıs Türk Cumhuriyeti ve Türkiye'den toplanan kavun örnekleri morfolojik ve moleküler karakterizasyonları detaylı bir çalışma ile incelenmiştir. Çalışmada, 19 kavun çeşidi, 4 hibrit çeşit ve Türkiye'de yetişen 9 yerel kavun çeşidini içeren 32 kavun çeşidi UPOV kriterlerine göre değerlendirilmiştir. Tüm morfolojik verilere dayanan dendrograma göre kavun aksesyonları üç ana kümeye ayrılmıştır. Meyve ağırlığı ortalama 1490 gr; meyve uzunluğu ve çapı sırasıyla ortalama 185,77 mm, 134,25 mm, olgun meyve kabuk rengi ve yoğunluğu çoğunlukla yeşil ve koyu, ikincil kabuk rengi çoğunlukla açık yeşil; meyve et rengi çoğunlukla sarı, meyve taban şekli çoğunlukla yuvarlak; tohum hilum şekli sivri, tohum rengi sarı-beyaz olarak belirlenmiştir. Moleküler özellikleri, sekansla ilişkili amplifiye polimorfizm (SRAP) işaretleri kullanılarak belirlenmiştir. 32 kavun aksesyonu iki ayrı gruba ayrılmıştır ve 11 SRAP primer kombinasyonu elde edilmiştir. Toplam 56 bant belirlenmiştir. Bunların 11'i moleküler karakterizasyonda polimorfik olarak saptanmıştır (Yılmaz ve ark., 2021).

Can ve Türkmen (2022), Kırgızistan yerel kavun genotiplerinin toplanması ve morfolojik özelliklerinin belirlenmesiyle bazı Anadolu kavunları arasındaki ilişkiler üzerine yaptıkları çalışmada; 35 Kırgız ve 13 Türk kavun çeşidinin genetik çeşitliliği, karşılık gelen fenotiplere göre karakterize edilmiştir. Kırgızistan ve Anadolu kavun meyve özellikleri arasında önemli değişiklikler olduğunu saptanmış ve belli genotiplerin en yüksek değerleri verdiği belirlenmiştir. Yaprak karakterleri bakımından, yaprak genişliği 9,34 ile 22,92 cm yaprak uzunluğu 7,38 ve 16,27 cm arasında değişiklik göstermiştir. En uzun yaprak 16,27 cm

Chui bölgesinden alınan bir genotipinde ölçülmüş; meyve karakterleri açısından ise meyve ağırlığı Türk kavunu genotiplerinde daha yüksek olarak belirlenmiştir. Meyve boyu en yüksek Kırgız aksesyonlarında (28,97 cm ve 28,57) tespit edilmiştir. Meyve çapı da en yüksek Kırgız genotiplerinde (19,24 ve 18,70 cm) belirlenmiştir. Meyve et kalınlığı Kırgızistan kavun genotiplerinde 46,29 mm ve 43,03 mm ile en yüksek; Türkiye genotiplerinde ise 11,07 mm ile en az meyve et kalınlığı sahip olduğu tespit edilmiştir. Meyve kabuk kalınlığı değerlendirildiğinde, 12,22 mm ile Türk genotipinde en kalın kabuğa; 3,77 mm ile Kırgız genotiplerinin en ince kabuğa sahip olduğu saptanmıştır. Suda çözünür kuru madde miktarı genotipler arasında en yüksek %15,9 Kırgızistan genotiplerinde saptanmış ve tüm genotiplerde meyve pH değeri 4,92 ile 6,52 arasında ölçülmüştür.

Meyve fenotipik özellikleri ve çiçeklenme durumlarına göre kavun genetik çeşitliliğini inceleyen (Soltani ve ark., 2022) 45 İran ve 15 yabancı kavunda genetik çeşitlilik ve gruplandırılması değerlendirmiştir. Ortalama meyve ağırlığı 911,33 -3675,00 gr arasında; ortalama meyve uzunluğu 1,446 cm; meyve çapı ise 2,621 cm olarak kaydetmişlerdir.

Yakupoglu ve Çoban (2022), Yozgat Aydıncık Bağrıbütn kavununun tanımlanması ve bazı kalite özelliklerini araştırmışlardır. Meyve boyu ortalama 13,95 cm, meyve eni ortalama 11,94 cm ölçülmüştür. Ortalama meyve ağırlığı ise 922 g tartılmıştır ve küçük-orta grupta yer almıştır. Suda çözünür kuru madde miktarı %11,92 ve pH değeri 6,35 olarak saptanmıştır. Bitki büyüme özellikleri hipokotil uzunluğu 3,94 cm ve bin dane ağırlığı 41,76 g olarak ölçülmüştür. Yaprak lobluluğu yüzeysel ve yaprakları tam; yaprak aya uzunluğu 7,83; yaprak aya genişliği 12,09 cm olarak tespit edilmiştir.

Türkmenistan menşeli kavun (♀) Natsuno Omoide (NO3) ile Japonya menşeli kavun (♂) Miyamauri (MR5) arasındaki melezleme sonucu elde edilen (*Cucumis melo* L.) Gama kavunun morfolojik karakterleri Wahyuni ve ark. (2022) tarafından araştırılmıştır. Meyve şekli, meyve aroması, meyve eti, tat, tohum rengi, meyve yüzeyi renk deseni, meyve ağırlığı, meyve / bitki sayısı ve hasat zamanı bakımından karşılaştırılmıştır ve farklılıklar tespit edilmiştir. Meyve şekli yuvarlak, olgunlaşmış meyve rengi kahverengimsi turuncu, meyve aroması kokulu, tohumların rengi ve meyve eti beyaz olarak saptanmıştır.

Endozyanın yerel kavunu Kinaya'nın fenotipik karakterlerinin kararlılığı araştırılmıştır. Çalışmada 'Kinaya'nın üstün bir yerel kavun çeşidi olarak gelişimini desteklemek için 'Kinanti' ve 'Sonya' ile karşılaştırılmıştır. Gövde rengi, yaprak rengi, çiçeklenme yaşı, meyve tipi, meyve şekli, meyve kabuk rengi bakımından farklı fenotipik karakterlere sahip olduğunu belirtilmiştir. Meyve şekli Sonya genotipi hariç oval, meyve kabuğu Kinanti düz, diğerleri ağıl olarak gözlemlenmiştir. Meyve ağırlığı en yüksek Kinaya F4 900 gr en düşük Kinaya F3 814 gr;

meyve uzunlukları 17,56-1,14 cm; meyve kabuk kalınlığı 0,30- 040 cm arasında deęişiklik tespit edilmiştir. Yaprak şekli üç loblu, tohum şekli ise elips olarak kaydedilmiştir. Suda çözünür kuru madde miktarı ise % 8,4 -9,2 arasında ölçülmüştür ve tohum sayısı en yüksek 315 adet olarak sayılmıştır (Muhammadi ve Daryono, 2022).

Harsh ve ark. (2022), Muskmelon (*Cucumis melo* L.) genotiplerinde morfolojik ve biyokimyasal özellikler kullanarak genetik farklılıkları araştırmışlardır. 26 kavun genotipinin (*Cucumis melo* L.) 32 morfolojik ve 4 biyokimyasal özellik bakımından değerlendirilmiştir. Genotipler arasında 12 grup belirlenmiştir ve gruplar arasında ilk hasat 74 gün, en geç hasat 91 gün olarak hesaplanmıştır. Meyve ağırlığı 190,5- 687,10 gr; meyve uzunluğu 5,68- 12,27 cm; meyve çapı 6,02-10,07; meyve et kalınlığı 1,24-2,00 cm ölçülmüştür. Yaprak karakterleri bakımından ise yaprak eni 10,49-13,19 cm; yaprak uzunluğu 8,05-10,05 cm arasında ölçülmüştür.

Elbakkay ve ark. (2022), kavun çeşitleri gruplarında çiçek yapıları gözlemlemişlerdir. Çeşitlerin %83'ünün ginemonoik olduğunu, sadece (%17) andromonoik olduğu tespit edilmiştir. Aynı çalışmada tohumların krem rengi ile karakterize edilmiştir ve toplam kavun aksesyonlarının %92'sinin krem rengi olduğunu kaydedilmiştir.

Baktemur ve ark. (2023), sebze yetiştiriciliği hakkında yapılan çalışmalarında, kavunların genel olarak şeker miktarı %4-8 arasında değiştiğini bildirirken Türkiye’de yetiştirilen kavunlarda bu miktarın %13-15 olduğu saptanmıştır.

Literatürde morfolojik olarak farklı olduğu ortaya konulan kavunlarda genetik karakterizasyon da yapılmaktadır. Örneğin Letonya'nın kavun genetik kaynaklarının moleküler karakterizasyonu ve basit tekrar dizileri üzerine yapılan bir çalışmada 8 kavun hattı üzerinde 15 SSR bölgesi çalışılmış ve 10'unun hatlarda polimorfik özellik olduğu ortaya konulmuştur (Lepse ve ark., 2008).

Park ve ark. (2013), Kore'nin yerel chamoe çeşitlerinin (*Cucumis melo* var. *makuwa*) yeni nesil dizilenmesiyle SSR markörlerin geliştirilmesi üzerine yaptıkları çalışmada, SSR markörü geliştirme stratejine göre toplam 370 primer grubu tasarlamışlar ve 236'sı astar setler test etmişlerdir ve KM ve SW3 arasında %93 polimorfizm görmüşlerdir. Bu polimorfik SSR'ler başarıyla ağı ve Kırkağaç kavunlarında çoğaltmışlar ve sırasıyla %81 ve %76 polimorfizm tespit etmişlerdir.

SSR moleküler markörleri kullanılarak ticari kavun çeşitlerinin genetik deęişkenliği analiz edilmiştir. Toplam 202 aleli çoğaltmak için polimorfik SSR primerleri kullanılmıştır. 72 kavun genotip araştırmaya dahil edilmiştir ve iki ana gruba ayrıldığı saptanmıştır. Büyük bir genetik deęişkenlik kaynağı olduğu tespit edilmiştir (Carvalho ve ark., 2017).

Ntuli ve ark. (2015), *C. Pepo* genetik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada, basit dizi tekrarlaması (SSR) markörlerini ve rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) kullanmışlardır. Elde edilen genetik dendogramda genetik parametreler, Güney Afrika'daki Kuzey kwazulu-Natal'daki bölgesinde *C. Pepo*' nun geniş bir genetik çeşitliliğine sahip olduğunu ortaya çıkarmışlardır.

Kavun (*Cucumis melo* L.)'da meyve uzunluğu ve şeklini kontrol eden QTL (kantitatif karakter lokusu) tespitini araştıran Park ve Crosby (2004), olgun meyve büyüklüğü ve şeklinin birçok kavun türü için önemli özellikleri olduğunu belirtmişlerdir. Çalışmada Deltex'in ananas kavun (daha büyük meyve boyutu) $\times$ TGR1551 (daha küçük meyve boyutu) melezinden bir F₂ popülasyonu elde edilmiştir. RAPD markörleri kullanarak meyve ağırlığını, uzunluğunu, çapını ve şeklini etkileyen ana QTL belirlenmiştir ve meyve özellikleri için kantitatif kalıtımı gösteren F₂ popülasyonunda meyve ağırlığı, uzunluğu, çapı ve şekli için sürekli dağılımlar bulunmuştur. Meyve ağırlığı ve şekil özellikleri arasında önemli pozitif korelasyonlar tespit edilmiştir. Meyve ağırlığı ile glikoz veya fruktoz arasında önemli bir pozitif korelasyon saptanmıştır.

Güney ve ark. (2020), Bağribütün kavununda polimorfik olan bazı SSR markörlerinin belirlenmesi çalışmalarında, 4 adet yerel Bağribütün kavun genotipi 24 adet polimorfik SSR primerleri kullanarak genetik karakterizasyonu ortaya koymuşlardır. DNA parmak izinin çıkarılmasında kullanılan polimorfik SSR primerlerinden CMSSR12254, CMSSR10506, CMSSR07989 ve CMSSR08902 primerleri yüksek oranda polimorfizm gösterdiği tespit edilmiştir.

Hatipoğlu ve Şensoy (2022), Kavun ıslahında kullanılan bazı moleküler markörlerin geçerliliği tespit edilmiştir. Kapiller elektroforezin agaroz jel elektroforezden daha etkin olduğunu, markörlerin seleksiyonda gene uzaklık durumu dikkate alındığı takdirde daha başarılı olabileceği bildirmişlerdir. Klasik hastalık testleme çalışmaları ile de testleme yapılmasının yararlı olacağı da belirtilmiştir. Aynı zamanda kapiller yöntemin zaman tasarrufu ve çok az örneklerde dahi 1 µl örnekte bile güvenilir sonuç alınmaktadır. Bu nedenle birçok örneği kısa bir sürede test edebilmesinden dolayı avantajlarının oldukça yüksek olduğunu ifade edilmiştir.

Bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu, haploid bitki eldesi ve heterotik grup oluşturulmasını Tantawy (2016), araştırmıştır. 17 genotipe ait 319 kavun bitkisi kullanmıştır ve moleküler karakterizasyon çalışmalarında 47 adet SSR primeri tüm genotiplerde incelenmiştir. Polimorfik olan 7 adet SSR primeri ile çalışmaya devam edilmiştir. Analizlerin sonucunda 17 genotipe ait bitkilerin moleküler olarak

sınıflandırılmasında, 76 tane double haploid bitkinin moleküler sınıflandırılmasında 5 farklı grup elde edilmiştir.

Li ve ark. (2018), kavun çeşitleri için moleküler kimlik kartlarının oluşturulmasında SSR işaretlerinin kullanılmıştır. Çalışmada 24 ticari kavun çeşidi ve 6 ebeveyn çeşit toplanmıştır. 159 primer taranarak çok sayıda genotip ve 9 farklı kavun çeşidini ayırt etme yeteneğine sahip 18 SSR çekirdek primer seçilmiştir. 18 çift primer yüksek polimorfik bilgi içerdiği kaydedilmiştir.

Chikh-Rouhou ve ark. (2021a), Tunus kavun (*Cucumis melo* L.) popülasyonunun genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısının fenotipik özellikleri SSR moleküler markörler kullanılarak değerlendirmişlerdir. 24 fenotipik özellik ve sekiz SSR markörü kullanarak 24 Tunus kavun çeşidinin genetik çeşitliliği ve fenotipik yapısı değerlendirilmiştir ve kavun genotipleri arasında yüksek derecede polimorfizm olduğu saptanmıştır. SSR'lere dayalı moleküler kümeleme analizleri sonucu, kavun çeşitlerini beş gruba ayrılmıştır. Fenotipik analiz sonucunda ise çeşitler tatlı ve tatlı olmayan kavunlar olarak ait iki gruba ayrılmıştır. Kombine fenotipik-moleküler veriler kullanılarak İnodorus, Cantalupensis ve Reticulatus alt grupları arasında daha kesin bir kümeleme elde edilmiştir. Bu farklılıklara rağmen, her iki markör de kavun genotiplerin çeşitliliği hakkında önemli bilgiler sağlanmıştır.

Haggag ve ark. (2021), kültür edilen 10 Mısır kavununun (*Cucumis melo* L.) genetik çeşitliliklerinin moleküler markörlerle değerlendirilmesi araştırılmıştır. Gen bankasında muhafaza edilen 10 kavun genotipi arasındaki genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Meyvelerin kalitatif karakterlerinde büyük farklılıklar elde edilmiştir. Kantitatif özelliklerde ise önemli farklılıklar ortaya konmuştur.

Hint kavun koleksiyonlarında yer alan genotiplerin sulanmış ve kısıtlı sulama koşulları altında SSR markörler ve morfolojik özelliklere bağlı genetik çeşitlilikleri araştırılmıştır. 48 kavun çeşidi çeşitli morfolojik özellikler ve SSR markör kullanılarak analiz edilmiştir. Genotip çeşitliliği, meyve sayısı, erkencilik ve yüksek verim açısından kavun gen havuzunu yeni alellerle zenginleştirmiştir (Ansari ve ark., 2020).

Mikrosatellit işaretleyiciler kullanılarak kavunun farklı kavun grupları arasında genetik karakterizasyon ve popülasyon yapısı analiz edilmiştir. 46 kavun çeşidinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısı araştırılmıştır. 50 SSR markörü kullanılmıştır ve 38 genotip oldukça polimorfik özellik gösterdiği bulunmuştur (Saha ve ark., 2022).

Zhang ve ark. (2023), kavunda SSR ve SNP markörleri kullanılarak genetik çeşitlilik analizi ve çeşit tanımlaması yapılmıştır. İki güçlü moleküler markör sistemi olan SSR'ler ve basit tek nükleotid polimorfizmleri (SNP)'lerin çeşit tanımlaması için hızlı ve güvenilir bir

yöntem olarak kullanıldığını saptanmıştır. 259 kavun çeşidinin ayırt edilmesinde SSR genotiplemesi ile SNP genotiplemesi arasında anlamlı bir doğrusal korelasyon olduğu bildirilmiştir ve bu durumun moleküler markör yönteminin güvenilir ve kararlı olduğunu göstermiştir. SSR ve SNP lokusları ve primerleri, kavunda çeşit tanımlama, çeşit denetimi ve fikri mülkiyet haklarının korunmasında yaygın bir şekilde uygulanabileceği ifade edilmiştir.

SSR markörlerine dayalı Türkiye'deki kavun çeşitleri (*Cucumis melo*) arasındaki genetik çeşitlilik Kaçar ve ark. (2012) tarafından araştırılmıştır. Türkiye'nin farklı illerinden toplanan 81 kavun genotipi ile NRA/Fransa'dan temin edilen 15 referans kavun genotipi karşılaştırılmıştır. Türk çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu bu genotiplerinin sağladığı çeşitlilik ıslah çalışmaları için ülkemizde önemli bir kaynak olabileceği vurgulanmıştır.

Genetik yerel çeşitler, kendilenmiş hatlar, çeşitler, yabani akrabalar ve egzotik popülasyonlardan oluşan 70 kavun çeşidi, 15 meyve özelliği ve 30 SSR markörü kullanılarak karakterize edilmiştir. 24 polimorfik SSR, orta derecede polimorfik bilgi içeriğine (0.43) ve genetik çeşitliliğe (0.44) sahip 67 farklı alel saptanmıştır. Egzotik ve yerli genetik kaynaklar arasındaki hibridizasyon, modern kavun çeşitlerinde genetik iyileştirme ve yeni özelliklerin girişi için kullanılabileceği tespit edilmiştir (Singh ve ark., 2020).

Kavunun türler arasında popülasyonunda meyve ve kalite karakterleri için SSR analizi Singh ve ark. (2015) yapmışlardır. Kavunun meyve özelliğinde farklılıklar bulunduğunu tek veya çoklu genler tarafından kontrol edildiğini ifade edilmiştir. Meyve karakterleri için (meyve uzunluğu, meyve ağırlığı, bitki başına meyve sayısı ve askorbik asit içeriğinin) kullanılan SSR markörlerin önemli ölçüde farklılıkları ortaya koyduğunu belirlenmiştir.

Hindistan'daki yabani kavun çeşitliliği (Pencap Eyaleti) üzerine yapılan bir araştırmada, Hindistan'ın altı farklı ekolojik bölgesinden toplanan 43 yerel kavun genotipi arasındaki genetik çeşitlilik 16 Basit Dizi Tekrarı (SSR) lokusunda, bitki morfolojik ve meyve morfolojik özelliklerinde, verim ile ilgili özellikler, kök nematod direnci ve biyokimyasal bileşim (askorbik asit, karotenoidler, titre edilebilir asitlik) bakımından incelenmiştir. Bitki ve meyve özelliklerinde çeşitler arasında farklılık bulunmuştur ve SSR analizi, yabani kavun germplazmında yüksek düzeyde bir genetik değişkenlik gösterdiği kaydedilmiştir (Roy ve ark., 2012).

Stepansky ve ark. (1999), kavunların (*Cucumis melo* L.) fenotipik ve moleküler varyasyonları açısından türler arası sınıflandırılması araştırmışlardır. 23 Ülkeden farklı genotipleri temsil eden 54 genotip incelenmiştir. Genotipler arasındaki DNA polimorfizmi, DNA polimorfizmi tespit eden ISSR ve RAPD teknikleri kullanılarak değerlendirilmiştir.

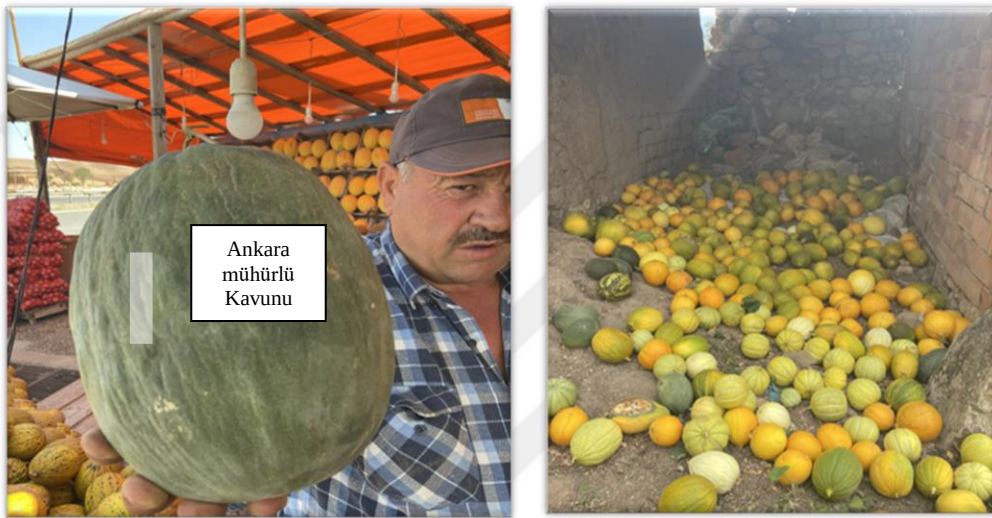
Kümeleme analizi sonucu Kuzey Amerika ve Avrupa *cantalupensis* ve *inodorus* çeşitleri ile “egzotik” çeşitler arasında büyük farklılıklar olduğunu saptanmıştır.

EST-SSR markörleri ile araştırılan Çin kavun yerel ırkların genetik varyasyonları araştırılmıştır. Çin'de yetiştirilen tüm yerel ırkların temsil eden 21 ince kabuklu yerel ırk dahil olmak üzere 27 kavun aksesyonun genetik varyasyonları için 22 EST-SSR markörü kullanılmıştır ve 19 EST-SSR polimorfizm tespit edilmiştir ve 13'ü işlevsel olduğu saptanmıştır. EST-SSR tarafından tespit edilen alel sayısı 2 ile 5 arasında değişmekte olup ortalama 3'tür. Her bir lokus için PIC değeri 0.21 ile 0,68 arasında değişmekte olup ortalama 0.46'dır. 27 kavun aksesyonu arasında. İki nükleotid tekrarlı markörler lokus başına ortalama 2,7 lokus başına alel üretirken, üç nükleotid tekrarlı markörler lokus başına ortalama 3,4 alel ve tetra-nükleotid tekrarı bulunmuştur ve markörler lokus başına sadece 2 alele sahip olduğu tespit edilmiştir (Kong ve ark., 2011).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Morfolojik Çalışmalar

Araştırma Kırıkkale, Ankara ve Kırşehir illerinden 2021 yılı Temmuz-Aralık ayları arasında yerel pazarlar ve üretici arazileri gezilerek morfolojik farklılıklar ve tohum kaynağı sorgulanarak 61 adet yerel kavun genotipi derlenmiş ve tez çalışmasının bitkisel materyalini oluşturmuştur. Derlenen genotipler ve derleme çalışmalarından bazı resimler Şekil 3.1, Şekil 3.2 ve Şekil 3.3’ te verilmiştir.



Şekil 3.1. Toplanan yerel kavun genotiplerinin genel görünümü



Şekil 3.2. Toplanan yerel kavun genotiplerinin genel görünümü



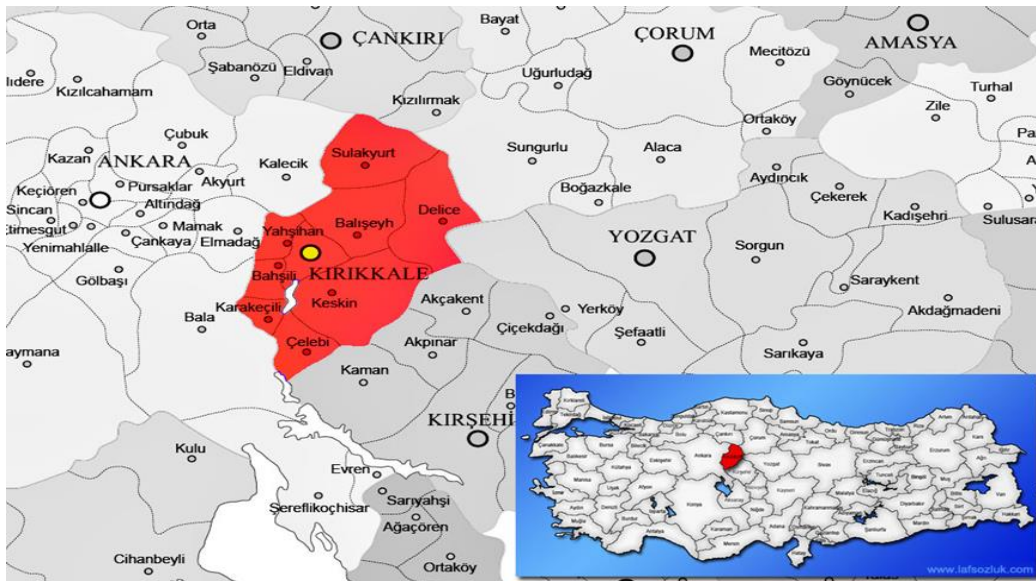
Şekil 3.3. Toplanan yerel kavun genotiplerinden bir örnek görünüm

3.1.1. Araştırma Yeri

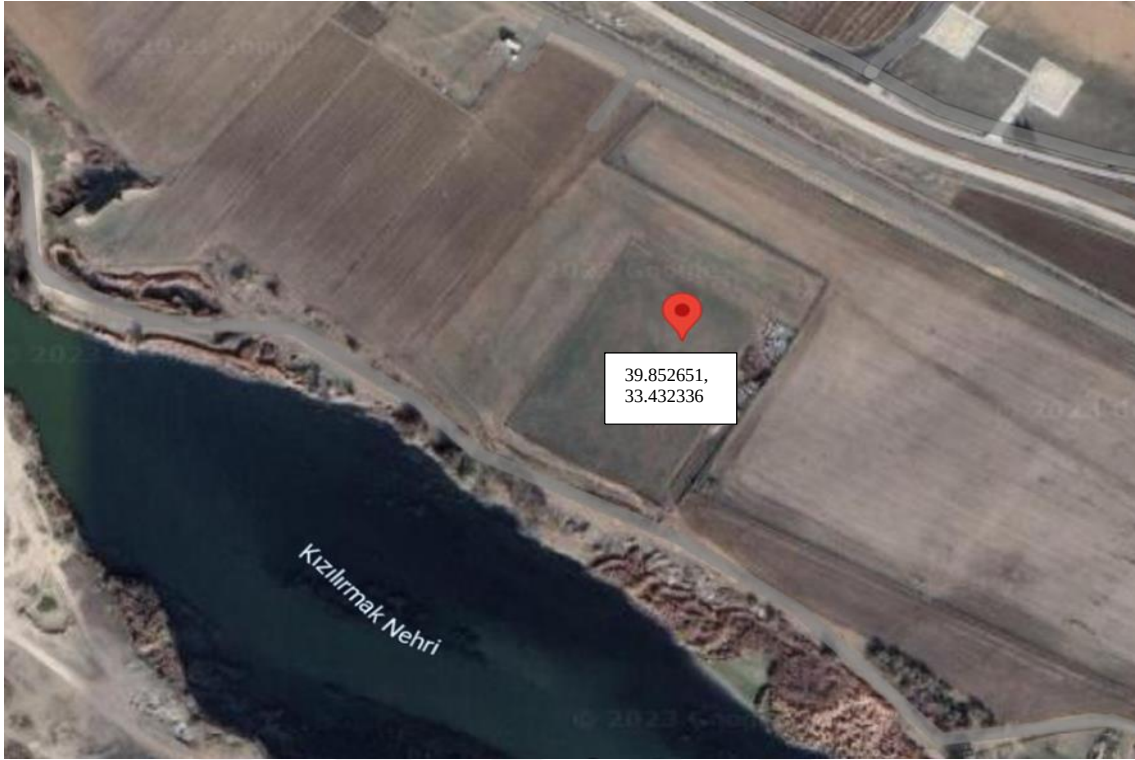
Araştırma yerinin konumu, iklim ve toprak özellikleri aşağıda ayrı ayrı başlıklar halinde verilmiştir

3.1.1.1. Araştırma Yeri Konumu

Araştırmaya esas konu olan Kırıkkale ve ilçelerinin haritadaki yeri ve konumu (39.852651, 33.432336 koordinatları) Şekil 3.4.'de uydudaki konumu Şekil 3.5'te verilmiştir.



Şekil 3.4. Kavun Materyali Toplanan ilin Haritadaki Görünümü



Şekil 3.5. Araştırma yerinin uydudaki görünümü.

3.1.1.2. Araştırma Yerinin İklim Özellikleri

Araştırma yerinin üretim dönemindeki iklim verileri Kırıkkale Meteoroloji Müdürlüğü Kurumundan elde edilmiş ve Çizelge 3.1’de verilmiştir. Çizelge 3.1’de deneme sahasında iklimin kavun yetiştiriciliğine uygun olduğu görülmektedir.

Çizelge 3.1. Araştırma Yerinin İklim Özellikleri

KIRIKKALE-YAHŞİNA METEOROLOJİK VERİLERİ Yahşıhan 19216 No.'lu İstasyon Verileri												
Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Aylık Ortalama Min. Sıcaklık (°C)				7,9	10,3	16,1	16,9	21,1	14,6			
Aylık Min. Sıcaklık (°C)				-0,5	5,4	14	13,5	18,3	7			
Aylık Ortalama Maks. Sıcaklık (°C)				21,4	23,4	27,7	29,9	34,3	29			
Aylık Ortalama Rüzgar Hızı (m/s)				2,8	2,3	2,6	2,8	2,4	2,2			
Aylık Ortalama Sıcaklık (°C)				14,6	16,8	21,8	23,8	27,7	21,6			
Aylık Toplam Yağış (mm kg/m²)				15,7	23,7	99,1	2,8	0,3	3,9			
Aylık Maks. Sıcaklık (°C)				29,7	33,9	34,2	35,8	37,5	36,7			

3.1.1.3. Araştırma Yerinin Toprak Özellikleri

Araştırma arazisinden toprak özelliklerini belirlemek amacıyla 0-30 cm derinliğinde toprak örnekleri alınarak Tarım ve Orman Bakanlığı Toprak, Gübre ve Su Kaynakları Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından analiz ettirilmiş ve sonuçlar Çizelge 3.2’de sunulmuştur. Çizelgedeki verilere ve analizi yapan uzmanların tavsiyesine göre tavsiye edilen gübrelemeler yapılmıştır.

Çizelge 3.2. Araştırma Yerinin Toprak Özellikleri

Laboratuvar Numarası	Numune Bilgisi	Ekilecek Bitki	Derinlik	Suyula Doygunluk (%) TS8333	Bünye Sınıfı Richards. L.A.1954	Suyula Doygun Toprakta EC*(ds/m) TL 5.04-31/Rev.4	Suyula Doygun Toprakta pH TL 5.04-32/Rev. 3	Kireç (CaCO ₃)* (%) TS EN ISO 10693	Organik Madde* (%) TL5.04-25/Rev.3	Toplam Azot (%) Dumas. 1831	Alınabilir Fosfor P205 (kg/da) Olsen ev Ark., 1954	Alınabilir potasyum (K ₂ O) * (kg/da) TS 8341
22-TP-01776	Yahşıhan	Kavun	-	44	L	0.43	7.76	14.90	1.69	0.01	24.90	287.2

3.1.2. Denemede Kullanılan Kavun Genetik Materyali

Kırıkkale ve yöresinde kavun tarımı yapılan alanlardan yerel gen kaynaklarının toplanması 2021 yılı hasat döneminde hem tarlada hem de üretici beyanı esas alınarak Temmuz-Aralık ayları arasında yerel üretim materyalleri toplanmıştır. Araştırmaya konu olan üretim materyalleri, Kırıkkale iline bağlı; Bahşılı, Balışeyh, Çelebi, Delice, Keskin, Yahşıhan, ilçelerinden toplam 55 adet; Ankara ve Kırşehir illerinden ise toplam 6 adet kavun genetik popülasyonu temin edilmiştir. Toplanan yerel üretim materyalleri Çizelge 3'te verilmiştir.

Çizelge 3.3. Toplanan Yerel Genotiplerin Lokasyon ve Kodları

Genotip Kodu	Lokasyon	Yerel Adı
A1	Ankara/Koçhisar	Sarı Kışlık Kavun
A2	Ankara/Koçhisar	Köy Kavunu
A3	Ankara/Koçhisar	Depe köy Kavun
Bş1	Kırıkkale / Balıseyh	Semen Kavun
Bş2	Kırıkkale / Balıseyh	Kırkağaç Kavun
Bş3	Kırıkkale / Balıseyh	Köy Kavunu
Bş4	Kırıkkale / Balıseyh	Kış Kavun
Bş5	Kırıkkale / Balıseyh	Çankırı Kavunu
Bş7	Kırıkkale / Balıseyh	Altınbaş Kavunu
Bş8	Kırıkkale / Balıseyh	Dalaman Kavunu
Bş9	Kırıkkale / Balıseyh	Çikolata Kavun
B1	Kırıkkale / Bahşılı	Kıllı Kavun
B3	Kırıkkale / Bahşılı	Yerli Kavun
B4	Kırıkkale / Bahşılı	Yaz Kavunu
B5	Kırıkkale / Bahşılı	Kara divrek
B6	Kırıkkale / Bahşılı	On Dilim
B8	Kırıkkale / Bahşılı	Kış Kavun
B9	Kırıkkale / Bahşılı	Sarı Dilim
Ç1	Kırıkkale /Çelebi	On Dilim
Ç2	Kırıkkale /Çelebi	Sarı Divrek
D1	Kırıkkale/ Delice	Kokulu Kavun
D2	Kırıkkale/ Delice	Çikolata Kavun
D3	Kırıkkale/ Delice	Çakır hacılı Kavun
D4	Kırıkkale/ Delice	Polatlı Kavun
D5	Kırıkkale/ Delice	Beyaz Kavun
D7	Kırıkkale/ Delice	Ankara Mühürlü
D9	Kırıkkale/ Delice	Yeşil Kavun
D11	Kırıkkale/ Delice	Çikolata Kavun
D12	Kırıkkale/ Delice	Sarıcalı Kavun
D14	Kırıkkale/ Delice	Sarımbey Kavunu
K1	Kırıkkale /Keskin	On Dilim
K2	Kırıkkale /Keskin	Yerli Kavun
K3	Kırıkkale /Keskin	Yazlık Kavun
K5	Kırıkkale /Keskin	Kışlık Kavun
K6	Kırıkkale /Keskin	Sarı Divrek
K7	Kırıkkale /Keskin	Köy Kavun
K8	Kırıkkale /Keskin	Kara Divrek

K9	Kırıkkale /Keskin	Eski Kavun
K10	Kırıkkale /Keskin	Divlek Kavun
K11	Kırıkkale /Keskin	Kaşık Kavun
Y2	Kırıkkale /Yahşihan	Köy Kavun
Y3	Kırıkkale /Yahşihan	Ağlı kavun
Y4	Kırıkkale /Yahşihan	Hisarköy kavunu
Y5	Kırıkkale /Yahşihan	Yuva Kavun
Y7	Kırıkkale /Yahşihan	Beyaz Kavun
Y8	Kırıkkale /Yahşihan	Kara Kavun
Y9	Kırıkkale /Yahşihan	Kara Kavun
S1	Kırıkkale/Sulakyurt	On Dilim
S2	Kırıkkale/Sulakyurt	Altınbaş Çankırı Kavunu
S6	Kırıkkale/Sulakyurt	Kış Kavun
S7	Kırıkkale/Sulakyurt	On Dilim
S9	Kırıkkale/Sulakyurt	Çilli Kavun
S10	Kırıkkale/Sulakyurt	On Dilim
S11	Kırıkkale/Sulakyurt	Dalaman Kavunu
S12	Kırıkkale/Sulakyurt	Alaaddin Kavun
S14	Kırıkkale/Sulakyurt	Portakal Kavun
KKA1	Kırıkkale/Merkez	Hacılar
KKA2	Kırıkkale/Merkez	Pazarcık
KRŞ2	Kırşehir	Altınbaş Kavunu
KRŞ3	Kırşehir	On Dilim
KRŞ4	Kırşehir	Koçhisar Kavunu

3.1.3. Toprak Hazırlığı ve Tohum Ekimi

Kırıkkale Yahşihan ilçesinde bulunan deneme alanı 2022 yılı Nisan ayı içerisinde önce pullukla derin sürüm yapılmış, sonra kültivatör kullanılarak tohum ekimine hazır hale getirilmiştir. Deneme alanı sürümünden sonra her sırada 4 farklı genotip olacak şekilde toplam 20 sıra hazırlanmıştır. Her sıraya damla sulama boruları serilmiştir. Denemede kullanılan yerel kavun materyalleri birbirinden ayrı ve her birinden 20'er bitki elde edilecek şekilde 25 Nisan 2022 tarihinde sıra arası 2 m, sıra üzeri 1m olacak şekilde tohum ekimi yapılmıştır. Deneme alanının toprak işlemesi ve arazinin hazırlanması ile ilgili resimler Şekil 3.6. ve Şekil 3.7 verilmiştir.



Şekil 3.6. Araştırma alanı toprak sürümünden genel bir görünüm (Orijinal)



Şekil 3.7. Araştırma alanından genel bir görünüm (Orijinal)

3.1.4. Bakım İşlemleri

Hazırlanan araştırma alanında üretim materyallerinin ekimine başlamadan önce her bir genotipte “Thiram” etkili madde ile tohum ilaçlaması yapılmıştır.

Daha sonra tohum ekimi ile beraber toprak analiz sonuç raporu dikkate alınarak yaklaşık 50 kg/da 20:20:20 kompoze gübre verilmiştir. Tohum ekim tamamlandıktan sonra ilk sulama yapılmıştır. Çıkış sağlanan materyallerin gelişimleri gözlemlenerek her sırada 20 bitki kalacak şekilde seyreltme, daha sonra boğaz doldurma çapası (Şekil 3.8) yapılmıştır. 2022 yılı Mayıs, haziran ayları mevsim normalleri üzerinde şiddetli yağışlar ve dolu alması nedeniyle ilk çapadan sonra ikinci çapa işlemi yaklaşık 1 ay sonra yapılmıştır ve 2 defa otlanma sebebiyle ara çapa (Şekil 3.9.) yapılmıştır. Yağışlardan hemen sonra 10 gün aralıklarla iki defa Külleme hastalığı için Fungisit (625 g/l Propamocarb HCL + 62,5 g/l Fluopicolide) ve kavun sineğine karşı insektisit (150 g/l Thiacloprid + 20 g/l Deltamethrin) kullanılmıştır (Şekil 3.10). Bitki gelişim döneminde mevsim normalleri farklılık göstermiştir. Bu nedenle yerel kavun bitkilerini desteklemek amaçlı aminoasit içerikli sıvı gübre yapraktan uygulanmıştır. Bitki büyüme ve gelişmesi boyunca gerekli gözlem ve ölçümler yapılmıştır. Ayrıca derlenen kavun genotipleri yetiştiricilik sürecinde kendileme yapılarak her bir genotipte saflaştırılmaya başlanmıştır. Olgunlaşmasını tamamlayan kavunlar Ağustos- Eylül ayları içerisinde hasat edilmiş ve tohumları çıkarılmıştır. Tohumlar çıkarıldıktan sonra süzgeçte yıkanmıştır. Yıkanan tohumlar kurutma kağıtlarına serilerek kuruması sağlanmıştır.



Şekil 3.8. İlk çapa yapılan kavun bitkilerinden genel bir görünüm (Orijinal)



Şekil 3.9. Ara çapa yapılmış kavun bitkilerinden genel bir görünüm (Orijinal)



Şekil 3.10. Kavun bitkileri ilaçlama yapılırken genel bir görünüm (Orijinal)

3.1.5. Güncelleştirilmiş UPOV Parametrelerine göre Yapılan Gözlem Ölçün Tartım ve Analizler

Araştırmada belirlenmiş UPOV parametreleri dikkate alınarak inceleme yapılmıştır. İncelenen özelliklerden ölçümle elde edilenler Çizelge 3.4'te gözlem ile elde edilen özellikler ise Çizelge 3.5'de verilmiştir.

Çizelge 3.4. Ölçümle elde edilen genotiplerin tanımlanmasında kullanılan güncelleştirilmiş UPOV parametrelerin sınıflandırılması.

Özellik	Grup	Rakamsal İfade	Ölçüm Değeri
Hipokotil Uzunluğu (mm)	Kısa	3	<27,25
	Orta	5	27,25-35,97
	Uzun	7	>35,97
Yaprak en/boy indeksi (cm)	Kısa	1	≤1,22
	Orta	2	1,23-1,36
	Uzun	3	≥1,36
Yaprak En (cm)			≤11,96
	Dar	3	11,97-13,70
	Orta Geniş	5 7	≥13,71
Yaprak Uzunluk (cm)	Kısa		≤9,10
	Orta	3	9,11-10,30
	Uzun	5 7	≥10,31
Yaprak sapı uzunluğu (cm)	Kısa	1	≤6,10
	Orta	2	6,11-7,60
	Uzun	3	≥7,61
Erkek çiçekte erkencilik (gün)			≤25
	Erkenci	3	26-34
	Orta Geçci	5 7	≥35
Dişi çiçekte erkencilik (gün)			≤35
	Erkenci	3	36-44
	Orta Geçci	5 7	≥45
Meyve Ağırlığı (g)	Hafif	1	≤1360,00
	Orta	2	1361,00-2340,00
	Ağır	3	≥2341,00
Meyve olgunlaşma zamanı (gün)	Erkenci	1	<70
	Orta	2	70-90
	Geçci	3	91-110
	Çok Geçci	4	>110

Özellik	Grup	Rakamsal İfade	Ölçüm Değeri
Meyve boyu (cm)	Kısa	1	>145,00
	Orta	2	145,00-168,00
	Uzun	3	<168,00
Meyve eni (cm)	Kısa	1	>135,00
	Orta	2	135,00-145,00
	Uzun	3	<145,00
Meyve sap uzunluğu (mm)	Kısa	1	≤25,00
	Orta	2	25,01-28,50
	Uzun	3	≥28,50
Meyve sap kalınlığı (mm)	İnce	3	≤5,5
	Orta	5	5,51-6,5
	Kalın	7	≥6,51
Mühür büyüklüğü	Küçük	1	
	Orta	2	
	Büyük	3	
Meyve eti kalınlığı (cm)	İnce	1	<24,00
	Orta	2	24,00-35,00
	Kalın	3	>35,00
Meyve kabuk kalınlığı (cm)	İnce	1	<6,00
	Orta	2	6,00-8,00
	Kalın	3	>8,00
Meyvede SÇKM (%)	Düşük	1	≤8,50
	Orta	2	8,51-10,00
	Yüksek	3	>10,00
Meyvede pH	Düşük	1	≤5,83
	Orta	2	5,84-6,29
	Yüksek	3	≥6,30
Tohum ağırlığı (g)	Düşük	1	≤0,41
	Orta	2	0,42-0,85
	Yüksek	3	≥0,86

Çizelge 3.5. Gözlemle elde edilen genotiplerin tanımlanmasında kullanılan güncelleştirilmiş UPOV parametrelerin sınıflandırılması.

Özellik	Grup	Rakamsal İfade	Ölçüm Değeri
Yaprak karakterleri	Tüm Üç loblu Beş loblu	1 2 3	
Yaprak lobluluğu	Yüzeysel Orta Derin	3 5 7	
Yaprak rengi	Açık yeşil Yeşil Koyu yeşil	1 2 3	
Yaprak taban şekli	Kalp Sivri Diğer	1 2 3	
Çiçek cinsiyet tipi	Monoik Andromonoik Ginoik Erkek kısır Dişi kısır	1 2 3 4 5	
Çiçek Rengi	Beyaz-sarı Sarı-krem Sarı Koyu sarı Turuncu Yeşil	1 2 3 4 5 6	
Dişi organda tüylenme	Kısa Orta Uzun	1 2 3	
Yumurtalık şekli	,Düz Yuvarlak Uzun Çok uzun	1 2 3 4	
Meyve şekli	Yuvarlak Uzun Eliptik	1 2 3	
Baskın meyve kabuk rengi	Beyaz Açık sarı Krem Soluk yeşil Yeşil Koyu yeşil Siyahımsı yeşil Turuncu Kahverengi	0 1 2 3 4 5 6 7 8	

Özellik	Grup	Rakamsal İfade	Ölçüm Değeri
	Gri Diğer	9 10	
Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi	Beyaz Sarı Yeşil Gri-yeşil	1 2 3 4	
Olgun meyve kabuk zemin rengi Yoğunluğu	Açık Orta Koyu	1 2 3	
Olgun meyve kabuk desen rengi	Sarı Kahverengi Yeşil	1 2 3	
Kabukta ikincil renk dağılımı	Yok Benekli Lekeli Çizgili Bantlı	0 1 2 3 4	
Meyve eti rengi	Beyaz Yeşil Krem-sarı Turuncu	1 2 3 4	
Meyve taban şekli	Sivri Yuvarlak Düz	1 2 3	
Meyve uç şekli	Sivri Yuvarlak Yassı	1 2 3	
Tohum hilum sonu şekli	Sivri Küt	1 2	
Tohum sayısı	Az Orta Fazla	1 2 3	
Tohum rengi	Beyaz Krem Sarı Ten rengi Kahverengi	0 1 2 3 4	

3.1.5.1. Hipokotil Uzunluđu

Toprak yüzeyi ile kotiledon yaprak arasındaki kısım ölçölmüştür. Her genotipten 10 fidede 0.01 mm duyarlı dijital kumpast ile “mm” cinsinden ölçölmüştür.



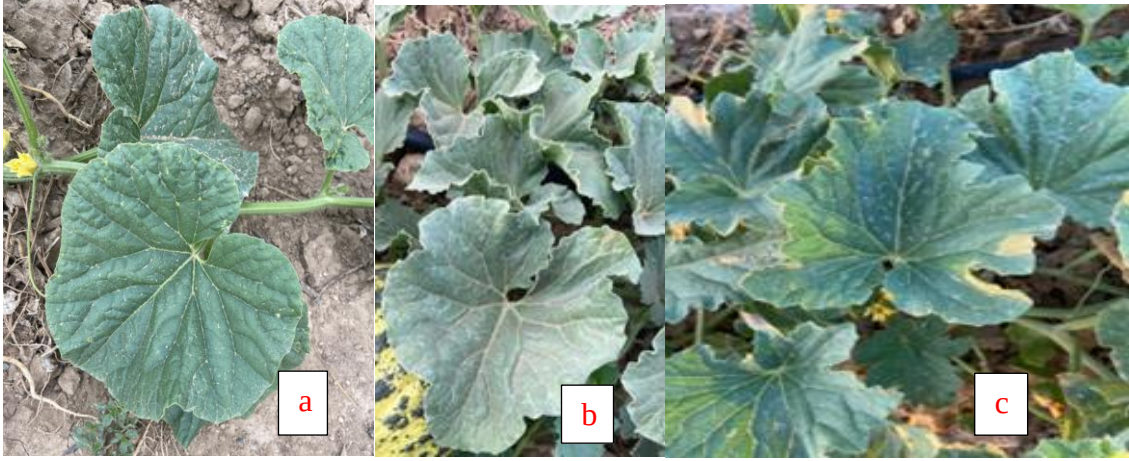
Şekil 3.11. Hipokotil uzunluđu (Orijinal)

3.1.5.2. Yaprak karakterleri

Ana gövdede gelişmesini tamamlayan 5.-7. Yapraklarda yapraklar, tüm, üç loblu, beş loblu, 3- palmately loblu, 5-palmately loblu ve diğeri olarak gruplandırılan kriterlere göre ifade edilmiştir.

3.1.5.3. Yaprak lobluluđu

Bitkinin ortasındaki yaprak tamamen genişlediğinden lobluluđa bakılmıştır. Yaprak lobluluđu için her genotipten 10 bitkiye bakılmış; sığ, orta ve derin olarak belirtilmiştir.



Şekil 3.12. UPOV kriterlerine göre gözlemlenen ve değerlendirilen yaprak özellikleri (a. ve b. tüm loblu, yaprak lobluluğu sıg, kalp şekilli; c. beş loblu, yaprak lobluluğu orta, sivri şekilli). (Orijinal)

3.1.5.4. Yaprak rengi

Bitkinin tam ortasındaki yaprak tamamen genişlediği zaman yaprak rengi, açık yeşil, yeşil, koyu yeşil, değişken, diğer olarak gözlenmiştir. Bu işlem için her genotipten 10 bitkinin yaprakları incelenmiştir.

3.1.5.5. Yaprak en/boy indeksi

Yaprak genişlemesiyle, ana dalın ortasındaki yaprak, yaprak sapının bitiminden uca doğru olan kısmı ile ana dalın ortasındaki en geniş kısım alınarak yaprak eni ölçülerek belirlenmiştir. Her genotipten 10 bitkide cetvel ile “cm” olarak ölçülmüştür.



Şekil 3.13. Yaprak en ve boy ölçümü (Orijinal)

3.1.5.6. Yaprak taban şekli

Ana gövdede gelişmesini tamamlayan yapraklar esas alınarak her genotipten 10 bitki gözlenerek kalp şekli, sivri ve diğer olarak ifade edilmiştir.

3.1.5.7. Yaprak sapı uzunluğu

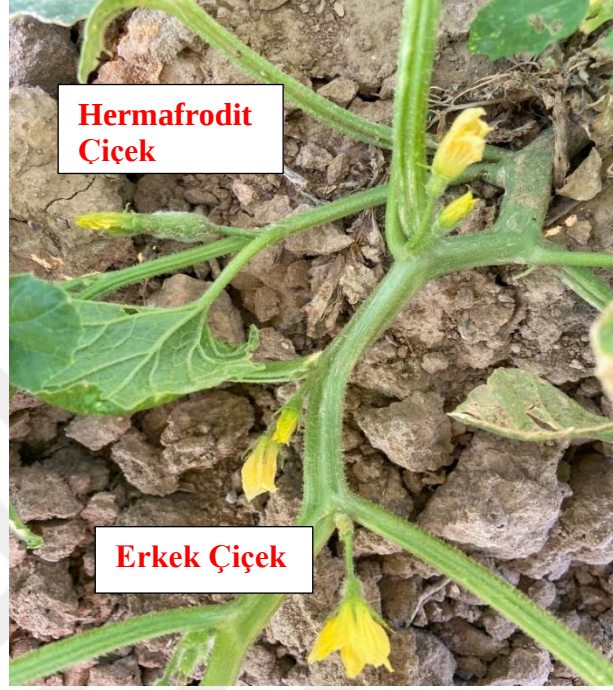
Yaprak tabanından, yaprak sapının kesiştiği noktaya kadar ölçülmüştür. Her genotipten 10 bitkide cetvel ile “cm” olarak ölçülmüştür.



Şekil 3.14. Yaprak sapı uzunluğu (Orijinal)

3.1.5.8. Çiçek cinsiyet tipi

Ana gövde üzerinde birinci çiçekler esas alınarak *monoecious*, *andromonoecious*, *gynoecious*, erkek kısır, dişi kısır, diğer olarak çiçek tipi belirlenmiştir.



Şekil 3.15 Ana gövde üzerinde Andromonik çiçek görünümü (Orijinal)

3.1.5.9. Dişi çiçek/erkek çiçek oranı

Her genotipten 10 bitki tohum ekiminden itibaren gözlemlenerek, dişi ve erkek çiçek oranı sadece dişi, çoğunlukla dişi, dişi erkek eşit, çoğunlukla erkek, sadece erkek, diğer olarak ifade edilmiştir.

3.1.5.10. Erkek çiçekte erkencilik

Genotipler tohum ekiminden itibaren gözlemlenerek, %50 erkek çiçek açtığı zamana kadar olan gün sayısı hesaplanmıştır ve erkenci, orta, geççi olarak belirtilmiştir.

3.1.5.11. Dişi çiçekte erkencilik

Genotipler tohum ekiminden itibaren gözlemlenerek %50 dişi çiçek açtığı zamana kadar olan gün sayısı hesaplanmıştır ve erkenci, orta, geççi olarak belirtilmiştir.

3.1.5.12. Çiçek Rengi

Her genotipten yeni açılmış 10 adet çiçek taç yaprağının, Beyaz- sarı, sarı-krem, sarı, koyu sarı, turuncu, yeşil, diğer kriterlerine göre uygun bir renk gözlemi yapılmıştır.



Şekil 3.16. Çiçek rengi (Orijinal)

3.1.5.13. Dişi organda tüylenme

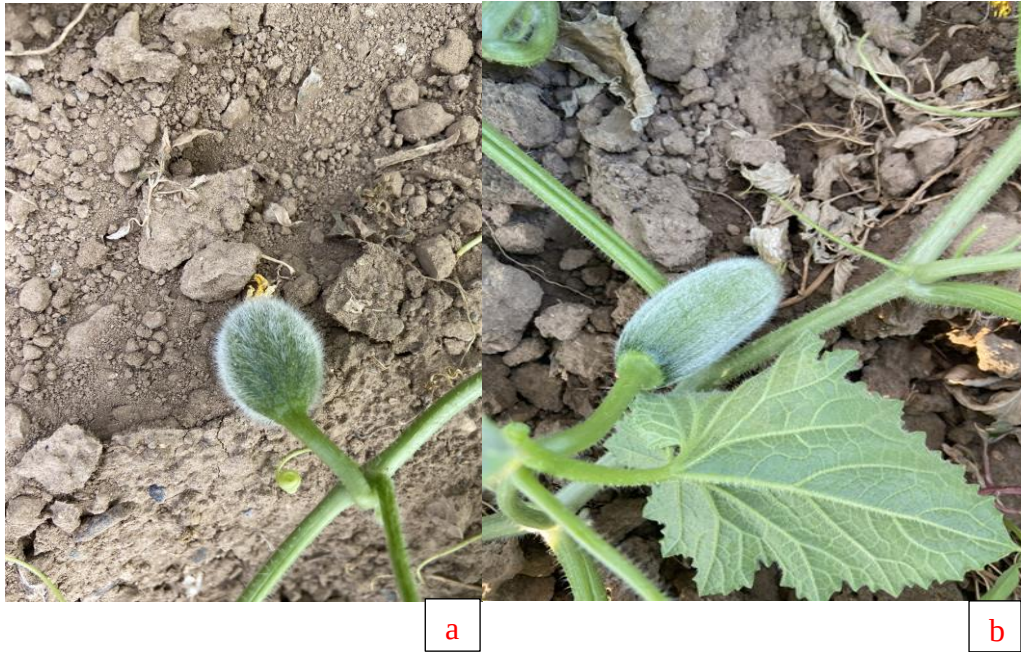
Her genotipten 10 bitkinin dişi çiçekleri gözlemlenerek kısa, orta, uzun olarak dişi organda tüylülük belirlenmiştir.



Şekil 3.17. Dişi organda tüylülük (Orijinal)

3.1.5.14. Yumurtalık şekli

Her genotipten 10 bitkiye ait yumurtalıklar gözlemlenerek kriterlere göre sınıflandırılarak yumurtalık şekline düz, yuvarlak, uzun, çok uzun olarak ifade edilmiştir.



Şekil 3.18. Yumurtalık şekli a. Yuvarlak b. Uzun (Orijinal)

3.1.5.15. Meyve büyüklüğü

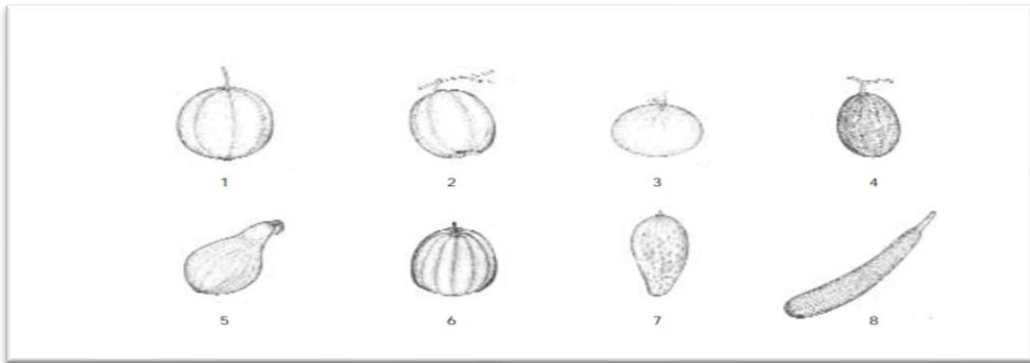
Her kavun genotipinden hasat edilmiş 10 adet meyvelerin ayrı ayrı ağırlıkları tartılarak meyvelerin ortalama ağırlıkları “g” olarak çok küçük(<100g), çok küçük-küçük(100-200g), küçük (201-450), küçük-orta (451-800g), orta (801-1200), orta-büyük (1201-1600), büyük (1601-2000), büyük-çok büyük (2001-2600), çok büyük (>2600g) kriterler göz önüne alınarak sınıflandırılmıştır.



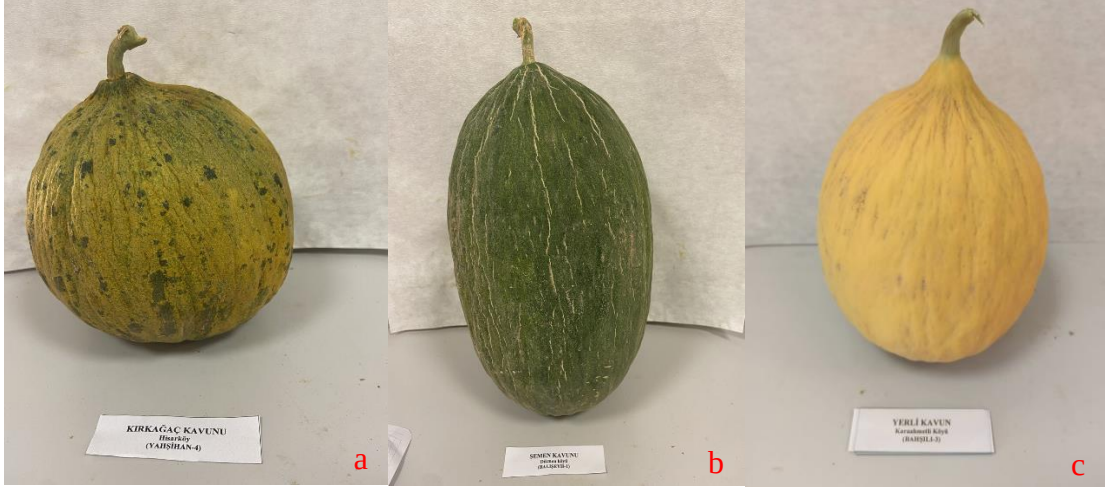
Şekil 3.19. Genotiplerin genel görünüm (Orijinal)

3.1.5.16. Meyve Şekli

Meyveler olgunluğa ulaştığı dönemde, her kavun genotipinden 10 meyve kullanılarak Şekil 3.20. 'de verilen kriterlere göre gözlemlenerek yuvarlak, eliptik, armudi, basık, uzun, çok uzun olarak meyve şekilleri belirlenmiştir.



Şekil 3.20. UPOV Meyve Şekli (Orijinal)



Şekil 3.21. Meyve Şekli a) yuvarlak b) uzun c) eliptik (Orijinal)

3.1.5.17. Meyve Olgunlaşma zamanı

Her genotipin meyvelerinin olgunlaşma zamanları farklı olup, tohum ekimi ile genotiplerin çoğunluğunun hasat edildiği tarih arasında süre olgunlaşma zamanı olarak belirlenmiştir. Erkençi (<70gün), orta (70-90 gün), geççi (91-110 gün), çok geççi (>110 gün)

3.1.5.18. Baskın meyve kabuk rengi

Hasat edilen her genotipten 10 meyve örneği gözlemlenerek baskın renk belirlenen kriterlere göre beyaz, açık sarı, krem, soluk yeşil, yeşil, koyu yeşil, siyahımsı yeşil, turuncu, kahverengi, gri, diğer olarak karar verilmiştir.



Şekil 3.22. Baskın meyve kabuk rengi a) Yeşil b) Beyaz c) Sarı (Orijinal)

3.1.5.19. Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi

Her genotipten hasat edilmemiş ve olgunlaşma sürecinde olan 10 meyve gözlemlenerek olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengine beyaz, sarı, yeşil, gri yeşil sınıflandırması esas alınarak belirlenmiştir.



Şekil 3.23. Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi a) olgunlaşma öncesi b) olgunlaşmış meyve (Orijinal)

3.1.5.20. Meyve Boyu

Hasat edilmiş her kavun genotipinden 10 meyve çiçek burnu ile meyve sapı arasında kalan mesafe “cm” olarak dijital kumpas ile ölçülmüştür.



Şekil 3.24. Meyve uzunluk ölçümü (Orijinal)

3.1.5.21. Meyve Eni

Hasat edilmiş her kavun genotipinden 10 meyveye ait kavun meyvesinin en geniş kısmı esas alınarak dijital kumpas ile “cm” olarak ölçülmüş ve meyve enine karar verilmiştir ve “çok dar, dar, orta, geniş, çok geniş” şeklinde ifade edilmiştir.

3.1.5.22. Olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğu

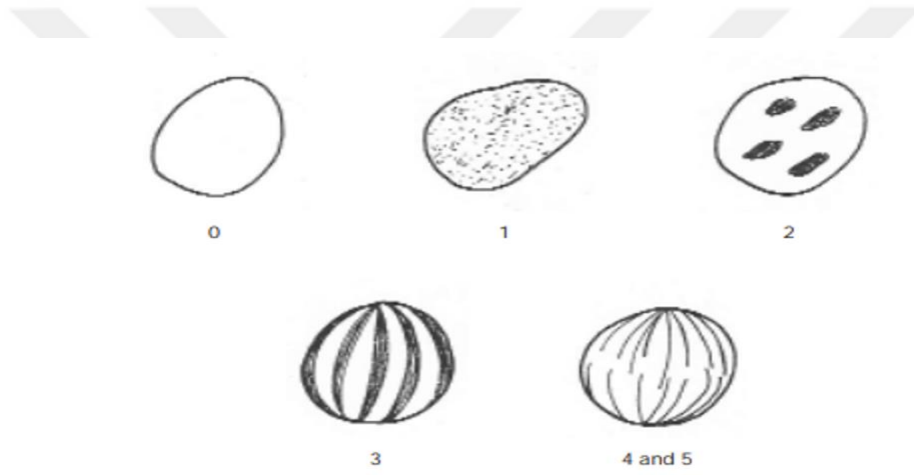
Hasat edilmiş her genotipten 10 meyvede, meyvenin en çok yüzey alanını kapsayan rengin yoğunluğu gözlenmiş ve olgun meyve kabuk zemin rengi yoğunluğuna açık, orta, koyu şeklinde karar verilmiştir.

3.1.5.23. Kabuk desen rengi (ikincil kabuk rengi)

Hasat edilmiş her genotipten 10 meyvede, meyvenin en çok yüzey alanını kapsayan rengin dışında kalan ikincil renk gözlenmiş ve ikincil kabuk rengine sarı, kahverengi, yeşil şeklinde karar verilmiştir.

3.1.5.24. Kabuktaki ikincil renk dağılımı

Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyve üzerindeki lekelerin, tabloda verilen kriterlere göre gözlemlenerek “yok, benekli, lekeli, çizgili, bantlı” şeklinde değerlendirilmesi ile karar verilmiştir.



Şekil 3.25. UPOV Kabuktaki ikincil renk dağılımı (Orişinal)

3.1.5.25. Meyve sapı uzunluęu

Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyvenin bitkiye bağlandığı nokta ile meyveye bağlandığı nokta arasında kalan mesafe dijital kumpas ile “mm” olarak ölçölmüş; kısa, orta, uzun olarak gruplandırılarak ifade edilmiştir.

3.1.5.26. Meyve sapı kalınlığı

Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyvenin bitkiye bağlandığı noktadan 1 cm uzaklıktaki meyve sapının kalınlığı dijital kumpas ile “mm” olarak ölçölmüş ve ince, orta, kalın olarak gruplandırılarak yazılmıştır.

3.1.5.27. Mühür büyüklüğü

Hasat edilmiş her genotipten 10 meyvenin taban kısmı gözlemlenerek küçük, orta, büyük şeklinde ifade edilerek mühür büyüklüğüne karar verilmiştir.

3.1.5.28. Meyve eti kalınlığı

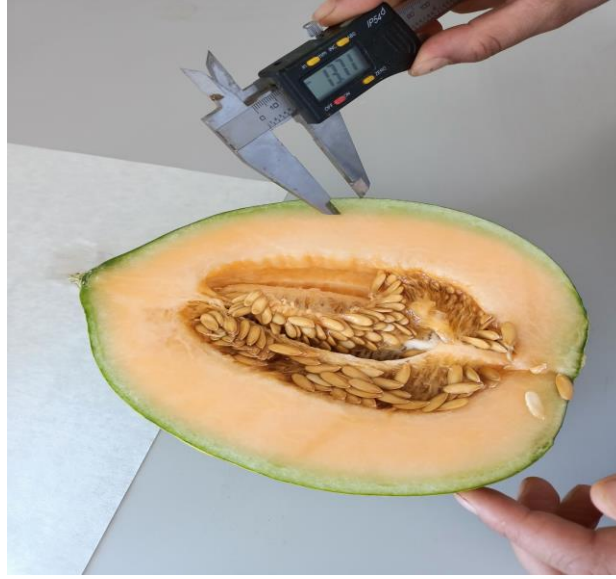
Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyvenin dış kabuk kalınlığı ve çekirdek evi arasındaki kısım dijital kumpas ile “cm” olarak ölçülerek meyve eti kalınlığına ince, orta, kalın şeklinde karar verilmiştir.



Şekil 3.26. Meyve eti kalınlığı ölçümü (Orijinal)

3.1.5.29. Kabuk kalınlığı

Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyvenin meyve et kısmının sonu ile meyvenin yüzeyi arasında kalan kısmın dijital kumpas ile “cm” olarak ölçülerek kabuk kalınlığına ince, orta, kalın şeklinde karar verilmiştir.



Şekil 3.27. Meyve Kabuk Kalınlığı Ölçümü (Orijinal)

3.1.5.30. Meyve eti rengi

Hasat edilmiş her genotipe ait 10 meyvenin meyve eti gözlemlenerek beyaz, yeşil, krem-sarı, turuncu renkleri doğrultusunda değerlendirilerek meyve et rengi belirlenmiştir.



Şekil 3.28. UPOV kriterlerine göre gözlemlenen ve değerlendirilen meyve et rengi
a. Beyaz, b. Krem-sarı; c. Turuncu (Orijinal)

3.1.5.31. Meyve taban şekli

Hasat edilmiş her genotipten 10 meyvenin taban kısmı gözlemlenerek sivri uçlu, yuvarlak, düz şeklinde ifade edilerek taban şekline karar verilmiştir.

3.1.5.32. Meyve uç şekli

Hasat edilmiş her genotipten 10 meyvenin uç kısmı gözlemlenerek sivri, yuvarlak, yassı şeklinde ifade edilerek taban şekline karar verilmiştir.

3.1.5.33. Meyvede suyundaki SÇKM (%)

Her genotipten hasat edilmiş 10 adet kavun meyveleri kesilmiş, her biri katı meyve sıkma makinesinden sıkılıp önce filtreden daha sonra santrifüjden geçirilerek kavun meyve suları hazırlanmıştır elde edilen sulardan refraktometre yardımıyla suda çözünür kuru madde miktarı “%” cinsinden ölçülmüştür.

3.1.5.34. Meyvede pH

Her genotipten hasat edilmiş 10 adet kavun meyveleri kesilmiş, her biri katı meyve sıkma makinesinden sıkılıp önce filtreden daha sonra santrifüjden geçirilerek kavun meyve suları hazırlanmıştır. Elde edilen sulardan dijital pH metre ile meyve pH’sı tespit edilmiştir.

3.1.5.35. Tohum ağırlığı

Her genotipten hasat edilmiş 10 adet kavun meyveleri kesilmiş tohumları alınmış uygun şartlarda kurutulduktan sonra tohumlar arasında rastgele seçilen 100 adet tohum ağırlığı 0.01 g hassasiyetindeki terazi kullanılarak “g” cinsinden tartılarak kaydedilmiştir.



Şekil 3.29. Tohum ağırlığı tartımı (Orijinal)

3.1.5.36. Tohum hilum sonu şekli

Her genotipten hasat edilmiş 10 adet kavun meyvelerinden elde edilen tohumlar gözlemlenerek sivri ve küt uçlu” olarak tohum hilum şekline karar verilmiştir.

3.1.5.37. Tohum rengi

Her genotipten hasat edilmiş 10 adet kavun meyvelerine ait tohumların miktarı gözlemlenerek beyaz, krem, sarı, ten rengi, kahverengi renk kriterlerine göre tohum rengine karar verilmiştir.

3.2. Moleküler Çalışmalar

Bu tez kapsamında toplam 56 adet kavun genotipinin akrabalık derecelerini belirlemek için (Kong ve ark., 2007) ve (Chiba ve ark., 2003) tarafından geliştirilen toplam 10 adet SSR markörü ile moleküler karakterizasyon çalışması yapılmıştır. Moleküler çalışma prosesi aşağıda verilmiştir.

3.2.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonları için denemeye konu olan bitkilerin sürgün ucunda bulunan genç yapraklardan arazi döneminde her genotipten 6 örnek olacak şekilde alınmış ve -80°C’de muhafaza edilmiştir. Daha sonra DNA izolasyonuna geçilmiştir. İzolasyonda kullanılacak CTAB Buffer solusyonu Çizelge 3.6’da verilen miktarlarda (Scaldeferri ve ark., 2013) ve Şekil 3.30’ de gösterildiği gibi hazırlanmıştır.

Çizelge 3.6. DNA izolasyonu için CTAB Buffer solüsyonunun hazırlanması

Kimyasallar	Miktar
ETDA	0,1110 g
Tris Base	0,1815 g
NaCl	1,2270 g
CTAB	0,3000 g

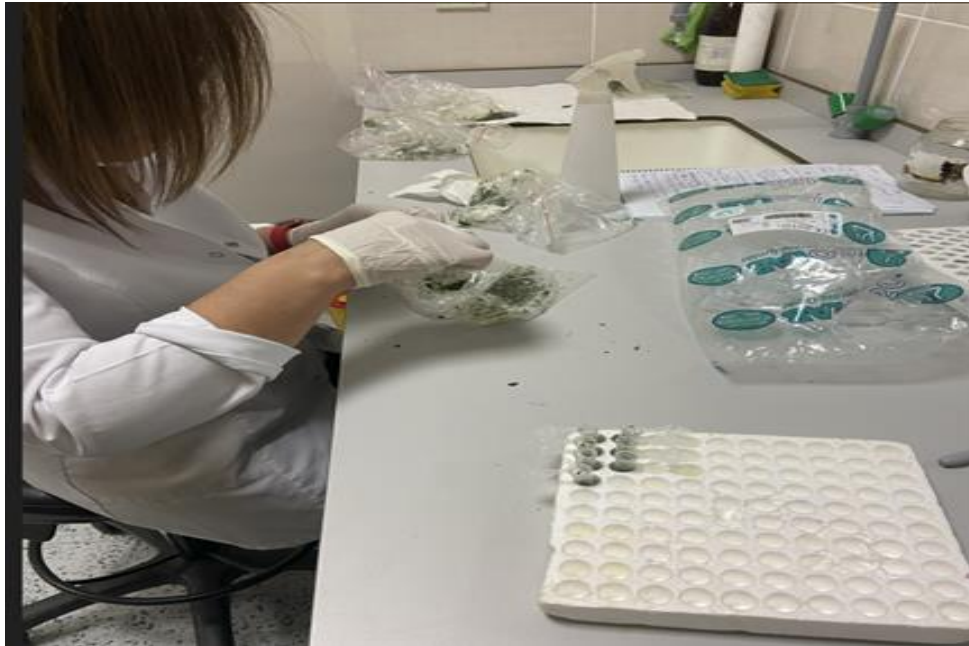
Hazırlanan solüsyon 10 ml ddH₂O’da çözdürülmüş daha sonra 15 ml’ye tamamlanmıştır. Solüsyon, çözdürme aşamasında 65°C ‘de karıştırılmış ve sırasıyla aşağıdaki proses izlenmiştir.

1. Yaprak örnekleri sıvı azot kullanılarak ezilmiş ve bu örneklerden yaklaşık 2ml’lik santrifüj tüplerine alınarak üzerlerine 500 µl %2’lik CTAB solüsyon eklenerek örnekler bir saat boyunca 65°C’de çalkalayıcı içinde bekletilmiştir.
2. Örnekler 10000 rpm’de 5dk santrifüj edilmiştir. Santrifuj tamamlandıktan sonra şekil 3.4’de gösterildiği gibi süpernatant dikkatli bir şekilde yeni tüplere aktarılmıştır.
3. 1/10 hacimde, yaklaşık 50 µl, 0.7 M NaCl eklenmiş bu karışımın üstüne %1’lik CTAB’dan hacmin 1,25 katı kadar eklenmiştir.
4. Örnekler oda sıcaklığında 30 dk boyunca inkübe edilmiştir.
5. Örnekler 10000 rpm’de 15dk santrifüj edilmiş, santrifuj tamamlandıktan sonra süpernatant dikkatli bir şekilde yeni tüplere aktarılmıştır.
6. 3ul STE ve 400ul saf etanol eklenmiştir ve örnekler -20°C’de 1 saat bekletilmiştir.

7. 1 saatin sonunda örnekler 10000rpm'de 10dk santrifüj edilmiş ve oluşan süpernatant atılmıştır. Elde edilen DNA'nın tüp içerisinden alınması amacıyla tüp çeperi içerisine %70'lik Etanol eklenerek pelet yıkanmış ve eppendorf tüplerin içinde etanol kalmayacak şekilde uçması beklenmiştir.
8. Pelet kuruduktan sonra 60 μ l saf su ile çözülmüştür. Elde edilen DNA'lar spektrofotometrik (NanoDrop, Thermo, ABD) olarak ölçülmüştür.



Şekil 3.30. CTAB solüsyonu hazırlanması (Orijinal)



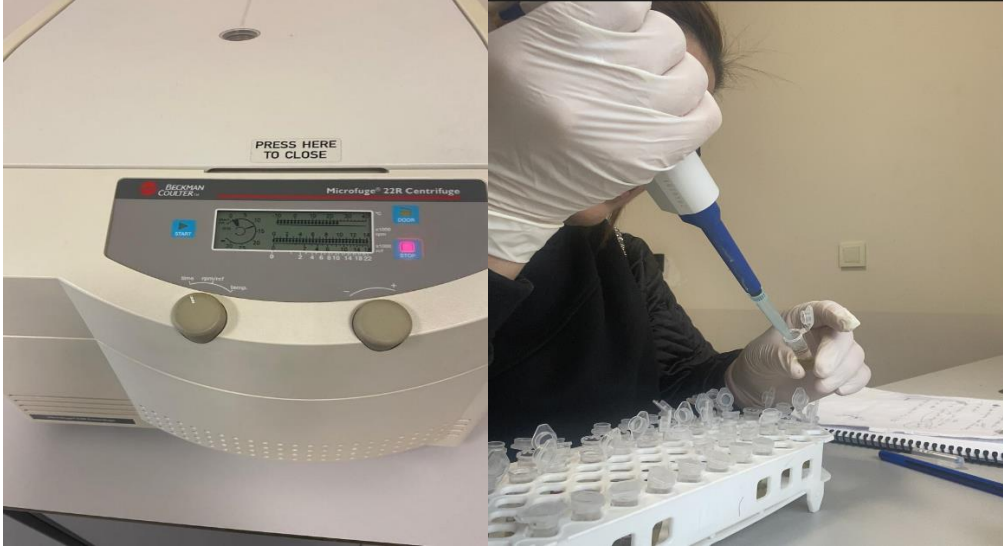
Şekil 3.31. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin eppendorf tüplere yerleştirilmesi (Orijinal)



Şekil 3.32. Eppendorf tüplerin üzerine hazırlanan CTAB solüsyonun eklenmesi (Orijinal)



Şekil 3.33. Örneklerin İnkübasyonu (Orijinal)



Şekil 3.34. Santrifuj ve santrifuj işlemi sonrası süpernatantın atılması (Orijinal)

3.2.2. Kavun DNA NanoDrop ölçüm sonuçları

Kavun yapraklarından CTAB yöntemi ile DNA eldesi başarılı bir şekilde yapılmıştır. Elde edilen DNA'lar spektrofotometrik (NanoDrop, Thermo, ABD) olarak ölçülmüş ve DNA saflık ve yoğunluğu Çizelge 3.7'de verilmiştir.

Çizelge 3.7. Kavun DNA NanoDrop ölçüm sonuçları

	Örnek	Nükleik Asit Miktarı	Birim	260/280
1	A1	71,8	ng/µl	1,58
2	A2	126	ng/µl	1,31
3	A3	222,1	ng/µl	1,58
4	B1	340,5	ng/µl	1,56
5	B4	131,4	ng/µl	1,4
6	B5	205,3	ng/µl	1,94
7	B6	352	ng/µl	1,47
8	B8	341,6	ng/µl	1,44
9	B9	525,3	ng/µl	1,54

	Örnek	Nükleik Asit Miktarı	Birim	260/280
10	BŞ1	64,4	ng/µl	1,37
11	BŞ2	21,8	ng/µl	1,27
12	BŞ3	21,6	ng/µl	1,83
13	BŞ4	26,5	ng/µl	1,11
14	BŞ5	108	ng/µl	1,35
15	BŞ7	65,5	ng/µl	1,58
16	BŞ8	187,2	ng/µl	1,28
17	BŞ9	149,2	ng/µl	1,84
18	BŞ10	232,3	ng/µl	1,66
19	Ç1	145	ng/µl	1,49
20	Ç2	46,3	ng/µl	1,45
21	D1	111,3	ng/µl	1,12
22	D2	194,2	ng/µl	1,43
23	D4	71,1	ng/µl	1,74
24	D5	46,3	ng/µl	1,35
25	D7	89,7	ng/µl	1,69
26	D8	70,7	ng/µl	1,69
27	D11	72,6	ng/µl	1,76
28	D12	42	ng/µl	1,26
29	D14	93,1	ng/µl	1,34
30	K1	25,9	ng/µl	1,38
31	K2	180,2	ng/µl	1,25
32	K3	94,9	ng/µl	1,34
33	K5	551,8	ng/µl	1,6
34	K6	408,8	ng/µl	1,46

	Örnek	Nükleik Asit Miktarı	Birim	260/280
35	K7	162,4	ng/µl	1,32
36	K8	23,5	ng/µl	1,52
37	K10	91,5	ng/µl	1,52
38	K11	277	ng/µl	1,31
39	KKA1	61,1	ng/µl	1,4
40	KKA2	32,9	ng/µl	1,46
41	KRŞ3	103,4	ng/µl	1,33
42	S1	48,2	ng/µl	1,58
43	S2	67,5	ng/µl	1,55
44	S6	47,5	ng/µl	1,2
45	S7	94,7	ng/µl	1,37
46	S9	21,8	ng/µl	1,47
47	S11	72,7	ng/µl	2
48	S12	66,4	ng/µl	1,61
49	S14	279,8	ng/µl	1,3
50	Y2	591,4	ng/µl	1,64
51	Y3	55,8	ng/µl	1,59
52	Y4	66,8	ng/µl	1,32
53	Y5	330,3	ng/µl	1,39
54	Y7	532,9	ng/µl	1,61
55	Y8	171	ng/µl	1,56
56	Y9	325,1	ng/µl	1,29

3.2.3. SSR (Simple Sequence Repeat– Kısa Tekrar Bölgeleri) Bölgelerinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile Yükseltgenmesi

Kavun örneklerinin SSR markörleri ile karakterizasyonu Çizelge 3.8'de yer alan CM05, CM16, CM21, CM30, CM43, CM53, CM55, CMMS004, CMMS12-4 ve CMMS15-4 markörler kullanılmıştır. PCR analizlerinde uygun sıcaklık ve MgCl₂ konsantrasyonlarında tüm örneklere uygulanmış ve agaroz jelde Şekil 3.35'te gösterildiği gibi görüntülenmiştir.

Çizelge 3.8. SSR markörlerine ait tekrar motifleri, tekrar sayıları, ileri ve geri primer dizileri

Lokus adı	Tekrar Motifi	Primerler	Referans
CM05	(AGA)10	F: TCC AAC GAA ATC CCA R: AGC CGT TCT TCC GGA TAG TT	KONG ve ark. (2007)
CM16	(TTC)16	F: TGC CTG TTG TGA TTG AGG AG R: TTC TTC TTA CCT CCG CCA AA	KONG ve ark. (2007)
CM21	(TA)9	F: CGG GGA ATT TGT GCT CTA TG R: CCC AAA CAA AGC CAA AAG AA	KONG ve ark. (2007)
CM30	(CT)9	F: TCA AAC CTA AAC CCT AAA CCT AAC C R: AGG ATG ATC GGG GAA GAA AT	KONG ve ark. (2007)
CM43	(TCA)9	F: CTC TTC CAA TCA CCG CCT CT R: AAG GAG GAG CAT GAG GGA AT	KONG ve ark. (2007)
CM53	(AGA)7	F: CTG CCG TGA AGG AGA AGA AC R:AGC CTC AAT CCC CAA TCT CT	KONG ve ark. (2007)
CM55	(TCT)10	F: CCT CTC TCT TTC CCC ACC TC R: GAA ACA GAA GGA GCC ACA GC	KONG ve ark. (2007)
CMMS004	(GA)16(GA)12	F: GCC CAA CGG ACA CAC TCA CTC ACA C R: GAG GGA GTA AGA ATA AGA AGA AGA A	Chiba ve ark. (2003)

Lokus adı	Tekrar Motifi	Primerler	Referans
CMMS12-4	(GA)15(GT)11	F: GAT GCG GTG AGA AAG AGT TGA GAG A R: AGA GGG AGA GAG TTT GTA AAA AAA T	Chiba ve ark. (2003)
CMMS15-4	(GA)14	F: GTC CGC CAT CGC CAC TAC AAA TCA A R: CTC CGT AAA ACC TTC TCC CTC TCT C	Chiba ve ark. (2003)

3.2.3.1. PCR bileşenleri, kullanılan miktarları ve konsantrasyonları

Çalışmada kullanılacak primerler sentez edilmiş ve nükleaz içermeyen su ile sulandırılmıştır. Daha sonra vorteksle karışması sağlanmıştır. En son spin yapılarak primer hazırlanmıştır. Primerler hazırlandıktan sonra aşağıda verilen Çizelge 3.9'a göre PCR bileşen konsantrasyon miktarı (ana karışım) hazırlanmıştır.

SSR markörleri ile yapılan PCR analizleri sonucunda PCR ürünleri kullanılarak “safe view” ile boyalı %2’lik agaroz jelde 120V elektrik akımında koşturulduktan sonra ultra viyole ışık altında görüntülenmiştir (Şekil 3.36 ve 3.37). Tablodaki PCR analizlerinde döngü koşulları 2³⁰ olacak şekilde ayarlanmıştır.



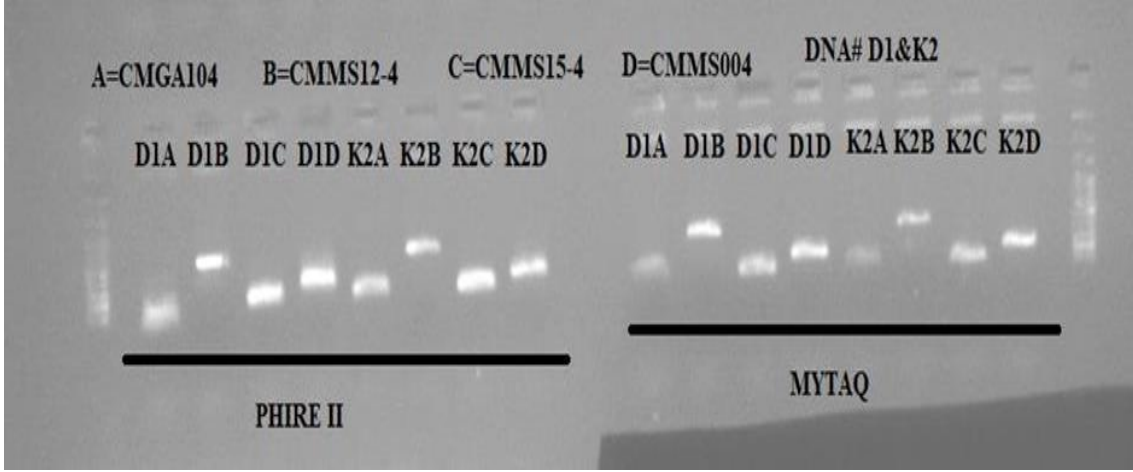
Şekil 3.35. PCR ürünü hazırlama (Orijinal)

Çizelge 3.9. PCR analizlerinde kullanılan bileşenleri ve konstrasyon miktarları

Kimyasal	Miktar	Sıcaklık	Döngü sayısı
10X buffer	1X	94	1dk
MgCl ₂	2,5mM	94	15sn*
dNTP	200nm	60	10sn
Primer F	10pm	72	5sn
Primer R	10pm	72	30sn
Phire Taq polimeraz	5IU	12	Süresiz
DNA	50ng		
ddH ₂ O	25ml'ye tamamlandı		



Şekil 3.36. PCR aşaması (Orijinal)



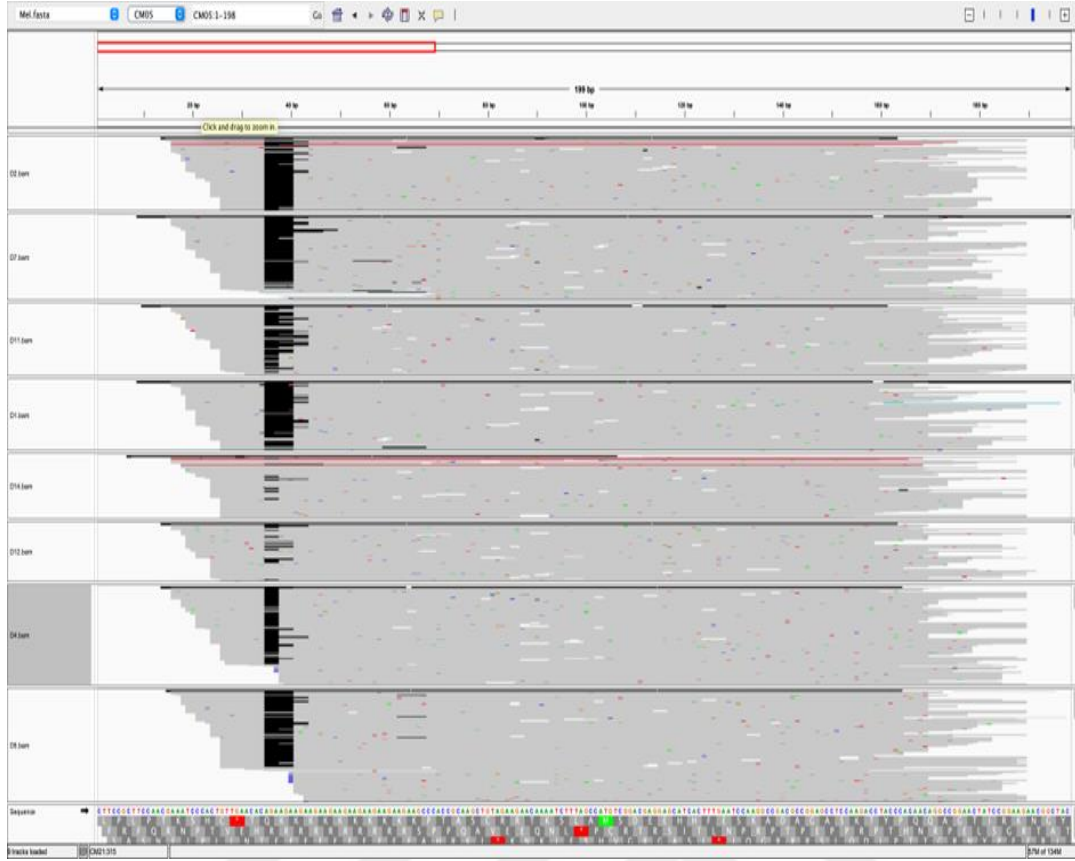
Şekil 3.37. D1 ve K2 örneklerinin PCR görüntüleri (Orijinal)

3.2.3.2. SSR bölgelerin Yeni Nesil Dizilemesi

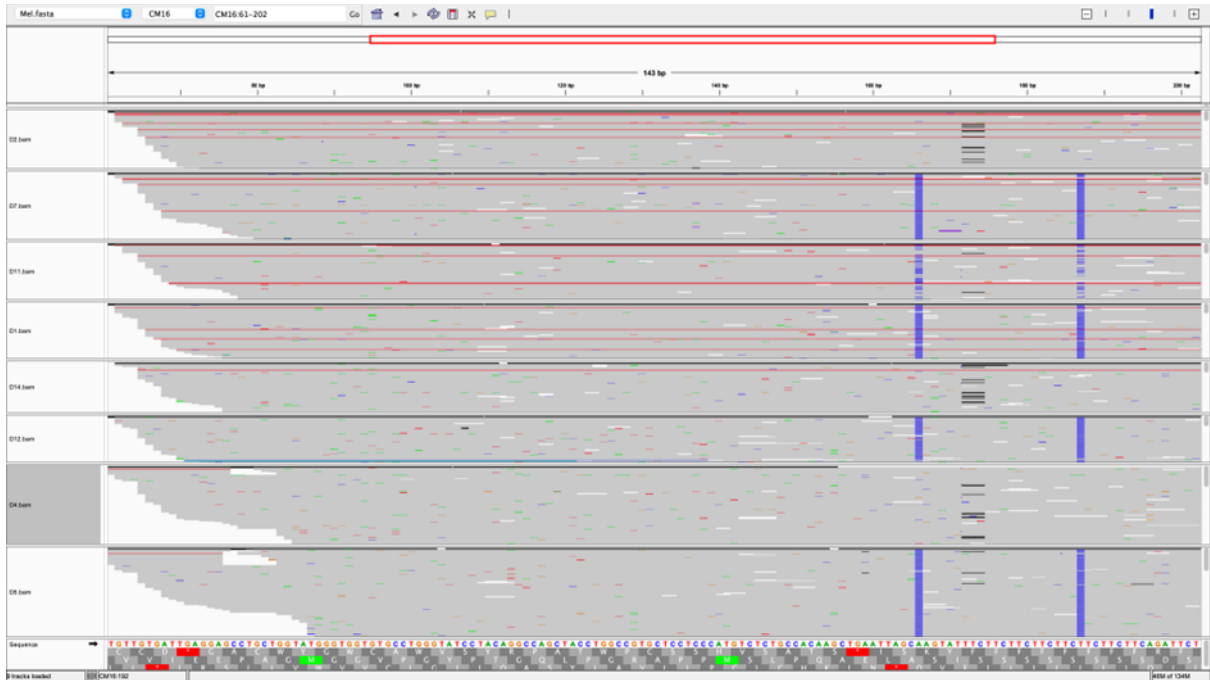
Yeni nesil dizileme (YND) teknolojileri, DNA dizilerini hızlı ve hassas bir şekilde belirlemek için kullanılır. STR bölgelerinin YND analizinde MiSeq (Illumina, ABD) cihazı kullanılmıştır. MiSeq yüksek-çözünürlüklü DNA dizileme platformlarından biridir ancak cihaz araştırma tezinin yapıldığı bölümde bulunmadığı için hizmet alımı yapılmıştır. MiSeq cihazı ile ilgili yapılan işlemler aşağıda sıralanmıştır.

- Kütüphane Hazırlığı: DNA fragmentleri adaptörler ile işlenir ve dizileme adaptörleri eklenir.
- Kütüphane Kontrol ve Konsantrasyon Ölçümü: Hazırlanan kütüphanelerin boyutları, adaptör bütünlüğü ve konsantrasyonları kontrol edilir.
- Kümeleme: Kütüphaneler kümeleme işlemine tabi tutulur. Kümeleme, DNA fragmentlerinin yüzeyde sabitlenmesi ve çoğaltılmasını içerir.
- Dizileme: Kümeleme yapılan platform, DNA fragmentlerini tek nükleotid bazında diziler. MiSeq cihazı kullanılarak optik sensörlerle dizileme yapılır.
- Veri Analizi: Dizilen STR bölgeleri referanslarına hizalanmıştır. Hizalama sırasında biyoinformatik yöntemler kullanılmıştır (Doğan ve ark., 2017).

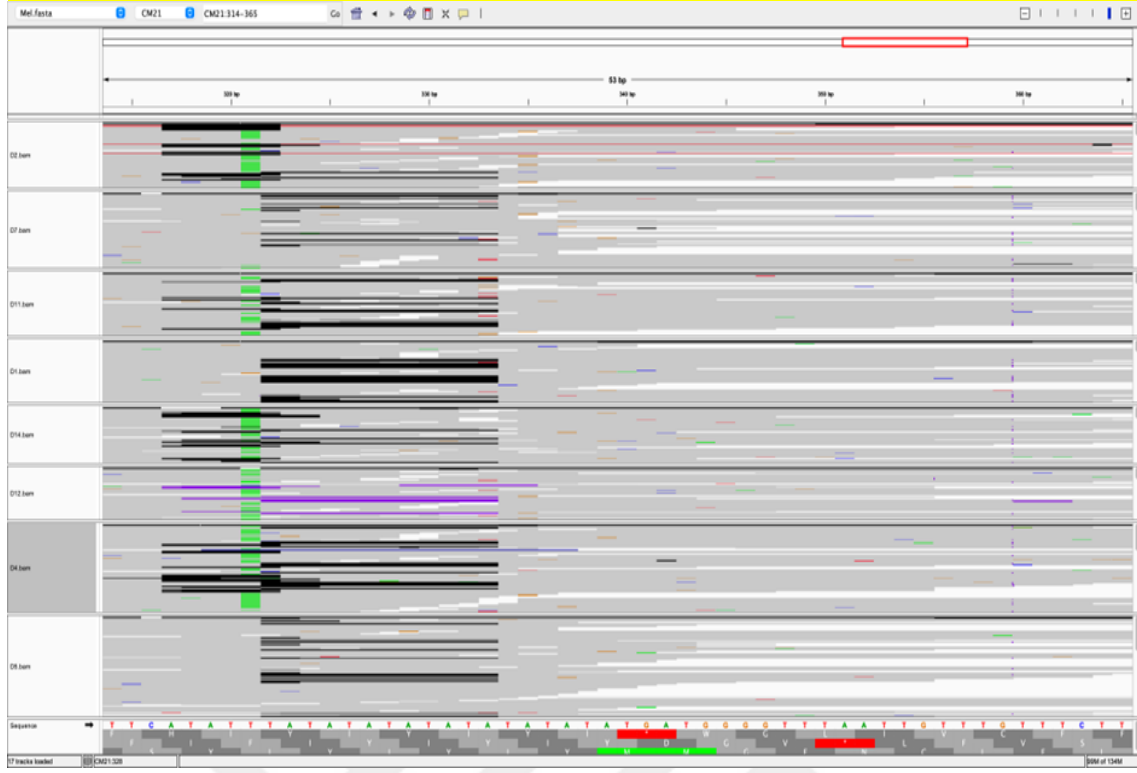
Ardından elde edilen sonuçlar Integrative Genomic Viewer (IGV)'de (Robinson ve ark., 2023) görüntülenmiş ve tekrar sayıları incelenerek referans genomla karşılaştırılarak varyasyonlar ve genetik bilgiler belirlenmiştir (Şekil 3.38, 3.39 ve 3.40).



Çizelge 3.38. CM16 markörüne ait tekrar sayılarının görüntüsü



Çizelge 3.39. CM16 markörüne ait tekrar sayılarının görüntüsü



Çizelge 3.40. CM16 markörüne ait tekrar sayılarının görüntüsü

Çizelge 3.10. Kavun SSR'larında belirlenen alleller

STR	CM05	CM16	CM21	CM30	CM43	CM53	CM55	CMMS004	CMMS12-4	CMMS15-4
Allel range- Allel sayısı	(AGA)10 3 allel	(TTC)16 4 allel	(TA)9 4 allel	(CT)9 3 allel	(TCA)9 3 allel	(AGA)7 3 allel	(TCT)10 4 allel	(GA)16(GA)12 3 allel	(GA)15(GT)11 3 allel	(GA)14 4 allel

3.3. Verilerin Değerlendirilmesi

Tez kapsamında yapılan morfolojik ve moleküler analizler sonucunda veri değerlendirilmesi iki kısımda gerçekleştirilmiştir.

Morfolojik özelliklerin değerlendirilmesinde ölçümle elde edilen verilerde tanımlayıcı istatistik bilgileri verilmiş olup; gözlemle elde edilen değerler frekans değerleri olarak verilmiştir. Morfolojik özelliklerin değerlendirilmesinde ise bitki özellikleri ile meyve özellikleri TBA (Temel Bileşen Analizi, PCA) ve Cluster (Kümeleme) Analizine tabi tutulmuştur. Morfolojik verilerin analizinde IBM SPSS 25 ve JMP paket programları kullanılmıştır.

Moleküler verilerin analizinde karakterizasyon aşamasında kullanılan 10 SSR lokusun 56 kavun genotipinden ve her bir primerden elde edilen allel sayısı (Na), etkili allel sayısı (Ne), beklenen heterozigotluk (He) ve gözlenen heterozigotluk (Ho) GenAEx (Version 6.5) programı kullanarak hesaplanmıştır (Peakall ve Smouse, 2006). Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ise Liu ve Muse (2005) tarafından geliştirilen PowerMarker kullanarak hesaplanmıştır.

Kavun genotipleri arasındaki genetik ilişkilerin belirlenmesi SSR primer ürünleri kullanılarak ABI 3130 xl Genetik Analizör cihazında elektroforez işlemleri gerçekleştirilmiştir. Amplifiye olan bölgeler GeneMapper programında allel büyüklükleri skorlanmış ve kaydedilmiştir. Elde edilen alleller kullanılarak MegaX programında UPGMA analizi ile soyağacı elde edilmiştir. Ayrıca kavun genotipleri arasındaki genetik benzerlik katsayıları Jaccard'a göre hesaplanmıştır.

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

Kırıkkale ili ve yöresi yerel kavun genotiplerinin moleküler ve morfolojik özelliklerini tanımlanmasını amaçlayan çalışmada morfolojik özelliklere ait istatistikler Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Tüm genotiplerin elde edilen meyve resimleri EK-1'de gösterilmiştir.

4.1. Morfolojik Bulgular

Morfolojik bulgular, bitki özellikleri ve meyve özellikleri olarak iki alt başlıkta değerlendirilmiştir.

4.1.1. Bitki Özelliklerine Ait Bulgular

4.1.1.1 Hipokotil Uzunluğu

Hipokotil uzunluğuna bakımından elde edilen verilerin tanımlayıcı istatistik sonuçları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. Bu veriler değerlendirildiğinde hipokotil uzunluğu en kısa S14 ($14,82 \pm 2,50$ mm); en uzun K11 ($52,52 \pm 9,72$ mm) genotipinde saptanmıştır ve çalışmamızda genotipler arasında farklılıklar olduğu görülmüştür. Kavunlarda yapılan diğer morfoloji çalışmaları incelendiğinde hipokotil uzunluklarına dair farklı sonuçlar elde edilmiştir. Szamosi ve ark. (2010), hipokotil uzunluğu en kısa 13 mm, en uzun 36 mm bulmuştur. Mısır (2012)'in yerel kavun varyeteleri üzerinde yaptığı araştırmasında, hipokotil uzunluğu en çok 23,1 mm, en kısa 13,3 mm olarak ölçmüştür. Escribano ve Lázaro (2009), İspanyol yerel kavunları üzerine yaptıkları çalışmada, hipokotil uzunluğu gruplar arasında (12-110.0 mm) arasında değişkenlik göstermiştir. Sonuçlarımız literatürlere göre farklılıklar göstermiştir. Hipokotil uzunluğu, bitkinin erken büyüme döneminde önemli bir biyolojik özelliktir. Popülasyonlar arasında bu farklılıkların görülmesi, hipokotil uzunluğunu etkileyen genetik çeşitlilik ve toprak yapısı, sulama, ışık ve sıcaklık (yoğunluk, miktar) gibi çevresel faktörlerden kaynaklanabileceği, bununla beraber bitkisel hormonlar da hipokotil uzunluğunu uyarmada etkili olabileceği düşünülmektedir.

4.1.1.2. Yaprak Karakterleri

Tüm genotiplerde yaprak karakterleri belirlenmiş ve Çizelge 4.1’de görüldüğü gibi yaprak karakterleri incelendiğinde yaprak lobluluğu %100’ ü “yüzeysel”; yaprak şekli %71 tüm, %18 üç loblu, %9 beş loblu olarak gözlemlenmiştir. Sulakyurt, Yahşihan ilçe genotipleri ise hepsi tüm olarak kaydedilmiştir. Balışeyh ilçesine ait genotipler arasından 2 ve 9 numaralı genotipler dışında tüm genotipler tüm BŞ2 üç loblu, BŞ9 beş loblu olarak belirlenmiştir. Bahşılı ilçesine ait kavun genotipleri B2 dışında tüm; B2 ise üç loblu olarak gözlemlenmiştir. Çelebi ilçesinden incelenen 2 genotipten Ç1 tüm; Ç2 beş loblu; Delice ilçesinde D1, D4, D7 hariç tüm; D1, D7 üç loblu D4 ise beş loblu olarak tespit edilmiştir. Keskin ilçe genotiplerinin yaprak karakteri genel olarak tüm; K1, K3, K10 ise beş loblu olarak gözlenmiştir. Sulakyurt, Yahşihan ilçe genotipleri ise hepsi tüm olarak kaydedilmiştir. Yapılan benzer çalışmalarda elde edilen sonuçlar incelendiğinde; Kayak ve Türkmen (2022), yaptıkları çalışmada; %66,1 derin beş loblu, % 26,5 beş loblu, %7,2 tam olarak tespit etmişlerdir. Erdoğan (2016), göller bölgesinde kavunlar üzerine yaptığı çalışmada yaprak karakterlerinin %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 bildirmiştir. Escibano ve Lázaro (2009), İspanyol geleneksel kavunları üzerine yaptıkları araştırmada yapraklar beş loblu, orta derinlikte olduğu saptanmıştır. Muhammadi ve Daryono (2022), incelediği yerel kavun genotipinde yaprak şeklini üç loblu kaydetmiştir. Üçok (2019), Bağrıbutün kavununun morfolojik ve fenolojik özelliklerini incelediği çalışmasında, yaprak şeklini; bütün olarak ifade etmiştir. Yakupoğlu ve Çoban (2022), Yozgat Aydıncık Bağrıbutün kavun çalışmasında; yaprak lobluluğu yüzeysel ve yaprakları tam olarak tespit edilmiştir. Frary ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada genotiplerin yaprak şekli bütün ve çoğunlukla 5 loblu yapraklara sahip olduğunu saptamışlardır. Yusuf ve ark. (2020), Endonezya kavunu üzerine yaptıkları çalışmada; yaprak şekli üç loblu olarak ifade etmişlerdir. Bu sonuçlar çalışmamızla değerlendirildiğinde çoğunlukla benzerlik göstermektedir.

Yaprak rengi bakımından popülasyonlarda açık yeşil, yeşil ve koyu yeşil, renkler gözlenmiştir. İncelenen genotiplerin büyük bir kısmı yeşil yaprak renkli olduğu kararlaştırılmıştır. Genotipler arasında yeşil yaprak rengi kararlılığının görülmesi toplanan yerel genotip lokasyonlarının birbirine yakın olması, üretim materyallerinin kendi aralarında taşınması ve benzer ekolojilerde üretimi yapıyor olması büyük farklılıklara neden olmayacağı şeklinde yorumlanmaktadır. Mısır (2012) yaptığı çalışmada, kavun popülasyonlarının yaprak rengi yeşil renkli olduğunu gözlemlemiş ve popülasyonlar arasında bir farklılık tespit etmemiştir. Benzer bir çalışma yapan Escibano ve Lázaro (2009), yaprak rengini koyu yeşil renk olarak

gözlemlemişlerdir. Bu sonuç bulgularımızla benzerlik göstermemektedir. Bu durumun ekolojik koşulların bitkinin morfolojik kısımlarını (renk, irilik, vb.) etkilediği dolayısıyla yapraklarda renk farklılıklarının oluşmasına da neden olabileceği düşünülmektedir.

Morfolojik özelliklerden yaprak genişliği, yaprak uzunluğu ve yaprak sap uzunluğu bakımından genotipler arasında farklılıklar elde edilmiştir. Yaprak genişliği bakımından en dar yaprak Sulakyurt 2 genotipi ($10,06 \pm 1,25$) cm, en geniş yaprak Balıseyh 2 genotipi ($17,92 \pm 1,17$) cm olarak tespit edilmiştir. Yaprak uzunluğu bakımından ise genotipler arasında en kısa yaprak uzunluğu Keskin 10 genotipinde ($5,02 \pm 0,98$) cm en uzun yaprak uzunluğunun Bahşılı 4 genotipinde ölçüldüğü tespit edilmiştir ($9,36 \pm 1,99$) cm.

Yaprak Sap uzunluğuna ait ortalama değerler 7,94-12,76 cm arasında saptanmıştır. En yüksek değer BŞ2 genotipinde ölçülmüştür. Yaprak sap uzunluğu bakımından Keskin 10 genotipinin en kısa ($7,84 \pm 0,81$) cm, Balıseyh 2 genotipinin ise en uzun olduğu ($12,76 \pm 1,07$) cm saptanmıştır. Yapılan diğer çalışmaların yaprak özellikleri sonuçları elde edilen bulgularla karşılaştırıldığında; Mısır (2012), yaprak en ve boy sırasıyla, 13,32-19,84; 9,17- 13,44 cm arasında ölçmüşlerdir. Yaprak şekli bakımından % 91' inde 5 loblu, % 9' unda bütün olarak gözlemlenmiştir. Yaprak uzunluk, yaprak genişlik, boğum arası uzunluk ve yaprak sap uzunlukların ortalama değerleri sırasıyla, 13,12 cm, 15,06 cm, 8,6 cm ve 8,25 cm olarak tespit etmişlerdir. Zhang ve ark. (2012), yaprak eni 10,49-13,19 cm arasında, yaprak uzunluğu 8,05-10,05 cm arasında saptamışlardır. Harsh ve ark. (2022), ise yaprak ayası uzunluklarını 14,85-17,50 cm arasında; en uzun yaprak 17,50 cm ve en kısa yaprak 14,85 cm olarak; yaprak genişlikleri ise 14,85-22,00 cm arasında kaydetmişlerdir.

Yaprak karakterleri çevre koşulları, genotip farklılıklar, yetiştirme teknikleri bakımından etkilenecek morfolojik varyasyonların oluşmasına neden olabilmektedir. Morfolojik ölçümler arasında yaprak sapı uzunluğu, yaprak genişliği ve uzunluğu genotipler arasında değişiklik göstermiştir. Bu durum gözlemle elde edilen verilerin aksine bitki büyüme özelliklerinin göstergesi olup bitki fizyolojisinin ekolojik koşullara uyum yeteneğini yansıtmaktadır. Genotipler arasında büyüme özellikleri açısından varyasyonların olması, bitkilerin genetik olarak aynı olmadığını göstermektedir. Ayrıca yaprak morfolojisi bitkilerin fotosentez kabiliyetini etkileyen bir özelliktir. Bu bağlamda yaprak genişliği ve uzunluğu bakımından yüksek ölçümler gösteren kavun bitkileri daha fazla güneş ışığından yararlanabileceği bu durumun verim ve kalite unsurlarını etkileyebileceği düşünülmektedir. Ancak kurak bölgelerde yetiştiriciliği yapılan kavun bitkileri için yaprak genişliği ve uzunluğundaki büyümeler daha fazla su kaybı oluşturabileceği bu durumun su stresine neden olabileceği de düşünülmektedir.

Çizelge 4.1. Genotiplere ait hipokotil uzunluğu (mm), yaprak genişliği (cm), Yaprak sap uzunluğu (cm) ve yaprak uzunluğu ölçümleri (Ortalama $\pm$ Standart hata)

Genotip	Hipokotil Uzunluğu (mm)	Yaprak Genişlik (cm)	Yaprak Sap Uzunluğu (cm)	Yaprak Uzunluk (cm)
BŞ1	24,39 $\pm$ 2,61	17,22 $\pm$ 1,57	12,22 $\pm$ 1,57	9,32 $\pm$ 1,17
BŞ2	20,84 $\pm$ 4,49	17,92 $\pm$ 1,17	12,76 $\pm$ 1,07	9,92 $\pm$ 1,12
BŞ3	30,44 $\pm$ 7,45	15,98 $\pm$ 1,98	12,54 $\pm$ 2,31	10,48 $\pm$ 2,87
BŞ4	17,82 $\pm$ 4,73	14,94 $\pm$ 2,68	11,36 $\pm$ 1,77	8,66 $\pm$ 2,65
BŞ5	23,96 $\pm$ 0,27	11,84 $\pm$ 1,54	9,72 $\pm$ 1,39	6,84 $\pm$ 0,59
BŞ7	31,50 $\pm$ 6,10	15,26 $\pm$ 2,84	11,70 $\pm$ 2,19	9,60 $\pm$ 2,96
BŞ8	26,84 $\pm$ 7,76	11,66 $\pm$ 0,96	8,62 $\pm$ 0,42	5,94 $\pm$ 1,01
BŞ9	24,35 $\pm$ 3,27	13,80 $\pm$ 1,83	11,30 $\pm$ 1,10	8,14 $\pm$ 1,47
BŞ10	20,84 $\pm$ 4,49	14,80 $\pm$ 1,46	11,52 $\pm$ 1,77	7,54 $\pm$ 1,27
B1	33,32 $\pm$ 7,49	12,44 $\pm$ 1,54	9,10 $\pm$ 1,10	7,98 $\pm$ 1,22
B3	33,18 $\pm$ 10,35	14,00 $\pm$ 1,69	10,18 $\pm$ 1,05	7,22 $\pm$ 1,49
B4	35,27 $\pm$ 3,10	13,02 $\pm$ 0,79	9,66 $\pm$ 0,67	9,36 $\pm$ 1,99
B5	29,74 $\pm$ 9,87	12,38 $\pm$ 1,51	8,72 $\pm$ 0,88	6,80 $\pm$ 0,87
B6	38,75 $\pm$ 9,21	14,10 $\pm$ 0,69	11,16 $\pm$ 1,12	8,72 $\pm$ 1,41
B8	35,27 $\pm$ 13,72	13,98 $\pm$ 1,63	8,44 $\pm$ 1,63	8,42 $\pm$ 1,44
B9	27,95 $\pm$ 9,27	15,44 $\pm$ 1,38	12,10 $\pm$ 0,58	8,24 $\pm$ 0,82
Ç1	29,11 $\pm$ 7,13	13,40 $\pm$ 1,19	10,42 $\pm$ 0,92	6,50 $\pm$ 0,35
Ç2	34,64 $\pm$ 8,37	12,42 $\pm$ 1,77	9,98 $\pm$ 1,01	7,10 $\pm$ 0,76
D1	29,29 $\pm$ 6,96	13,48 $\pm$ 1,59	9,50 $\pm$ 1,13	6,60 $\pm$ 1,71
D2	30,38 $\pm$ 9,74	12,56 $\pm$ 2,72	12,62 $\pm$ 3,99	7,34 $\pm$ 2,00
D3	31,03 $\pm$ 11,60	11,90 $\pm$ 1,91	9,68 $\pm$ 1,40	6,26 $\pm$ 0,76
D4	26,69 $\pm$ 5,95	10,70 $\pm$ 0,81	9,02 $\pm$ 1,06	6,00 $\pm$ 0,84
D5	27,94 $\pm$ 6,10	13,80 $\pm$ 1,52	10,50 $\pm$ 1,11	7,10 $\pm$ 0,96
D7	45,73 $\pm$ 2,21	11,24 $\pm$ 2,96	8,42 $\pm$ 1,57	5,28 $\pm$ 1,29
D9	30,81 $\pm$ 9,90	14,18 $\pm$ 0,90	9,56 $\pm$ 0,65	6,62 $\pm$ 1,18
D11	36,46 $\pm$ 4,12	14,30 $\pm$ 2,63	10,50 $\pm$ 2,23	8,80 $\pm$ 2,22
D12	32,83 $\pm$ 8,68	16,06 $\pm$ 0,92	11,12 $\pm$ 0,70	9,76 $\pm$ 0,50
D14	26,96 $\pm$ 10,65	14,60 $\pm$ 2,18	11,68 $\pm$ 2,08	8,64 $\pm$ 1,97
K1	33,88 $\pm$ 11,10	10,90 $\pm$ 1,47	8,20 $\pm$ 0,68	6,20 $\pm$ 1,56
K2	31,28 $\pm$ 6,97	15,20 $\pm$ 1,60	10,10 $\pm$ 4,89	8,70 $\pm$ 1,78
K3	35,70 $\pm$ 6,27	12,80 $\pm$ 0,75	8,60 $\pm$ 0,74	6,00 $\pm$ 0,35
K5	37,99 $\pm$ 6,94	13,68 $\pm$ 1,26	9,68 $\pm$ 1,97	6,60 $\pm$ 1,43
K6	27,69 $\pm$ 7,39	12,26 $\pm$ 0,23	8,58 $\pm$ 0,46	5,56 $\pm$ 0,98

Genotip	Hipokotil Uzunluğu (mm)	Yaprak Genişlik (cm)	Yaprak Sap Uzunluğu (cm)	Yaprak Uzunluk (cm)
K7	32,62±2,00	12,34±0,98	8,86±0,25	5,62±0,83
K8	37,20±7,29	13,00±1,08	9,74±0,59	7,34±1,76
K9	29,69±6,53	13,34±1,19	11,56±1,36	9,56±1,88
K10	32,37±9,96	10,42±1,76	7,84±0,81	5,02±0,98
K11	52,52±9,72	10,08±0,89	7,94±1,21	5,34±1,01
Y2	34,82±7,75	15,32±2,12	11,14±0,83	8,78±2,01
Y3	39,25±12,73	13,70±1,35	10,62±1,26	8,44±2,50
Y4	33,31±6,63	12,54±1,80	9,22±1,44	6,50±1,32
Y5	33,20±4,67	14,70±1,27	11,10±0,70	6,36±0,86
Y7	41,57±13,76	12,82±1,60	8,78±1,00	6,38±1,33
Y8	42,07±6,99	12,26±1,68	10,38±1,76	5,36±1,12
Y9	34,28±5,50	10,94±1,08	8,60±0,96	5,50±1,00
S1	29,58±10,73	13,00±3,70	9,70±1,65	5,98±2,04
S2	26,67±6,78	10,06±1,25	8,30±1,07	6,54±1,51
S6	39,25±7,61	12,40±2,07	8,92±0,83	7,84±1,61
S7	31,05±7,96	11,80±0,81	9,32±0,83	6,00±0,80
S8	34,37±8,02	12,22±3,21	9,50±2,29	6,84±2,73
S9	40,53±4,50	13,58±2,71	10,48±0,75	6,56±1,16
S10	28,48±3,39	11,50±1,22	9,76±1,57	6,18±0,49
S12	36,98±7,90	12,40±1,82	9,92±1,23	7,66±1,45
S13	20,89±6,06	14,52±1,35	11,62±1,12	7,08±1,24
S14	14,82±2,50	12,70±1,79	9,98±1,46	7,00±1,99
KKA1	26,41±6,70	11,76±0,94	9,24±0,58	6,44±0,48
KKA2	23,19±9,31	12,30±1,98	8,98±1,17	6,12±1,16

4.1.1.3. Çiçek ve Yumurtalık Karakterleri

İncelenen Kırıkkale Yerel genotiplerin tamamının cinsiyeti andromonoik, çiçek rengi sarı, dişi çiçek/erkek çiçek oranı tüm genotiplerde çoğunlukla erkek çiçek olarak gözlemlenmiştir. Genotipler arasında İstatistiksel olarak bir farklılık bulunmamıştır. Benzer çalışma yapan araştırmacılar; Kayak ve Türkmen (2021), bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve pomolojik özelliklerinin belirlenmesi üzerine yaptıkları çalışmada, çiçek cinsiyeti bütün genotiplerde andromonoik olarak belirtilmiştir ve dişi çiçek/erkek çiçek oranı çoğunlukla erkek olarak gözlemlenmiştir. Szamosi ve ark. (2010), yaptıkları çalışmada cinsiyet tipinin %28'inin monoik, %72'ini andromonik bulmuşlardır ve kavun çiçek tipi çoğunlukla andromonoik olduğunu belirtilmişlerdir. Üçok (2019), çiçek tipi andromonoik olarak saptamıştır. Escibano ve Lázaro (2009), cinsiyet tipi ve rengi andromonoik ve sarı çiçekli saptamışlardır. Dal ve ark. (2017), genotiplerin %90,9'unda monoik, %9,09'unda andromonoik çiçek yapısı tespit etmişler ve bulgularımızla benzerlik göstermemiştir. Daryono ve ark. (2018), Yeni Endonezya kavun çeşidinin üzerine yaptıkları bir çalışmada, çiçek yapısı andromonik gözlemlemişlerdir. Frary ve ark. (2009), inceledikleri kavun genotiplerinin büyük çoğunluğu andromonoik (erkek/dişi ve erkek) çiçek tipine sahip olurken sadece birkaç genotipte monoik (erkek ve dişi) çiçek tipi saptamışlardır. Elbakkay ve ark. (2022), araştırmalarında inceledikleri kavun popülasyonlarının çiçek karakterleri %83'ünün ginomonoik, %17'sinin andromonoik olduğunu saptamışlardır. Bu çalışma, bulgularımızla çok az benzerlik göstermiştir. Pandey ve ark. (2021), Hindistan'ın az bilinen yerli kavunu hakkında inceledikleri çalışmalarında; tüm kavun genotiplerinde çiçek yapısı monoik; erkek çiçek erkenci olarak kaydetmişlerdir. Ancak bu bulgular elde edilen sonuçlarımızla kıyaslandığında çiçek tipi farklılık göstermiştir.

Yumurtalık karakterleri bakımından bulgular değerlendirildiğinde genotiplerin tamamı dişi organda tüylenme kısa olarak gözlenmiştir. Yumurtalık şekli çoğunlukla yuvarlak ve çok az uzun olarak saptanmıştır. Benzer çalışmalar yürüten araştırmacıların sonuçları ile karşılaştırıldığında; Ali-Shtayeh ve ark. (2017), çalışmalarında yumurtalığı kısa tüy olarak tespit ederek bulgularımızla benzer sonuç elde etmişlerdir. Pandey ve ark. (2021), Hindistan'ın az bilinen yerli kavun üzerine araştırmalarında, yumurtalık şekli uzun ve tüylü olarak bulmuşlar ve elde edilen bulgularımızdan farklı sonuç ortaya çıkmıştır. Yumurtalık şekli ve tüylülük genotipik bir özellik olarak bilinmektedir farklı ekolojik koşullar altında ve açık tozlanarak yetiştirildiği göz önüne alındığında zamanla yerel genotiplerde bu farklılıklar görülmektedir. Tüylülük, genotiplerin çevresel faktörlere dayanaklılığı özellikle hastalıklara karşı dayanaklılığı açısından bir avantaj sağlamaktadır bu bakımdan da değerlendirildiğinde

Kırıkkale kavun yerel genotiplerin tamamı kısa tüylü olması hastalıklara dayanımının az olabileceği şeklinde yorumlanmaktadır.

Genotipler arasında elde edilen çiçek karakterleri bulguları aynı özellikleri taşımaktadır. Bu durum yörede aynı üretim materyalinin korunduğunu ve genetik özelliklerinin benzer olduğunu düşündürmektedir. Çünkü çalışmalarda kullanılan genotiplerin yakın yerlerde, benzer ekolojik koşullar altında ve açık tozlanarak yetiştirildiği göz önüne alındığında bu tarz benzerliklerin aynı bölgede üretilen kavunlarda gözlenmesi doğal sonuç olarak değerlendirilmektedir. Genel olarak, bölgeye özgü yerli materyallerin yakın yerleşim alanlarına taşınması da benzer özelliklere sahip popülasyonların çoğalmasını kolaylaştırdığı düşünülmektedir. Bununla beraber, bu durumun, bölge bazında kendi içerisinde açık, dışarıya kapalı; yani bulunduğu coğrafyada sınırlı kaldığı akla gelmekte ve moleküler analizler ile akrabalık ilişkilerinin incelenmesini zaruri kılmaktadır.

4.1.2. Meyve Karakterlerine Ait Bulgular

Kırıkkale’de çalışılan kavunların yerel popülasyon niteliği taşıması nedeniyle kavun meyve özelliklerinde de geniş bir açılım görülmektedir. Meyve karakterlerinden kantitatif karakterlere ait ortalama değerler, Çizelge 4.2’de verilmiştir.

4.1.2.1 Meyve Ağırlığı

Çalışma sonucunda, genotipler arasında, meyve ağırlığı (gr) en yüksek 4360,50 gr ile S11 nolu genotipte; en az ise 1263,86 gr ile BŞ7 nolu genotipte elde edilmiştir. Çizelge 4.2.’ de meyve ağırlığı sonuçlarına bakıldığında farklı sonuçlar elde edildiği görülmektedir. Meyve ağırlığı açısından elde edilen sonuçlar diğer çalışmalar ile karşılaştırılarak değerlendirilmiştir. Üçok (2019), çalışmasında, meyve ağırlığı 1210-2878 gr ile çalışmamıza benzer sonuç gösterirken Daryono ve ark. (2018); Meloni kavun meyve ağırlığı yaklaşık 550–840 gr (küçük ila orta), olduğunu açıklamışlardır. Singh ve ark. (2020) ise yaptıkları çalışmada meyve ağırlığı 92,5- 2000 gr arasında farklılık bulmuşlardır. Elde ettiğimiz sonuçlara göre daha küçük meyvelere sahip olduğu saptanmıştır. (Chikh-Rouhou ve ark., 2021a) İnceledikleri kavun Genotiplerde; meyve ağırlığı 259,55- 3834 gr arasında varyasyon göstermektedir ve araştırma bulgularımıza benzer sonuç göstermektedir. Yılmaz ve ark. (2021), Kuzey Kıbrıs ve Türkiye’den toplanan kavun örneklerini değerlendirmişlerdir. Meyve ağırlığı ortalama 1,94 gr hesaplamışlardır elde ettiğimiz sonuçlardan daha küçük bulunmuştur. Tatar ve Şensoy (2020).

Diyarbakır ili bazı yerel kavun genotiplerinin meyve özelliklerini incelemişlerdir. Yerli genotipler arasında meyve ağırlığı en yüksek kışlık karakter gösteren genotipte 10505 gr en düşük yazlık karakter gösteren genotipte 2837 gr olarak elde etmişlerdir ve sonuçlar çalışmamızla benzerlik göstermiştir. Mısır (2012), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan yerel kavun varyetelerinin, meyve ağırlıkları popülasyonlar arasında yaklaşık 1200 gr-3000 gr arasında saptamıştır. Ghorbani ve ark. (2020) bazı İran kavun genotiplerini araştırmışlardır. Meyve ağırlığı en yüksek 2246 gr olarak tartmışlardır ve bu sonuçlarla değerlerimiz karşılaştırıldığında yakın sonuçlar olduğu görülmektedir. Nasrabadi ve ark. (2012), farklı İran kavun genotiplerini incelemişlerdir ve meyve ağırlığı en yüksek 1390 gr en düşük 290 gr bulmuşlardır ve bulgularımıza göre meyve ağırlığı küçük olarak tespit edilmiştir. Yakupoğlu ve Çoban (2022), Yozgat Aydıncık Bağrıbutün kavununu değerlendirmişlerdir ve ortalama meyve ağırlığı 922 gr ile küçük-orta sınıfta tespit etmişlerdir elde ettiğimiz sonuçlara göre yakın benzerlik göstermiştir. Maleki ve ark. (2018), İran yerel kavun üzerine yaptıkları çalışmada yerel çeşitlerde, ortalama meyve ağırlığı 340-3160 gr arasında elde etmişlerdir. Çalışmada elde edilen en yüksek değere göre yorumlandığında benzer olduğu görülmektedir. Shivapriya ve ark. (2021), Güney Hindistan bölgesinde toplanan yerel çeşitler üzerine araştırmalarında; meyve ağırlığı 20-5170 gr arasında farklılık saptamışlardır. Muhammadi ve Daryono (2022), Endozyanın yerel kavunları kalitatif ve kantitatif özellikler açısından araştırmışlardır. Meyve ağırlığı en yüksek Kinaya f4 900 gr en düşük Kinaye f3 814 gr olarak ölçmüşlerdir. Sonuçların elde ettiğimiz sonuçlardan farklı olduğu ve ölçülen meyvelerin daha küçük olduğu tespit edilmiştir. Escribano ve Lázaro (2009), İspanyol geleneksel kavunlarının değerlendirmişlerdir. Meyve ağırlığı en düşük 48 gr en yüksek 4950 gr tartmışlardır ve elde ettiğimiz sonuçlara göre daha büyük meyveler olduğu saptanmıştır. Harsh ve ark. (2022), yürüttükleri çalışmada popülasyonlar arasında meyve ağırlığı 190,35- 687,10 gr arasında ölçerek en yüksek 687,10 gr elde edilmiştir. Çalışmada elde edilen bulgularla karşılaştırıldığında daha küçük kalmaktadır. Szamosi ve ark. (2010), Macar ve Türk kavun germplazmlarını karşılaştırmışları sonucu; meyve ağırlığı ortalama Türk genotiplerinde 1017.7 gr, Macar kavun genotiplerinde 1333.7 gr tartmışlardır. Elde edilen sonuçlar farklılık gösterse de çalışılan genotiplerin Türk genotipleri olması ve genotipler arasında benzer değerler elde edilmesi sonuçların benzerlik gösterdiğini düşündürmektedir. Yusuf ve Daryono (2021), Endonezya Kavunu Hikapel'Kavunun (*Cucumis melo L.*) incelediklerinde meyve ağırlığı 653,8-1157 gr arasında bulmuşlardır. Pandey ve ark. (2021), Hindistan az bilinen yerli kavunları hakkında inceledikleri çalışmalarında; genotipler arasında meyve ağırlığı bakımından sırasıyla 25-50 gr. ve 200-300 gr arasında bulmuşlardır. Akhoundnejad ve Sevgin (2019) ise yaptıkları çalışmada en yüksek meyve ağırlığı 611 gr, 558

gr; elde etmişlerdir. Sonuçlara göre daha büyük meyveler elde edildiği görülmektedir. Yine benzer çalışma yapan Singh ve ark. (2020) araştırmalarında meyve ağırlığı 92,5 gr ile 2000 gr arasında; Soltani ve ark. (2022)yürüttükleri çalışmada meyve ağırlığı 911,33-3675 gr arasında varyasyon gösterdiğini belirtmişlerdir bu sonuçlarla çalışma karşılaştırıldığında yakın benzerlik olduğu görülmektedir. Genel olarak kavun meyve ağırlığı bakımından değişkenlik göstermesi genetik, iklim, kültürel uygulamalar ve fizyolojik faktörlerin etkileşimine bağlı olarak değiştiği yorumlanmaktadır. Genotipler arasında farklı genetik özellikler görülebilmektedir bu nedenle meyve ağırlığı bakımından da farklı sonuçlar alınmasının mümkün olabileceği düşünülmektedir. Ancak küçük veya büyük meyve oluşturma özelliği genetik bir farklılıksa; farklılığın nedenini genetik analizlerle ortaya konması gerekmektedir. Bununla beraber bitki büyüme özelliklerinin ekolojik şartlara adaptasyon yeteneğini ne kadar fazlaysa meyve ağırlığı da o ölçüde değişiklik gösterebilir. Çünkü, sıcaklık, ışık, nem, toprak profili gibi ekolojik şartlar ve gübreleme, sulama gibi yetiştirilme koşulları meyve büyüklüğünü doğrudan etkileyen faktörler olduğu düşünülmektedir. Bu nedenle bu bulguların elde edilmesi bahsedilen faktörlerin doğal bir sonucu olduğu düşünülmektedir.

4.1.2.2. Meyve Boyu ve Meyve Eni

Meyve uzunluğu (cm), en uzun ve en kısa olmak üzere ortalama 12,382 cm ile 16,596 cm arasında saptanmıştır. Meyve uzunluğu, en yüksek değeri D9'da tespit edilmiştir. Meyve çapı (cm) ise ortalama 16,51cm ile 44,28 cm arasında bulunmuştur. En geniş meyve çapı, KK1 genotipinde bulunmuştur. Çevresel faktörlerin, bitki büyüme özelliklerini etkilediği düşünüldüğünden, bu farklılıkların oluşması çevresel faktörlerin doğal sonucu olarak ortaya çıktığı değerlendirilmektedir. Benzer çalışmalar yapan Üçok (2019), meyve boyu (cm) açısından elde ettiği 12,98-14,73 cm sonucu bu çalışmanın sonucu ile karşılaştırıldığında yaklaşık sonuçlar elde edildiği görülmektedir. Ancak meyve eni bakımından karşılaştırıldığında; 13,53-16,73 cm olarak bulunan sonuç, burada elde edilen sonuçtan daha dar olduğu görülmektedir. Bagheriyan ve ark. (2015) yaptıkları bir diğer çalışma ile karşılaştırıldığında; İran genotiplerinde meyve uzunlukları en yüksek ve en düşük sırasıyla 26,5 cm ve 11,6 cm olarak tespit etmişleridir ve çalışmadaki bulguya göre daha küçük kaldığı görülmektedir. Meyve çapı açısından karşılaştırıldığında; 8-17,8 cm arasında değerler tespit edilmiştir. Sonuçlarımızla benzerlik göstermediği saptanmıştır. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a) çalışmalarında; meyve uzunluklarını 104-318 mm; meyve eni 38,33-200,8 mm arasında saptamışlar elde edilen sonuçlar ile karşılaştırıldığında çalışmamızla farklılık gösterdiği tespit

edilmiştir. Yılmaz ve ark. (2021) yaptıkları araştırmada; meyve uzunluğu ve çapı sırasıyla ortalama 85,77 mm, 134,25 mm hesaplamışlardır ve bulgularımızla aynı bulmamışlardır. Benzer çalışma olan Tatar ve Şensoy (2020), Diyarbakır ili bazı yerel kavunların meyve uzunluğu 21,19-38,65 cm bulmuşlardır. Bu çalışmadaki değerler açısından daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Meyve çapı ise 19,41- 30,49 cm değerleri ile yaklaşık sonuç olduğu değerlendirilmiştir. Mısır, 2012 çalışmasında Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan yerel kavunların meyve eni 20,00-10,50 cm ve meyve uzunluğu 13,45-28,05cm arasında çeşitlilik göstermiştir. Bu nedenle bu çalışmadaki değerler açısından önemli bir fark elde edilmiştir. Ghorbani ve ark. (2020), bazı İran kavun genotipleri üzerine yaptıkları çalışmada, meyve uzunluğu 11,40-22 cm ile burada elde sonuçlar ile yakın değerler olduğu görülmektedir. Meyve çapı ise 10,25-14,40 cm arasında ölçülmüş olduğundan farklı olduğu görülmektedir. Zhang ve ark. (2012), araştırmalarında farklı İran kavun genotipleri incelemiş ve meyve uzunluğu 14-46,3 cm olarak ölçülmüştür. Bu çalışma ile farklı sonuçlar olduğu tespit edilmiştir. Nasrabadi ve ark. (2012), çalışmasında en düşük meyve uzunluğu 22,64 en yüksek 40,55 cm; meyve çapı en düşük 15,15 en yüksek 19,56 cm olarak bulmuşlardır. Her iki özellik açısından bu çalışmanın sonucu ile karşılaştırıldığında elde edilen sonuçların farklı olduğu değerlendirilmiştir. Yakupoğlu ve Çoban (2022), Yozgat Aydıncık Bağrıbutün kavununu incelemişlerdir ve meyve boyu ortalama 13,95 cm, meyve eni ortalama 11,94 cm kaydetmişlerdir. Shivapriya ve ark. (2021), Güney Hindistan bölgesinde toplanan yerel çeşitler üzerine yaptıkları araştırmalarında; meyve uzunluğu 2,81-32 cm; meyve çapı 2,60-11,30 cm ölçmüşlerdir. Endozya'nın yerel kavunu olan "Kinaya" üzerine araştırma yapan Muhammadi ve Daryono (2022), meyve uzunluğu 17,56-19,14 cm arasında olduğunu tespit etmişlerdir ve çalışmamızla benzer sonuçlar göstermektedir. Escribano ve Lázaro (2009), İspanyol geleneksel kavunları (*Cucumis melo* L.) incelenmişlerdir ve meyve çapı en düşük 7,50, en yüksek 23,20 ve meyve uzunluğu en düşük 8,50 ve en yüksek 44,20 cm olarak ölçmüşlerdir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlar açısından çok farklı olduğu saptanmıştır. Harsh ve ark. (2022), yaptıkları çalışmada, meyve uzunluğu 5,68- 12,27 cm; meyve çapı 6,02-10,07 olarak bulmuşlardır. Bulgularımızla karşılaştırıldığında hem meyve uzunluğu hem de meyve çapı bakımından yüksek olduğu tespit edilmiştir. Hu ve ark. (2013b), Çin Kavunu üzerine yapılan araştırmada, meyve çapı genotipler arasında en yüksek 44,45 cm ve meyve uzunluğu ise 77,19 cm ölçülmüştür. Bu çalışma açısından meyve çapı ile benzerlik gösterirken meyve uzunluğu açısından çok farklı olduğu belirlenmiştir. Szamosi ve ark. (2010), Macar ve Türk kavun germplazmalarını karşılaştırmışlar; meyve uzunluğu ve eni 14,6-22,5 cm; 10,2-13,2 cm bulmuşlardır. Çalışmamızla değerlendirildiğinde; meyve uzunluğu yakın sonuçlar gösterirken meyve çapı açısından benzer olmadığı tespit

edilmiştir. Soltani ve ark. (2022), 45 İran ve 15 yabancı kavun genetik bakımından değerlendirmişlerdir. Çalışmada, meyve uzunluğu ortalama 1,446 cm; meyve çapı 2,621 cm hesaplamışlardır. Ghorbani ve ark. (2020), İran kavunu üzerine yaptıkları bir çalışmalarında; meyve uzunluğu 11,40-22 cm, meyve çapı ise 10,25-14,40 cm arasında ölçmüşlerdir. Sonuçlarla karşılaştırıldığında; meyve uzunluğu yakınlık gösterirken, meyve çapı açısından farklı olduğu saptanmıştır. Zhang ve ark. (2012), Güney Asya hıyar ve kavun Germplazmaları değerlendirmesi çalışmalarında, meyve uzunluğu 14- 46,3 cm olarak tespit etmişlerdir. Yusuf ve Daryono (2021), Endonezya Hikapel Kavunun morfolojik özellikleri üzerine araştırmalarında; meyve uzunluğu 10,12-14,83 cm; meyve çapı 9,67- 13,03 cm arasında farklılık göstermiştir. Bu çalışma ile karşılaştırıldığında, meyve uzunluğu yakınlık gösterirken meyve çapı arasında farklılık olduğu tespit edilmiştir. Akhoundnejad ve Sevgin (2019), genotipler arasında yaptıkları incelemede; en yüksek meyve uzunlukları sırasıyla 184,152 mm ve en düşük meyve uzunlukları sırasıyla 46,51 mm elde edilmiştir. Fanourakis ve ark. (2000), Yunanistan kavun yerli ırklarını incelemişler ve meyve çapı 47,95-98,20 cm; arasında olduğu belirtmişlerdir. Elde edilen sonuçların farklılık göstermesi genetik varyasyondan kaynaklanabileceği gibi sıcaklık, ışık, nem, yağış miktarı gibi çevresel faktörlerin ve uygulanan kültürel işlemlerin etkisiyle de olabileceği düşünülmektedir. Ayrıca, toprak pH'sı, organik madde miktarı, toprak yapısı gibi toprak unsurlarla beraber su stresi veya aşırı sulama, meyve uzunluğu ve çapına etki etmede kritik faktörler olabileceği de yorumlanmaktadır.

4.1.2.3. Meyve sap uzunluğu ve meyve sap kalınlığı

Kırıkkale kavun yerel genotiplerin meyve sap kalınlığı ve sap uzunluğu değerlendirildiğinde ortalama olarak 3,38- 8,01 mm arasında ortalama değerleri değiştiği Çizelge 4.2.'de en uzun meyve sap uzunluğu KKA1 genotipinde elde edilirken en kısa meyve sap uzunluğu BŞ2 genotipinde elde edilmiştir. Meyve sap kalınlığı incelendiğinde en yüksek ortalama değer 35,61 mm D2 genotipinde elde edilmiştir. En düşük ortalama değer 24,37 mm ile KRŞ2 genotipinde bulunmuştur.

Zhang ve ark. (2012), kavun değerleri inceleyecek olursak genotiplerin meyve sap uzunluğu, ortalama değerleri 41,1 mm, olarak tespit etmişlerdir. Erdoğan (2016), yaptığı çalışmada meyve sap uzunluğu değerini ortalama 27,13 mm olarak bildirmiştir. Yakupoğlu ve Çoban (2022) yılında bağrıbütün kavunlarında yaptıkları çalışmada meyve sap uzunluğu ve genişliği değerlerini sırasıyla 15,76 mm ve 8,60 mm olarak bildirmişlerdir. Bahçivancı (2012) yazlık kavunlarda meyve sap uzunluğunu 15,3-38,0 mm olarak bulmuştur. Genotipler arasında

bu deęişkenlięin görölmesi genetik varyasyonun bir yansıması olduęu bunun dıřında sıcaklık, nem gibi iklim faktörlerin meyve sap morfolojisini etkileyebileceęi ve yetiřtirme kořullarının bitkinin ihtiyacının tam karřılayamamasından da kaynaklanabileceęi düşünölmektedir.

4.1.2.4. Meyve Et ve Meyve Kabuk Kalınlıęı

Arařtırmada alıřılan genotiplerin meyve et kalınlıęı ortalama deęerleri incelendięinde en kalın meyve ete sahip $12,48 \pm 0,81$ mm en ince meyve et kalınlıęına sahip $3,51 \pm 1,03$ mm olarak tespit edilmiřtir. Genotipler arasında bu deęerler deęişkenlik göstermiřtir. Benzer alıřma yapan Singh ve ark. (2020) yaptıkları alıřmada genotipler arasında en yüksek meyve et kalınlıęını ise (3,4 cm); Bagheriyan ve ark. (2015) ise inceledikleri İran ve Afgan kavun genotipleri arasında, Meyve et kalınlıęı ise genotipler arasında en fazla 3,75 cm olarak elde edilmiřtir. alıřmada elde edilen sonuçlardan daha düşük kalmıřtır. Dal ve ark. (2017) yerel kavun genotiplerinin bazı morfolojik özellikleri üzerine yaptıkları arařtırmada meyve eti kalınlıęı, meyvede kabuk kalınlıęı ölçmüřlerdir. Sonuçları sırasıyla 12,66 mm, 6,68 mm tespit etmiřlerdir. alıřmada elde edilen bulgularımızla yakın benzerlik göstermektedir. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a) inceledikleri kavun genotiplerde, meyve et kalınlıęı 12,00-36,58 mm elde etmiřlerdir yine benzer alıřma yapan Mısır (2012) Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan yerel kavun varyetelerinin, meyve et kalınlıęı en fazla 50,52 mm, en az 32,88 mm elde edilmiřtir. Bu sonuçlara bakıldığında alıřmada elde edilen sonuçlardan daha yüksek görünmektedir. Nasrabadi ve ark. (2012) farklı İran kavun genotipleri incelemiřlerdir. Meyve kabuk kalınlıęı en düşük 6,01 en yüksek 11,03 mm ve meyve et kalınlıęı en düşük 24,92 en yüksek 36,54 mm olarak belirlenmiřtir. alıřmada elde edilen sonuçlara göre önemli farklılık göstermektedir. Maleki ve ark. (2018), İran'da yerel kavun üzerine yaptıkları alıřmada meyve kabuk kalınlıęı 0,57-4,89 mm; meyve et kalınlıęı 15,80- 43,90 mm arasında bulunmuřtur. Shivapriya ve ark. (2021), Güney Hindistan bölgesinde toplanan yerel eřitler üzerine arařtırmalarında meyve et kalınlıęı 0,16-5,80 cm ölçölmüřtür. Arařtırmada bulunan sonuçlarla kıyaslandığında ok düşük kalmıřtır. Muhammadi ve Daryono (2022), Endonezya'nın yerel kavunu 'Kinaya' kavunun meyve kabuk kalınlıęı 0,30- 0,40 cm arasında deęiřtięini bulunmuřtur. Szamosi ve ark. (2010), Macar ve Türk kavun germplazmlarını karřılařtırmıřları sonucu meyve et kalınlıęı 2,2 ve 3,3 mm bulunmuřtur. alıřmada elde edilen sonuçlara göre farklılık göstermektedir. Elde edilen bu bulguların farklılık göstermesi, iklim faktörlerinin lokasyonlar arasında farklılık göstermesine, yetiřtirme kořullarının büyüme özelliklerini etkilemesine ve popölasyonlar arasında genetik farklılıkların olmasına baęlı olduęu

düşünülmektedir. Ayrıca bitki hormonları da meyve büyümesi üzerine önemli bir görev yürüttüğü düşünülmektedir bu nedenle meyve et ve kabuk kalınlığını da etkileyebileceği öne sürülmektedir. Bu bulgulara dayanarak kavun meyve eti ve meyve kabuk kalınlığı depolama, nakliye ve raf ömrü gibi unsurları etkilediği düşünüldüğü için önemli bir parametre olarak görülmektedir.

4.1.2.5. Meyve Kabuk Rengi Karakterleri ve Meyve et rengi

Çalışmada incelenen genotiplerde %62 oranında açık sarı (1), %11 oranında yeşil (4) ve %10 oranında Koyu yeşil (5) renk gözlenirken %5 oranında krem (2), %7,5 oranında soluk yeşil (3) ve %8 turuncu (7) numaralı renkler düşük oranda gözlenmiştir. Olgunluk öncesi meyve kabuk zemin rengi bakımından incelenen genotiplerde %43 oranında yeşil (3), %38 oranında beyaz (1) ve %16 oranında gri-yeşil (4) rengi gözlenirken 2 ve 4 numaralı renkler düşük oranda elde edilmiştir. Kabuk zemin renk yoğunluğu ise incelenen genotiplerde %45 oranında Koyu (3), %30 oranında Orta (2) ve %25 oranında Açık (1) renkler gözlenmiştir. Çalışmada incelenen genotiplerde desen rengi; %60 Yeşil (3), %37 sarı (1) ve %3 oranında Kahverengi (2) renk olarak tespit edilmiştir. Kabukta ikincil renk dağılımı bakıldığında genotipler arasında %24 oranında yok (0), %50 oranında Benekli (2), %6 oranında Lekeli (3) farklılık gözlemlenmiştir. Meyve et rengi özellikleri değerlendirildiğinde Beyaz, Yeşil, Krem-sarı, Turuncu renkler gözlemlenmiştir. Gözlem sonucu %22 oranında Beyaz (1); %5,5 oranında Yeşil (2); %41 oranında Krem-Sarı (3), %24 oranında Turuncu renkleri genotipler arasında farklılık göstermiştir ve popülasyonlar arasında en fazla meyve eti krem-sarı renk olduğu saptanmıştır. Daryono ve ark. (2018); meloni kavun meyvesinin meyve kabuk rengi krem renkli gözlemlenmişlerdir. Singh ve ark. (2020), yaptıkları çalışmada genotiplerin 36'sının çoğunluğu turuncu, on iki genotip kremsi beyaz, sekiz genotip sarı, sekiz genotip sarı yeşil, beş genotip kırmızı yeşil ve bir genotip açık yeşil kabuk rengine sahiptir 31 tanesi çizgisiz, 29 genotipte çizgi mevcuttu. 31 genotipin ağsız 39 genotipte ağılı olarak gözlemlenmiştir. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a) Tunus kavununun (*Cucumis melo L.*) değerlendirmişlerdir. İncelenen çeşitlerde meyve kabuk renkleri, sarı (%37,5), sarı-yeşil (%20,8), açık yeşil, yeşil ve turuncu (%12,5) ve kremsi (%4,2) olmak üzere altı sınıfa ayrılmıştır. Meyve Et rengi dört guruba ayırmışlardır ve çoğunluğunun (%37,5) portakal renkli olduğunu ifade etmişlerdir. Wahyuni ve ark. (2022), yaptıkları çalışmada olgunlaşmış meyve rengi kahverengimsi turuncu, meyve eti beyazdır. (Bagheriyan ve ark., 2015) İnceledikleri İran ve Afgan kavun genotipleri arasında, meyve et rengi Afganistan menşeli kavunlar beyaz İran kökenli kavunlar yeşil renk olarak belirtilmiştir.

Yılmaz ve ark. (2021), Kuzey Kıbrıs ve Türkiye-den toplanan kavun örneklerini değerlendirmişlerdir, Olgun meyve kabuk rengi ve yoğunluğu çoğunlukla yeşil ve koyu gözlemlenmiştir. İkincil kabuk rengi çoğunlukla açık yeşil; meyve et rengi çoğunlukla sarı belirtilmiştir Tatar ve Şensoy (2020). Diyarbakır ili bazı yerel kavun genotiplerinin meyve özelliklerini incelemişleridir. Yerli genotipler arasında kabuk rengi sarı, yeşil, yeşilimsi sarı, turuncu; meyve et rengi sarımsı beyaz, turuncu şeklinde farklılık göstermiştir. Mısır (2012) Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan yerel kavun varyetelerinin, meyve et rengi beyazdan turuncuya farklılık gözlemlenmiştir. Ghorbani ve ark. (2020), Bazı İran kavunu genotipleri üzerine yaptıkları çalışmada meyve zemin rengi çoğunlukla sarı, meyve zemin yoğunluğu orta olarak elde edilmiştir. Maleki ve ark. (2018), İran'da yerel kavun üzerine yaptıkları çalışmada yerel çeşitlerde olgunlaşmamış meyveler için üç farklı ana renk vardı: açık yeşil (%55,5), orta (%29,6) ve koyu yeşil (%14,8). Meyve eti, beyaz, turuncu, açık yeşil ve somon renkleri sırasıyla %37,0, %25,9, %22,2 ve %7,7 oranında gözlenmiştir. Malik ve ark. (2014) Hindistan yerel kavun genotiplerinde meyve et rengi sarı, turuncu, beyaz olmak üzere 11 farklı renk gözlemlenmiştir. Wahyuni ve ark. (2022), yaptıkları çalışmada meyve şekli yuvarlak, olgunlaşmış meyve kabuk rengi kahverengimsi turuncu, meyve eti beyaz olarak saptamışlardır. (Hu ve ark., 2013b), Çin kavunu üzerine araştırmaları sonucu meyve et rengi beyaz, sarı, açık yeşil, yeşil turuncu, turuncu şeklinde tespit edilmiştir. Yusuf ve Daryono (2021), Endonezya Hikapel Kavunun morfolojik özellikleri üzerine yaptıkları bir çalışmada, 'Hikapel' meyve kabuk rengi, sarı ışık grubu yeşilimsi sarı ve pürüzsüz kabuk dokusuna sahipken, yerel kavunlar için 'Moonlight' daha turuncu bir renge yani sarı grup canlı sarı ve ince dokuya sahip olduğunu belirtilmiştir. Pandey ve ark. (2021), Hindistan az bilinen yerli kavunları hakkında inceledikleri çalışmalarında; meyve rengi kahverengiden yeşilimsi sarıya ve çizgili olduklarını belirtmişlerdir. Fanourakis ve ark. (2000), Yunanistan kavun yerli popülasyonlarını incelemişlerdir ve olgunlaşmamış meyve kabuk rengi açık yeşilden koyu yeşile, olgunlaşmış meyve kabuk rengi sarı, turuncu yeşil ve meyve yüzeyi ağsız ve düz olarak gözlemlenmiştir. Nhi ve ark. (2010), araştırmalarında, meyve rengi turuncu ve beyaz olarak saptamışlardır. Genotipler arasında meyve kabuk karakterleri ve meyve eti rengi gibi özellikler arasında farklılıkların bulunması; bu özelliklerin genetik faktörler tarafından kontrol edildiği bununla birlikte çevresel faktörlerin ve kültürel işlemlerin kavun meyve karakterlerin kimyasal bileşen içeriğinde değişikliğe neden olabileceği ayrıca olgunlaşma süreci de dikkate alındığında bu farklılıkların oluşabileceği düşünülmektedir.

4.1.2.6. Meyve Şekli

Kırıkkale yerel genotipleri arasında mühür büyüklüğü değerlendirildiğinde %46 oranında Küçük (1), %30 oranında orta (2), %24 oranında büyük mühüre sahip olduğu gözlemlenmiştir. Meyve şekli bakımından değerlendirildiğinde; %19 yuvarlak (1), %34 eliptik (2), %16 armudi ve basık (3), (4); %14 uzun (5), %7 (çok uzun) olarak meyve şekilleri belirlenmiştir. Meyve uç şekli değerleri incelendiğinde %53 sivri (1), %42 yuvarlak (2), %43 yassı (3) olarak tespit edilmiştir. Meyve Taban şekli ise %33 sivri uçlu (1), %46 yuvarlak (2), %21 düz (3) tabana sahip olduğu saptanmıştır. Yapılan yakın çalışmalar incelendiğinde; Üçok (2019), meyve yüzeyi; düz, meyve ucu şekli düz tespit etmiştir. Daryono ve ark. (2018); Meloni kavun meyvesinin eliptik şekil olarak belirtilmiştir. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a) inceledikleri kavun genotiplerde; meyve et rengi yeşil, sarı, turuncu, yeşilimsi-turuncu; meyve şekli yuvarlak, uzun, oval, yassı olmak üzere farklılık göstermiştir. Yılmaz ve ark. (2021), Kuzey Kıbrıs ve Türkiye-den toplanan kavun örneklerini değerlendirmişlerdir ve meyve taban şekli çoğunlukla yuvarlak olarak belirtilmiştir. Tatar ve Şensoy (2020), Diyarbakır ili bazı yerel kavun genotiplerinin meyve şekli yuvarlak, sivri, uzun gözlemlenmiştir. Ghorbani ve ark. (2020), bazı İran kavun genotipleri üzerine yaptıkları çalışmada meyve şekli oval ve eliptik arasında farklılık göstermiştir. Maleki ve ark. (2018) İran'da yerel kavun üzerine yaptıkları çalışmada yerel çeşitlerde altı meyve şekli gözlenmiştir; uzun, eliptik ve oval meyveler, aynı sıklıkta (%18,5), benzer şekilde küre, palamut ve yassı meyveler aynı ve düşük oranda (%17,8) bulunmuştur. Malik ve ark. (2014), Hindistan yerel kavun genotiplerinde, meyve şekli bakımından oval, küre, basık şeklinde 3 farklı şekil elde edilmiştir. Muhammadi ve Daryono (2022). Endozya'nın yerel kavunu meyve şekli oval olarak tespit edilmiştir. Hu ve ark. (2013b), Çin Kavunu üzerine araştırmaları sonucu meyve şekli yuvarlak, oval, armut meyve et rengi beyaz, sarı, açık yeşil, yeşil turuncu, turuncu şeklinde tespit edilmiştir. Ghorbani ve ark. (2020) İran kavunu üzerine yaptıkları bir çalışmalarında; genotipler arasında meyve zemin rengi çoğunlukla sarı, meyve zemin yoğunluğu orta olarak elde edilmiştir. Meyve şekli ise oval ve eliptik arasında farklılık göstermiştir. (Yusuf ve Daryono, 2021), Endonezya Kavunu Hikapel'Kavunun (*Cucumis melo* L.) morfolojik özellikleri üzerine yapılan bir çalışmada; Hikapel ve Sonya kavununun şekli yuvarlak diğerleri oval gözlemlenmiştir. Pandey ve ark. (2021), Hindistan az bilinen yerli kavunları hakkında inceledikleri çalışmalarında; meyveler çok küçük yuvarlak veya oval çizgili olarak belirtilmiştir. Fanourakis ve ark. (2000), Yunanistan kavun yerli genotiplerinin incelemiştir meyve şekli oval -uzun, olgunlaşmamış meyve kabuk rengi açık yeşilden koyu yeşile, farklılık gözlemlenmiştir. Nhi ve ark. (2010),

araştırmalarında kavun meyve şekilleri uzun ve yuvarlak olarak tespit edilmiştir. Dal ve ark. (2017), yaptıkları çalışmada meyvede mühür büyüklüğü 8,06 mm olarak tespit etmişlerdir. Yılmaz ve ark. (2021), Kuzey Kıbrıs ve Türkiye-den toplanan kavun örneklerini değerlendirmişlerdir, meyve taban şekli çoğunlukla yuvarlak olarak belirtilmiştir.

Çalışmamızın bulguları, kavun meyve şeklindeki farklılıkları belirleyen temel nedenin genetik varyasyon olduğu düşünülmektedir. Bununla beraber sulama, toprak koşulları, iklim faktörleri gibi tarımsal faktörler de meyve şeklini etkileyebilmektedir. Ayrıca kavunların allogam özellik göstermesi de meyvelerinin şeklinde değişikliğe neden olabilmektedir.

4.1.2.7. Meyve Olgunlaşma Zamanları

Her genotipin tohumu ekimi ile çoğunluğunun hasat edildiği tarih arasında süre olgunlaşma zamanı olarak belirlenmiştir. UPOV parametrelerine göre 70 gün altı olgunlaşan kavunlara erkenci (1), 70-90 gün arası olgunlaşma gösterenler orta (2), 91-110 gün arası olgunlaşma gösterenler (3) olarak sınıflandırılmıştır. Kırıkkale kavun yerel genotipleri meyve olgunlaşma zamanları bakımından değerlendirildiğinde incelendiğinde 11 genotip geçici (3) ve 49 Genotip erkenci (2) olarak tespit edilmiştir. İncelenen genotiplerin hiçbirisi erkenci veya çok geçici grup arasında bulunmamıştır.

Yapılan benzer çalışmalar incelendiğinde, Ghorbani ve ark. (2020), genotiplerin hasat süresini 81.7-89.1 gün (orta) olarak hesaplanmıştır. Bir diğer çalışma Maleki ve ark. (2018), İran'da yerel kavun üzerine yaptıkları çalışmada olgunlaşma süreleri bakımından orta; Shivapriya ve ark. (2021), Güney Hindistan bölgesinde toplanan yerel çeşitler üzerine araştırmalarında; genotipler arasında, olgunlaşma orta ve geçici olarak; Escribano ve Lázaro (2009), İspanyol yerel kavunlarını değerlendirmişlerdir ve gruplar arasında en erken olgunlaşma gün sayısı 76 gün (orta); Harsh ve ark. (2022), yürüttükleri çalışmada popülasyonlar arasındaki olgunlaşma zamanını erkenci ve geçici olarak bildirmişlerdir. Elde edilen verilere bakıldığında yapılan araştırmalar çalışmamızla benzerlik göstermektedir. Meyve olgunlaşma zamanı ile ilgili bulgular değerlendirildiğinde bu durumun çoğunlukla çevresel faktörlere bağlı olduğu yorumlanmaktadır. Çevresel faktörlerle birlikte şeker oluşumu gibi fizyolojik süreçlerde olgunlaşma zamanlarını etkilediği için genotipler arasında farklılıklar oluşabilir. Ayrıca genotipler arasında erkenci veya geç olgunlaşan popülasyonların görülmesi genetik farklılıkların da bu süreci etkilediği düşünülmektedir.

Çizelge 4.2. Kavun genotiplerinin meyve uzunluğu, çapı, sap kalınlığı ve uzunluğu, meyve et kalınlığı, pH ve tohum ağırlığı verileri

Genotip	Meyve Ağırlığı (g)	Meyve Uzunluğu (mm)	Meyve Çapı (cm)	Meyve Sap Kalınlığı (mm)	Meyve Sap Uzunluğu (mm)	Meyve Et Kalınlığı (mm)	SÇKM (%)	pH	Tohum Ağırlık (100 dane g)
A1	1579,55±138,28	161,60±2,94	26,25±2,18	6,88±0,52	20,73±0,91	7,56±0,60	6,40±0,00	5,82±0,00	0,35±0,00
A2	1384,19±80,35	161,60±0,52	29,36±1,77	7,23±0,60	21,14±1,08	6,98±0,40	6,40±0,00	5,82±0,00	0,35±0,00
A3	1432,35±49,57	167,40±4,11	23,22±1,65	7,26±0,54	20,65±0,83	6,49±0,33	6,40±0,00	5,82±0,00	0,35±0,00
BŞ1	2388,38±145,36	158,99±15,56	30,50±1,64	6,63±0,67	24,17±2,04	5,13±0,53	9,90±0,00	6,55±0,00	0,44±0,01
BŞ2	2392,43±2,12	182,83±8,34	36,82±3,37	3,38±0,40	21,88±1,24	3,85±0,19	9,90±0,00	6,55±0,00	0,41±0,00
BŞ3	1595,51±197,61	147,99±3,23	24,10±0,32	5,52±0,32	20,93±0,80	4,04±0,17	9,90±0,00	6,55±0,00	0,35±0,00
BŞ4	2065,85±134,35	177,48±13,84	34,51±3,17	5,54±0,47	30,30±2,17	7,43±0,21	9,90±0,00	6,55±0,00	0,55±0,00
BŞ5	1985,75±132,73	138,66±2,17	25,80±2,05	4,27±0,18	30,29±1,02	6,09±0,25	9,90±0,00	6,55±0,00	0,31±0,00
BŞ7	1263,86±94,98	207,97±9,86	28,11±4,26	5,94±0,65	23,71±3,62	6,82±0,77	9,90±0,00	6,55±0,00	0,41±0,00
BŞ8	1302,95±110,38	196,17±3,97	25,44±2,28	7,42±1,04	26,32±1,22	8,27±0,63	9,90±0,00	6,55±0,00	0,65±0,00
BŞ9	1598,46±164,72	161,03±34,11	20,90±0,39	4,67±1,08	29,26±2,87	5,68±1,85	9,90±0,00	6,80±0,00	0,36±0,00
BŞ10	2012,20±272,90	151,19±5,27	25,91±5,56	9,00±2,50	26,93±2,63	7,40±0,79	9,90±0,00	6,80±0,00	0,54±0,00
B3	1502,85±80,76	149,78±5,97	24,25±1,76	7,68±2,42	17,98±0,77	6,98±1,67	9,30±0,40	5,93±0,19	0,34±0,03
B4	2021,65±241,43	189,39±7,02	18,64±2,50	6,61±1,00	25,49±1,31	7,27±1,02	9,30±0,40	6,30±0,00	0,37±0,02
B5	1420,95±151,31	179,61±6,98	29,25±3,87	7,54±0,58	26,58±1,09	9,41±0,81	9,30±0,40	6,37±0,00	0,30±0,00
B6	2020,48±148,64	114,36±25,93	31,78±2,90	6,00±0,37	25,62±2,15	3,13±1,02	9,30±0,40	5,76±0,00	0,61±0,11
B9	1511,20±103,41	145,71±12,05	23,91±5,59	7,14±0,04	23,91±5,59	4,94±1,27	9,30±0,40	6,26±0,00	0,41±0,01
Ç1	1634,37±102,32	152,79±2,98	23,50±0,01	4,70±1,46	21,12±1,96	9,77±1,88	9,70±0,00	5,77±0,00	0,36±0,00
Ç2	1260,06±159,99	142,16±4,97	16,51±1,84	6,17±0,45	17,68±1,14	14,51±1,22	9,70±0,00	6,90±0,00	0,49±0,00
D1	1622,84±113,54	149,54±16,53	25,15±2,36	6,16±0,58	22,02±1,26	9,93±1,41	7,28±0,38	6,11±0,09	0,89±0,02

Genotip	Meyve Ağırlığı (g)	Meyve Uzunluğu (mm)	Meyve Çapı (cm)	Meyve Sap Kalınlığı (mm)	Meyve Sap Uzunluğu (mm)	Meyve Et Kalınlığı (mm)	SÇKM (%)	pH	Tohum Ağırlık (100 dane g)
D2	3061,40±179,71	190,06±5,88	28,49±2,22	4,84±0,71	35,60±3,51	8,17±0,83	7,28±0,38	6,33±0,00	0,94±0,01
D4	2094,70±129,90	148,74±2,17	15,14±0,85	3,29±0,91	21,61±0,12	3,51±1,03	7,28±0,38	6,16±0,00	0,87±0,00
D5	1742,00±87,05	201,83±9,09	26,31±1,22	5,68±0,23	27,19±1,45	7,12±0,53	7,28±0,38	5,74±0,00	0,83±0,00
D7	2440,75±117,87	184,53±6,22	37,17±1,31	5,09±0,25	38,22±0,81	5,85±0,31	7,28±0,38	6,20±0,00	0,67±0,00
D9	808,20±118,43	170,88±9,79	24,90±3,72	7,12±0,44	23,06±0,81	10,95±0,75	7,28±0,38	5,73±0,00	1,09±0,00
D11	1787,57±212,30	224,04±6,01	28,69±1,63	7,80±0,35	27,28±1,43	11,03±0,94	7,28±0,38	6,10±0,00	1,01±0,00
D12	2072,44±190,00	163,49±6,75	17,00±3,00	7,50±0,38	23,06±1,01	12,48±0,81	7,28±0,38	5,94±0,00	1,00±0,00
D14	2526,10±361,59	176,67±6,51	24,06±2,05	6,88±0,71	22,02±1,23	6,48±0,56	7,28±0,38	5,98±0,00	1,31±0,00
K1	1752,85±118,93	131,21±15,28	25,59±3,31	4,50±0,79	25,40±1,61	4,85±0,56	8,50±0,00	5,38±0,00	0,83±0,00
K5	940,75±105,25	160,42±8,62	43,50±19,44	5,35±0,45	19,79±3,37	10,43±1,75	8,50±0,00	6,26±0,09	0,86±0,08
K6	1383,80±354,45	160,43±10,09	17,94±1,02	7,56±0,49	21,32±1,61	10,58±0,79	8,50±0,00	6,01±0,10	0,96±0,02
K7	1413,85±137,35	179,08±1,50	22,33±1,59	7,67±2,39	32,61±0,01	12,01±1,75	8,50±0,00	6,60±0,08	0,92±0,05
K8	2042,20±137,26	120,04±4,82	25,33±11,83	4,38±1,07	19,45±4,34	10,08±1,86	8,50±0,00	5,96±0,16	0,84±0,01
K9	1174,00±1,37,89	170,38±11,13	30,69±4,13	6,87±1,71	20,83±0,99	7,61±1,52	8,50±0,00	5,83±0,00	0,84±0,00
K10	1292,33±166,21	133,83±11,52	21,41±2,82	3,34±1,89	22,78±1,98	6,78±0,47	8,50±0,00	5,94±0,00	0,87±0,00
Y5	1565,50±106,80	202,24±14,14	25,19±0,97	5,62±0,35	30,90±2,40	8,38±1,93	8,93±0,43	6,37±0,08	0,89±0,00
Y7	1325,66±75,50	151,89±11,27	28,35±4,58	4,22±1,16	33,39±3,08	8,67±0,73	8,93±0,43	6,05±0,03	0,90±0,00
Y8	1589,27±151,23	151,48±15,17	26,48±1,53	5,99±1,05	24,04±1,55	10,67±0,67	8,93±0,43	5,73±0,00	0,85±0,00
Y9	1853,00±169,51	157,41±12,90	24,97±1,53	5,40±0,90	23,04±1,59	7,47±0,64	8,93±0,43	6,37±0,08	0,85±0,00
S1	1235,40±94,44	139,85±5,78	27,26±4,19	4,11±1,25	22,04±2,61	4,33±1,39	9,14±0,00	5,85±0,00	0,37±0,00
S2	1644,43±118,40	171,30±7,02	24,70±2,47	5,45±1,02	25,89±2,97	7,91±0,71	9,14±0,00	6,10±0,00	0,43±0,00

Genotip	Meyve Ağırlığı (g)	Meyve Uzunluğu (mm)	Meyve Çapı (cm)	Meyve Sap Kalınlığı (mm)	Meyve Sap Uzunluğu (mm)	Meyve Et Kalınlığı (mm)	SÇKM (%)	pH	Tohum Ağırlık (100 dane g)
S9	1431,91±169,73	127,47±4,61	32,50±3,30	5,74±0,65	26,03±3,21	5,61±1,50	9,14±0,00	6,14±0,00	0,33±0,00
S10	1511,62±232,66	175,55±18,35	35,25±4,53	8,63±0,94	30,19±2,22	6,30±0,26	9,14±0,00	6,07±0,00	0,39±0,00
S11	4360,50±1690,50	148,75±4,35	23,66±1,17	4,57±0,50	28,83±4,52	9,62±1,04	9,14±0,00	5,76±0,00	0,41±0,00
S12	2855,08±1259,15	143,88±7,10	29,46±4,92	6,33±0,55	21,35±1,94	9,50±0,46	9,14±0,00	6,13±0,00	0,55±0,00
S14	1225,00±75,00	132,71±13,90	44,25±6,14	5,97±0,85	24,96±3,90	6,24±0,55	9,14±0,00	5,91±0,00	0,40±0,00
KKA1	1182,41±63,84	195,73±7,08	44,28±6,14	7,33±0,35	27,16±0,02	6,99±2,63	10,00±0,00	6,02±0,00	0,60±0,0
KKA2	1086,64±57,33	176,22±10,25	28,94±1,82	8,01±0,73	24,81±2,56	8,83±0,78	10,10±0,00	6,37±0,00	0,43±0,01
KRS2	1357,00±115,81	151,98±9,57	33,73±4,58	6,71±0,64	24,37±1,36	7,10±0,37	10,90±0,00	6,20±0,00	0,37±0,00

4.1.2.8. Meyve SÇKM ve pH

Çalışılan genotipler arasında SÇKM bakımından farklılık tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar %6,40 -10,90 arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek SÇKM KRŞ2 genotipinde elde edilirken en düşük değer A1, A2, A3 genotiplerinde bulunmuştur. Genotipler arası pH değerlendirildiğinde 5,38 en düşük değer 6,90 en yüksek değer olarak kaydedilmiştir. pH değerlerine bakıldığında asitliğin çok yüksek olmadığı nötr değere yakın olduğu görülmektedir. Bu sonuçlara bakıldığında SÇKM ve pH meyve kalitesini etkileyen önemli parametrelerdir ve ekolojik koşullar ve yetiştirilme şartları bu parametreleri doğrudan etkilemektedir. SÇKM en düşük sonuca bakıldığında aynı bölgenin genotipleri olması yetiştirme alanına adaptasyon sağlamadığını düşündürmektedir ve yeteri kadar gelişim göstermediği sonucu tespit edilmektedir. Benzer çalışmalar incelendiğinde Baktumur ve ark. (2023), Genel olarak kavunlarda şeker miktarı %4-8 arasında değiştiğini ancak ülkemizde yetiştiren kavunlarda bu miktarın %13-15 olduğunu belirtmişlerdir. Bu bilgiye referans çalışma sonucumuz düşük kalırken Daryono ve ark. (2018); Meloni kavun meyvesinin, SÇKM'sini yaklaşık % 8,6–10,6 bularak çalışmamıza benzer sonuç göstermektedir. Diğer benzer bir çalışmada, Üçok (2019) SÇKM %12,50-14,40; pH 4,85-6,78 olarak elde etmiştir. (Dal ve ark., 2017), çalışmalarında SÇKM ve pH değerleri incelemişlerdir. Bulguları sırasıyla %3,81 %, 2,98 olarak bulunmuştur. Çalışmadaki sonuçlara göre düşük kalmaktadır. Bagheriyan ve ark. (2015), genotipler arasında pH %4,19-4,93; SÇKM ise %3,2- 11,5 arasında farklılık elde etmişlerdir. Bu sonuçlara göre SÇKM bakımından sonuçlarımız yakın benzerlik gösterirken Ph değeri bakımından farklılık göstermektedir. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a), Suda Çözünür Kuru Madde Miktarı %4,23-12,5 arasında çeşitlilik göstermiştir ve çalışmamızla büyük farklılık olduğu düşünülmemektedir. Tatar ve Şensoy (2020), Diyarbakır ili bazı yerel kavun genotiplerinin meyve özelliklerini incelemişleridir incelenen meyvelerin SÇKM %10,03-19,03 % arasında bulunmuştur ve araştırmada bulunan değerlerin üzerinde sonuç elde etmişlerdir. Malik ve ark. (2014), yaptıkları araştırmalarında SÇKM % 2,9-13,2 % arasında farklılık göstermiştir. Benzer çalışma yapan, Ghorbani ve ark. (2020) inceledikleri kavunlarda SÇKM % 7,10-11,40 arasında elde etmişlerdir bu değerlerde elde ettiğimiz bulgulara göre değişiklik göstermektedir (Yakupoğlu ve Çoban, 2022), Yozgat Aydıncık Bağrıbutün kavununu değerlendirmişlerdir, SÇKM 11,92 ve pH değeri 6,35 olarak belirlenmiştir.

Çalışmamamıza benzer sonuçlar göstermektedir. Maleki ve ark. (2018), İran'da yerel kavun üzerine yaptıkları çalışmada SÇKM % 5,57- 11,96 arasında; Shivapriya ve ark. (2021), araştırmalarında SÇKM % 3,43-11,90 arasında bir yelpaze oluşturmuştur. Bu verilere göre sonuçlarımız bu aralıklar arasında kaldığını bu nedenle yakın benzerlik olabileceği saptanmıştır. Muhammadi ve Daryono (2022), yaptıkları çalışmada, SÇKM %8,4-9,2 arasında; Ghorbani ve ark. (2020) ise İran kavunu üzerine yaptıkları çalışmalarında; genotipler arasında SÇKM % 7,10-11,40 arasında farklılık elde etmişlerdir. Çalışmamızla karşılaştırıldığında daha yüksek SÇKM elde etmişlerdir. Yusuf ve Daryono (2021), Endonezya Hikapel kavunun morfolojik özellikleri üzerine yaptıkları bir çalışmada; SÇKM en yüksek Hipakel kavununda %11-13,5 en düşük ise %8-10 Sonya kavununda elde edilmiştir. Benzer çalışma yapan Akhoundnejad ve Sevgin (2019), genotipler arasında; SÇKM en yüksek %8,60 en düşük %5,18 olarak elde edilmiştir ve genotipler arası benzerlik göstermiştir. Nhi ve ark. (2010), araştırmalarında kavun meyvelerinde Suda çözünür kuru madde miktarı %2-7 arasında farklılık göstermiştir ve en yüksek %5,9 ölçerek elde edilen sonuçların altında bir değer bulunmuştur. SÇKM kavun meyve içeriğini ifade ederken pH asitliğini ifade etmektedir. Bu iki meyve özelliği kavun meyvelerinin tat, lezzet, raf ömrü gibi unsurları etkilediği yorumlandığı için önemli bir parametre olarak düşünülmektedir. Kavun meyvesindeki SÇKM, pH değerleri; genetik özellikler, olgunlaşma süreci, çevresel faktörler ve tarımsal uygulamalara bağlı olarak değişebilir. Meyve olgunlaştıkça içerdiği şeker miktarı artabilir. Şeker, pH kavunun tatlılık hissini oluşturan önemli bileşenlerdir ve tüketicilerin meyve lezzeti üzerinde belirleyici faktörler olduğu düşünülmektedir.

4.1.2.9. Bazı Tohum Özellikleri

Araştırmada kullanılan genotiplerin tohum hilum ucu şekli %63 sivri uçlu, %37' sinde küt uçlu olarak tespit edilmiştir. Tohum “kabuk rengi” bakımından popülasyonlar incelendiğinde beyaz, krem, kahverengi şeklinde farklılık göstermiştir. Yılmaz ve ark. (2021) yaptıkları çalışmada kavun genotiplerin tohum hilum şekli sivri ve tohum rengi sarı-beyaz olarak saptamışlardır. Wahyuni ve ark. (2022) araştırmalarında, tohumların rengini beyaz olarak saptamışlardır. Muhammadi ve Daryono (2022) yaptıkları çalışmada, genotipler arasında 100 tohum ağırlığı en az 8,74 gr en fazla 11,22 gr tartmışlardır. Hu ve ark. (2013a), Çin Kavunu üzerine araştırmaları sonucu tohum ucu şeklini oval olarak belirtmişlerdir. Szamosi ve ark. (2010), Macar ve Türk kavun

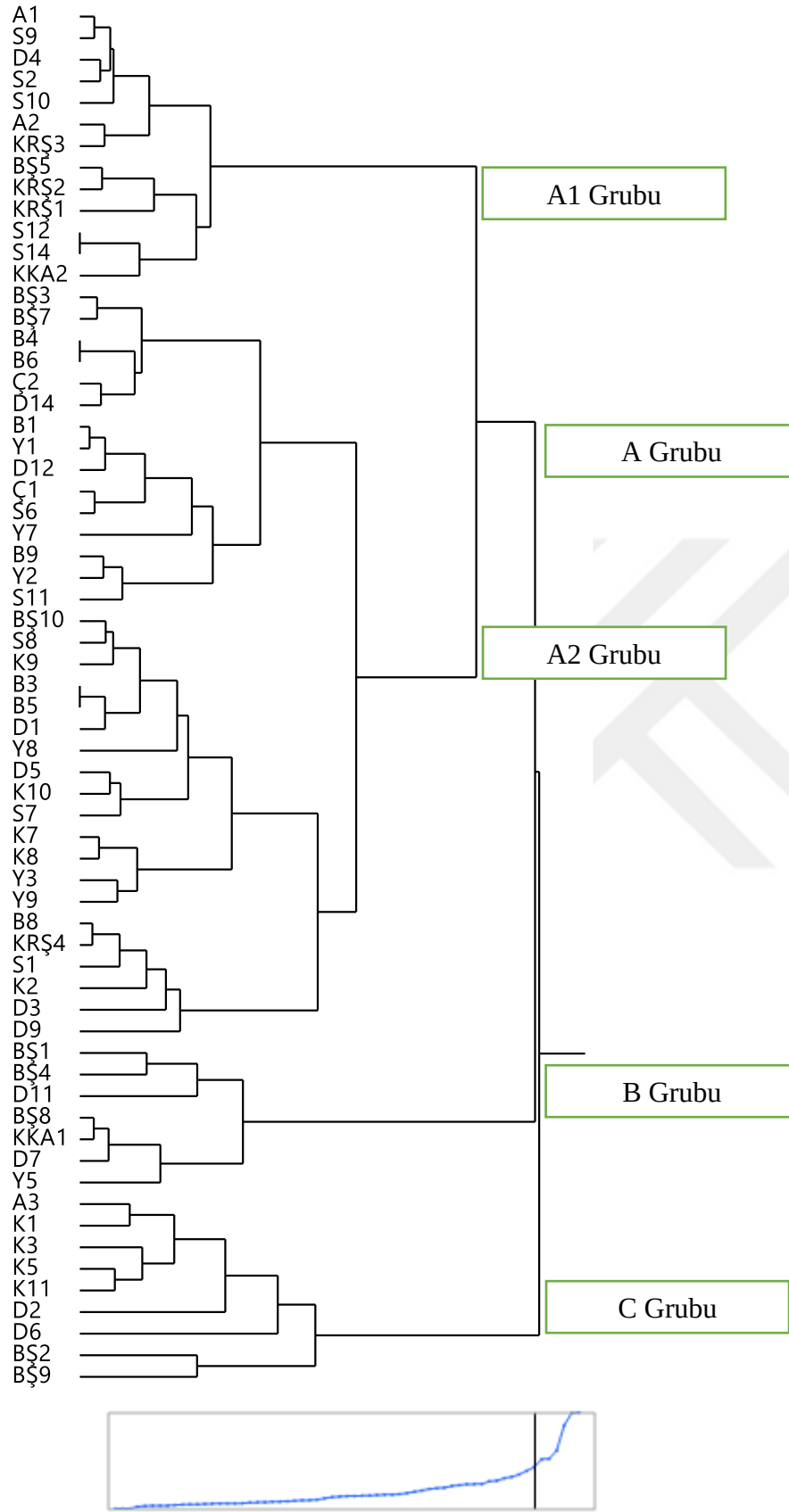
germplazmalarını karşılaştırmışlar ve tohum rengini %81 krem-sarı, %19 fildişi rengi olarak gözlemlemişlerdir. Akhoundnejad ve Sevgin (2019), çalışmalarında kavun genotipleri tohum ağırlığı meyve başına 4,42-13,54 gr arasında bulmuşlardır. Elde edilen bulgular diğer çalışmalarla karşılaştırıldığında tohumlarının genetik yapısı, bitkinin adaptasyon kabiliyeti, meyve özellikleri ve bitki performansı gibi faktörlerin sonuçları etkileyebileceği yorumlanmaktadır. Genetik varyasyon tohumların farklı çevre özelliklerine adaptasyonunu, hastalıklara dayanımını ve yetiştirilme kabiliyetini etkileyerek kavun yetiştiriciliğinde belirleyici olduğu düşünülmektedir. Kavun tohum kabuk rengi, hilum ucu, tohum ağırlığı gibi bazı tohum özellikleri genetik, kültürel, fizyolojik açıdan önemli parametreler olduğu ve genellikle genetik faktörler tarafından kontrol edildiği düşünülmektedir. Bu özelliklerin genetik çeşitlilik tarafından nasıl kontrol edildiğinin net olarak anlaşılması tüketici ve üretici taleplerine cevap verebilmek amacıyla temel bir dayanak olarak kullanılabilir. Ayrıca kavun tohumlarının hilum ucu şekli, tohumun çimlenme yeteneği, su alma kapasitesi gibi fizyolojik özelliklerine de etki edebileceği düşünülmektedir. Çünkü hilum ucu tohumun toprakla temas yeteneğini etkileyebilmektedir. Bu durumun tohum kalitesi, verimliliği ve çimlenme kabiliyetini olumlu teşvik edebileceği düşünülmektedir.

4.1.3. Morfolojik Özelliklerin İstatistik Değerlendirilmesi

4.1.3.1. Morfolojik Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi

Çalışmada kullanılan 60 adet kavun genotipinde incelenen özelliklerin genotipler arasındaki ilişkiyi belirlemek için elde edilen tüm veriler “Hiyerarşik Kümeleme” analizi için JMP bilgisayar programında bulunan WARD programı kullanılarak yapılmıştır. İncelediğimiz kriterlerin morfolojik karakter yönünden değişkenlik gösterdiği Şekil 4.1’de verilmiştir.

Dendrogram incelendiğinde genotiplerin A, B ve C olarak üç alt gruba ayrıldığı görülmektedir. Gruplar dikkate alındığında A grubu kendi içerisinde iki alt (A1 ve A2) gruba ayrılmış ve çok fazla sayıda alt grup oluşturduğu görülmektedir. A1’de S12 ve S14 genotipleri birbirine en yakın genotipler olarak bulunmuştur. A2’de B3 ve B5; B4 ve B6 genotipleri birbirine en yakın genotipler olarak bulunmuştur. B grubunda BŞ8 ve KKA1 genotipleri birbirine en yakın genotipler olarak bulunmuştur. C grubunda ise K5 ve K11 genotiplerinin benzerlikleri birbirine yakın olarak ortaya çıkmıştır (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. Morfolojik Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi

4.1.3.2. Morfolojik Özelliklerin Temel Bileşen (PCA) Analizi

JMP Bilgisayar programı kullanılarak PCA ve kümeleme analizi ile değerlendirilmiştir. Sonuçlar Çizelge 4.3 ve 4.4'te ve Şekil 4.2 ile 4.3'te verilmiştir. Yapılan çalışmalarda, PCA analizinin kullanılabilmesi için ilk iki veya üç bileşenin çalışmanın %25'den daha fazlasının açıklanması gerektiği bildirilmektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003a). Analiz sonucunda incelenen 6 adet (kantitatif) tanımlama özellikleri ile ilgili olarak birbirinden 5 adet bağımsız temel bileşen eksenini elde edilmiştir. Bu çalışmada ilk iki eksen toplam varyasyonun %49,78'sini temsil etmektedir. Temel Bileşen Analizi (TBA) sonucunda elde edilen temel bileşen (PC) eksenleri, eigen değerleri, varyasyon ve kümülatif varyasyon oranları ile özellik bazında ortaya çıkan temel bileşenlerdeki ağırlık TBA analizinde özelliklerin temel bileşenlerdeki ağırlık değerleri 0,3'ün üzerinde olduğu takdirde önemli ağırlığa sahip oldukları kabul edilmiştir (Brown, 1991). Temel bileşenler analizi sonucunda 1.0 ve üzerindeki Eigen değerleri göz önüne alınarak temel bileşenler oluşturulmuştur. Eigen değerinin 1'den büyük olması ele alınan ana bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). İlk 3 temel bileşenin eigen değerleri ise 1.05-1.03 arasında bulunmuştur. Analiz sonuçları incelendiğinde toplam varyasyon, ilk beş temel bileşen eksenini tarafından (%100) fazlasıyla açıklandığı görülmektedir. Birinci temel bileşen eksenini, toplam varyasyonun %26'sını karşılamaktadır. İkinci ve üçüncü temel bileşen ise sırasıyla toplam varyasyonun %23,76'sını ve %20,96'sını kapsamaktadır. Özellikler arasındaki interaksiyonu gösteren grafikte % PC1 (%26) (the first Principal Component - 1. Ana Bileşen) % PC2 (the second Principal Component- 2. Ana Bileşen) (%23,76) değerleri toplamı %49,76 olarak hesaplandığı görülmektedir.

Çizelge 4.3. Morfolojik özelliklerin PCA değerlendirmesinde kullanılan gözlem bulguları

Genotip	Hipokotil Uzunluğu (cm)	Yaprak Lobluluğu*	Yaprak Karakteri*	Yumurtalık Şekli*	Çiçek Cinsiyeti*	Çiçek Rengi*	Yen/Yboy (cm)	Yaprak Taban Şekli*	Yaprak Sap Uzunluğu (cm)	Erkek Çiçekte Erkencilik*	Dişi Çiçekte Erkencilik*	Dişi Organda Tüylene*
A1	27,36	3	1	2	1	3	1,17	1	5,83	3	3	3
A2	23,49	3	1	2	1	3	1,20	1	5,24	3	3	3
A3	27,80	3	3	2	1	3	1,32	1	5,48	3	3	3
BŞ1	25,52	3	1	3	1	3	1,43	1	9,47	3	3	3
BŞ2	24,08	3	2	2	1	3	1,39	1	10	3	3	3
BŞ3	33,45	3	1	2	1	3	1,25	1	9,45	3	3	3
BŞ4	23,96	3	1	3	1	3	1,34	1	7,97	3	3	3
BŞ5	23,74	3	1	2	1	3	1,17	1	7,33	3	3	3
BŞ7	31,50	3	1	2	1	3	1,23	1	9,26	3	3	3
BŞ8	24,69	3	1	3	1	3	1,28	1	6,7	3	3	3
BŞ9	23,18	3	3	2	1	3	1,20	1	8,49	3	3	3
BŞ10	36,01	3	1	2	1	3	1,26	1	6,62	3	3	3
B1	33,14	3	1	2	1	3	1,39	1	8,74	3	3	3
B3	33,96	3	1	2	1	3	1,32	1	6,75	3	3	3
B4	33,57	3	1	2	1	3	1,31	1	8,64	3	3	3
B5	33,96	3	1	2	1	3	1,32	1	6,75	3	3	3
B6	33,57	3	1	2	1	3	1,31	1	8,64	3	3	3
B8	27,94	3	1	2	1	3	1,40	1	7,16	3	3	3
B9	40,67	3	1	2	1	3	1,28	1	8,46	3	3	3
Ç1	39,62	3	1	2	1	3	1,37	1	8,18	3	3	3
Ç2	27,32	3	1	2	1	3	1,27	1	8,68	3	3	3
D1	31,48	3	1	2	1	3	1,33	1	7,09	3	3	3
D2	42,75	3	3	2	1	3	1,20	1	7,105	3	3	3
D3	30,70	3	2	2	1	3	1,45	1	6,48	3	3	3

Genotip	Hipokotil Uzunluğu (cm)	Yaprak Lobluluğu*	Yaprak Karakteri*	Yumurtalık Şekli*	Çiçek Cinsiyeti*	Çiçek Rengi*	Yen/Yboy (cm)	Yaprak Taban Şekli*	Yaprak Sap Uzunluğu (cm)	Erkek Çiçekte Erkencilik*	Dişi Çiçekte Erkencilik*	Dişi Organda Tüylene*
D4	28,75	3	1	2	1	3	1,13	1	6,58	3	3	3
D5	32,71	3	1	2	1	3	1,17	1	7,24	3	3	3
D6	30,94	3	3	3	1	3	1,17	1	6,49	3	3	3
D7	27,04	3	1	3	1	3	1,32	1	6,65	3	3	3
D9	29,93	3	1	2	1	3	1,60	1	6,55	3	3	3
D11	38,97	3	1	3	1	3	1,36	1	9,13	3	3	3
D12	36,00	3	1	2	1	3	1,40	1	9,2	3	3	3
D14	29,45	3	1	2	1	3	1,30	1	8,43	3	3	3
K1	27,66	3	3	2	1	3	1,43	1	5,91	3	3	3
K2	30,82	3	1	2	1	3	1,48	1	8,05	3	3	3
K3	39,39	3	3	2	1	3	1,46	1	6,3	3	3	3
K5	34,90	3	3	2	1	3	1,37	1	6,75	3	3	3
K7	35,38	3	1	2	1	3	1,42	1	5,45	3	3	3
K8	36,68	3	1	2	1	3	1,39	1	5,71	3	3	3
K9	37,07	3	1	2	1	3	1,31	1	7,38	3	3	3
K10	31,46	3	1	2	1	3	1,18	1	8,03	3	3	3
K11	32,81	3	3	2	1	3	1,36	1	5,87	3	3	3
Y1	34,00	3	1	2	1	3	1,39	1	8,95	3	3	3
Y2	42,70	3	1	2	1	3	1,29	1	7,94	3	3	3
Y3	36,79	3	1	2	1	3	1,33	1	5,89	3	3	3
Y5	32,82	3	1	3	1	3	1,39	1	6,32	3	3	3
Y7	43,85	3	1	2	1	3	1,48	1	7,09	3	3	3
Y8	38,74	3	1	2	1	3	1,18	1	5,57	3	3	3
Y9	32,45	3	1	2	1	3	1,29	1	5,5	3	3	3
S1	30,51	3	1	2	1	3	1,38	1	6,31	3	3	3
S2	28,24	3	1	2	1	3	1,18	1	6,57	3	3	3

Genotip	Hipokotil Uzunluğu (cm)	Yaprak Lobluluğu*	Yaprak Karakteri*	Yumurtalık Şekli*	Çiçek Cinsiyeti*	Çiçek Rengi*	Yen/Yboy (cm)	Yaprak Taban Şekli*	Yaprak Sap Uzunluğu (cm)	Erkek Çiçekte Erkencilik*	Dişi Çiçekte Erkencilik*	Dişi Organda Tüylene*
S6	38,05	3	1	2	1	3	1,39	1	8,21	3	3	3
S7	31,87	3	1	2	1	3	1,25	1	7,32	3	3	3
S8	39,35	3	1	2	1	3	1,28	1	6,85	3	3	3
S9	27,63	3	1	2	1	3	1,16	1	6,21	3	3	3
S10	24,41	3	1	2	1	3	1,17	1	6,525	3	3	3
S11	43,22	3	1	2	1	3	1,26	1	7,25	3	3	3
S12	27,93	3	1	2	1	3	1,28	1	6,66	3	3	3
S14	27,93	3	1	2	1	3	1,28	1	6,66	3	3	3
KKA1	25,53	3	1	3	1	3	1,26	1	6,45	3	3	3
KKA2	22,58	3	1	2	1	3	1,37	1	6,6	3	3	3
KRŞ1	16,09	3	1	2	1	3	1,27	1	6,96	3	3	3
KRŞ2	20,94	3	1	2	1	3	1,16	1	7,57	3	3	3
KRŞ3	25,65	3	1	2	1	3	1,22	1	5,69	3	3	3
KRŞ4	28,89	3	1	2	1	3	1,43	1	7,02	3	3	3

* Genotiplerin tanımlanmasında kullanılan güncelleştirilmiş UPOV parametrelerin sınıflandırılması çizelge 3.4. 'de verilmiştir.

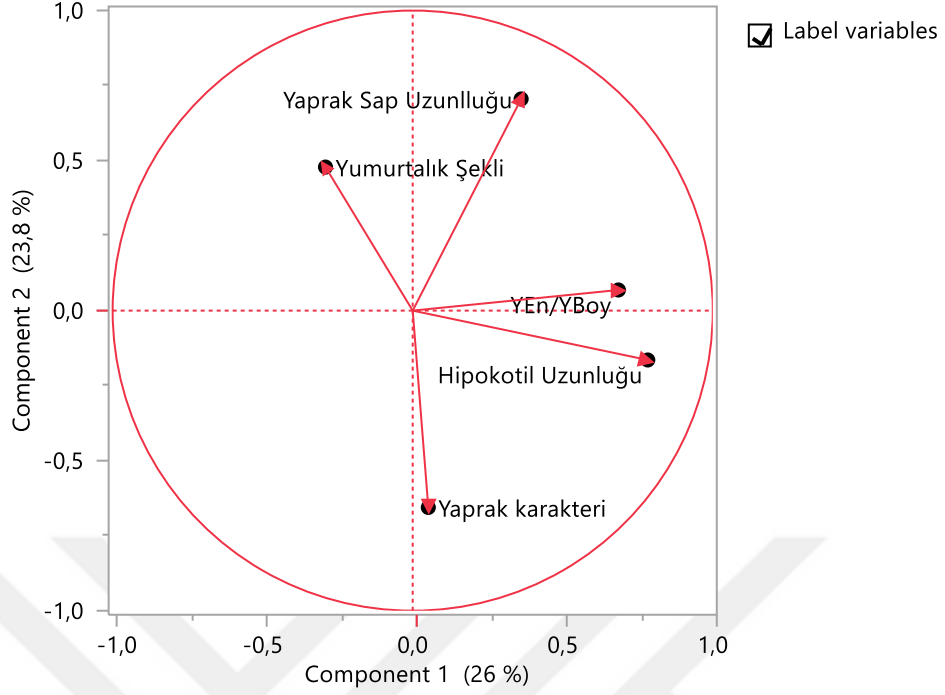
Çizelge 4.4. Temel bileşen analizi sonucunda incelenen morfolojik özelliklere ait ortaya çıkan eigen değeri, varyasyon ve temel bileşen eksenleri

Eigen değerleri	1,301	1,188	1,048	0,772	0,690
Varyans %	26,02	23,76	20,96	15,44	13,81
Toplam varyans %	26,02	49,78	70,74	86,18	100,00
Özellikler	Prin1	Prin2	Prin3	Prin4	Prin5
Hipokotil Uzunluğu	0,68668	-0,15089	-0,15687	-0,12703	0,68188
Yaprak karakteri	0,04554	-0,60169	0,52645	0,59658	0,05324
Yumurtalık Şekli	-0,25484	0,43881	0,69157	-0,19084	0,47729
Yaprak En/Boy	0,60094	0,06308	0,46498	-0,34364	-0,54826
Yaprak Sap Uzunluğu	0,31673	0,64704	-0,06137	0,68807	-0,06172

Özellikler arasındaki interaksiyonu gösteren grafikte % PC1 (%26,02) (the first Principal Component - 1. Ana Bileşen) % PC2 (the second Principal Component- 2. Ana Bileşen) (%23,76) değerleri toplamı %49,78 olarak hesaplandığı görülmektedir. GGE Biplot grafiklerinde % PC1 ve % PC2 değerlerinin mümkün olduğunca yüksek olması istenir. Çünkü bu toplam yüzde değerinin yüksek olması ele alınan konularda interaksiyonun önem derecesinin yüksek olduğunu göstermektedir (Fırıncıoğlu ve ark., 2012). Bu nedenle PC1 ve PC2 yüzde değerleri toplamının en az % 50 olması istenmektedir. Çalışmada PC1 ve PC2 yüzde değerleri toplamı %49,78 olarak bulunmuş ve grafiğin güvenilir bir şekilde yorumlanmasına olanak sağlamıştır.

PC1 ve PC2 bileşenleri kullanılarak, özellikler arasındaki karşılıklı ilişkiyi incelemek için loading plot grafiği oluşturulmuştur. Şekil 4..’de vektörler arasındaki açı $<90^\circ$ ise pozitif bir ilişki olduğu, $>90^\circ$ ise negatif bir ilişki olduğu, vektörler arasındaki açı 90° ise anlamlı bir ilişkinin olmadığı bildirilmiştir (Seymen ve ark., 2019). Şekil 4.2 incelendiğinde en yüksek pozitif korelasyon yaprak en boy oranı ve hipokotil uzunluğunda olmuştur. En yüksek negatif korelasyon ise yumurtalık şekli ve yaprak karakteri arasında olmuştur.

Şekil 4.2. PCA sonucu PC1 ve PC2'den elde edilen loading plot grafiği



PC1 ve PC2 bileşenleri kullanılarak, farklı kavun popülasyonlarının bitki özelliklerinin değerlendirilmesi için score plot grafiği oluşturulmuştur. Şekil incelendiğinde, yaprak sap uzunluğu yönünden BŞ2, B6, B8, B1, D12, Y1, K2, S6, B9 genotipleri önemli bulunmuştur. Yaprak en boy bakımından Y2, K9 genotipleri önemli bulunmuştur. Yumurtalık şekli bakımından S7, K10 genotipleri önemli bulunmuştur. Y7 ve S11 genotipleri hipokotil uzunluğu bakımından önemli bulunmuştur. BŞ1, D11 ve K3 genotipleri diğer genotiplere göre kümelemede daha dışarda bulunmaktadır. Farklı analizlerle ilgili genel sonuçlara göre, PCA'nın en etkili değişkenleri belirtmek ve değişkenler arasındaki korelasyonu daha hızlı belirtmek için avantajlı bir yöntem olduğu saptanmıştır. Çeşit ıslah araştırmalarının esas yöntemi, geniş bir genetik çeşitlilik havuzunun ortaya konulup istenilen özelliklere sahip bitkilerin seçilmesidir. İstenilen özelliklere sahip seçilen genetik materyaller; kavun ıslah programlarının planlanmasında heterojen bir gen havuzunun oluşturulmasında katkı sağlayacaktır. Balkaya ve ark. (2010) bal kabağı popülasyonlarının meyve özelliklerindeki varyasyonu belirlemek için yaptıkları bir çalışmada, 13 kantitatif ve 5 kalitatif değişken esas alınarak Temel Bileşen Analizi (PCA) kullanılarak incelemişlerdir. İlk altı PCA faktör değeri, toplam kümülatif varyasyonun %85,38'ini açıklamıştır. Verilere Cluster (küme) analizi de uygulanmış ve popülasyonların 7 grupta kümelendiğini belirtmişlerdir. Kayak ve ark. (2020), 83 adet

4.1.4. Meyve Özelliklerin İstatistik Değerlendirmesi

4.1.4.1. Meyve Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi

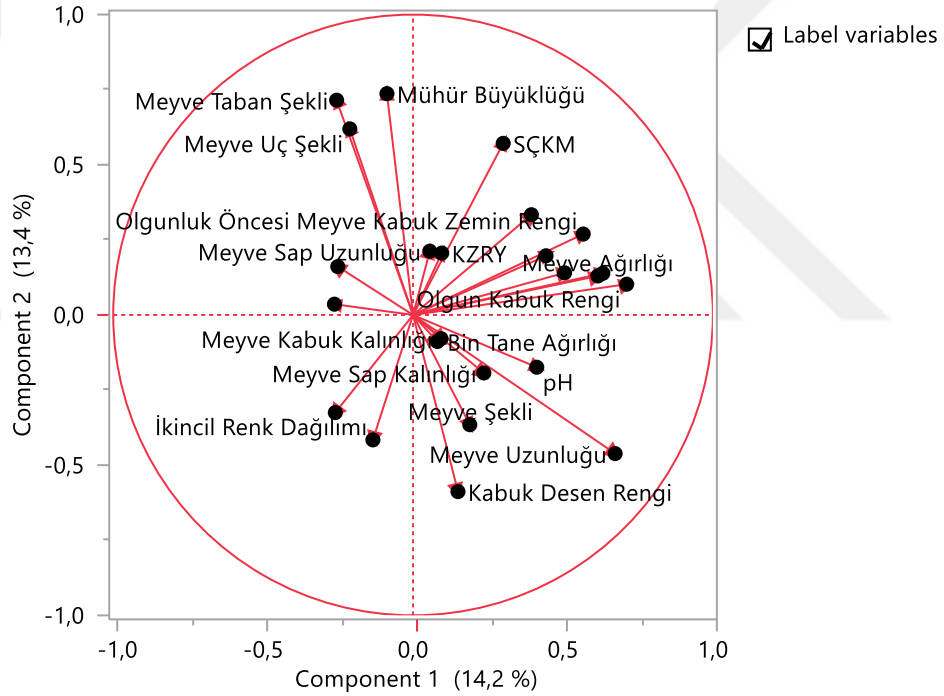
İncelenen meyve özellikleri kullanılarak genotipler arasındaki ilişkiyi belirlemek adına tüm veriler kümeleme analizine tabi tutulmuştur. JMP Bilgisayar programı kullanılarak PCA ve kümeleme analizi ile değerlendirilmiştir. Morfolojik karakterizasyonu yapılan kavun genotiplerine ait 24 özelliğin tanımlayıcı istatistikleri verilmiştir. Temel Bileşen Analizi (TBA) sonucunda elde edilen temel bileşen (PCA) eksenleri, eigen değerleri, varyasyon ve kümülatif varyasyon oranları ile özellik bazında ortaya çıkan temel bileşenlerdeki ağırlık TBA analizinde özelliklerin temel bileşenlerdeki ağırlık değerleri 0.3'ün üzerinde olduğu takdirde önemli ağırlığa sahip oldukları kabul edilmiştir (Brown, 1991). İlk 3 temel bileşenin eigen değerleri ise 1,05-1,03 arasında bulunmuştur. Eigen değerlerinin 1'den büyük olması ele alınan temel bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003c). Çalışmada incelenen verilere ait sonuçlar Şekil 4.4'te verilmiştir. Birinci eksen Meyve Ağırlığı, Meyve Uzunluğu, Meyve En, Meyve Et Kalınlığı, Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi, Olgun Kabuk Rengi 0.3 değerinin üzerinde bulunmuştur. İkinci eksen Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli ve SÇKM önemli bulunmuştur. Üçüncü eksen meyve uç şekli ve bin dane ağırlığı önemli bulunmuştur. En yüksek varyansı açıklayan ilk üç faktör incelendiğinde, PC 1 için; Meyve Ağırlığı, Meyve Uzunluğu, Meyve En, Meyve Sap Uzunluğu, Meyve Sap Kalınlığı, Meyve Et Kalınlığı, Meyve Kabuk Kalınlığı, Baskın Kabuk Rengi, Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi, Olgun Kabuk Rengi, KZRY, Kabuk Desen Rengi pozitif eksen varyansı etkilerken Meyve Olgunlaşma Zamanı, İkincil Renk Dağılımı, Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli, Tohum Hilyum Ucu, Tohum Rengi negatif yönde varyansı etkilemiştir. PC2' için İkincil Renk Dağılımı, kabuk Desen Rengi, Meyve Kabuk Kalınlığı, Meyve Şekli, Tohum Rengi Bin Tane Ağırlığı negatif yönde varyansı etkilerken, Meyve Olgunlaşma Zamanı, Meyve Ağırlığı, Meyve En, Meyve Sap Uzunluğu, Meyve Et Kalınlığı, Baskın Kabuk Rengi Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi Olgun Kabuk Rengi, KZRY, Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli, Meyve Et Rengi, Mühür Büyüklüğü, Tohum Hilyum Ucu varyansı pozitif yönde etkilemiştir.

Yapılan çalışmalarda, PCA analizinin kullanılabilmesi için ilk iki veya üç bileşenin çalışmanın %25'ten daha fazlasının açıklanması gerektiği bildirilmektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003a) Analiz sonucunda incelenen 24 adet (kantitatif) tanımlama özellikleri ile ilgili olarak birbirinden 5 adet bağımsız temel bileşen eksenini elde edilmiştir. Analiz sonuçları incelendiğinde toplam varyasyon, ilk beş temel bileşen eksenini tarafından (%54,396) açıklandığı görülmektedir. İlk iki eksen toplam varyasyonun %27,618 'sını temsil etmektedir. Birinci temel bileşen eksenini, toplam varyasyonun %14,203'sünü karşılamaktadır. İkinci, üçüncü, dördüncü ve beşinci temel bileşen ise sırasıyla toplam varyasyonun %27,618'sini ve %37,74, %46,737 ve %54,396 kapsamaktadır.

Çizelge 4.5. Temel bileşen analizi sonucunda incelenen özelliklere ait ortaya çıkan eigen değeri, varyasyon ve temel bileşen eksenleri

Eigen değerleri	3,408	3,219	2,429	2,158	1,838
Varyans %	14,203	13,415	10,122	8,994	7,662
Toplam varyans %	14,203	27,618	37,74	46,734	54,396
Özellikler	Prin1	Prin2	Prin3	Prin4	Prin5
Meyve Olgunlaşma Zamanı	-0,142	0,020	0,169	0,257	-0,166
Meyve Ağırlığı	0,334	0,072	0,168	0,228	0,114
Meyve Uzunluğu	0,365	-0,257	-0,010	0,147	-0,002
Meyve En	0,343	0,077	0,055	0,088	0,359
Meyve Sap Uzunluğu	0,030	0,118	-0,356	0,146	0,176
Meyve Sap Kalınlığı	0,128	-0,108	0,121	0,378	0,371
Meyve Et Kalınlığı	0,274	0,078	-0,105	0,030	-0,160
Meyve Kabuk Kalınlığı	0,050	-0,044	0,416	0,264	-0,029
Baskın Kabuk Rengi	0,240	0,110	0,133	0,082	-0,302
OÖ Meyve Kabuk Zemin Rengi	0,307	0,150	-0,098	-0,085	-0,026
Olgun Kabuk Rengi	0,386	0,057	0,015	-0,114	0,019
KZRY	0,052	0,115	0,031	0,403	-0,236
Kabuk Desen Rengi	0,081	-0,328	0,139	-0,266	0,176
İkincil Renk Dağılımı	-0,073	-0,232	0,176	-0,206	0,410
Meyve Taban Şekli	-0,138	0,398	0,078	-0,178	0,153
Meyve Uç Şekli	-0,114	0,345	0,302	-0,050	0,199
Meyve Et Rengi	0,214	0,186	-0,175	-0,133	0,055
Mühür Büyüklüğü	-0,047	0,411	0,020	-0,023	0,135
Meyve Şekli	0,103	-0,204	-0,379	-0,009	-0,002
SÇKM	0,163	0,318	-0,035	-0,078	0,200
pH	0,223	-0,097	-0,015	-0,337	-0,051
Tohum Hilum Ucu	-0,136	0,090	-0,401	0,285	0,119
Tohum Rengi	-0,140	-0,181	-0,079	0,244	0,371
Bin Tane Ağırlığı	0,044	-0,049	0,310	-0,046	-0,103

PC1 ve PC2 komponentleri kullanılarak, özellikler arasındaki karşılıklı ilişkiyi incelemek için loading plot grafiği oluşturulmuştur. Şekildeki vektörler arasındaki açı $<90^\circ$ ise pozitif bir ilişki olduğu, $>90^\circ$ ise negatif bir ilişki olduğu, vektörler arasındaki açı 90° ise anlamlı bir ilişkinin olmadığı bildirilmiştir (Danin-Poleg ve Reis, 2001; Seymen ve ark., 2019b; Yavuz ve ark., 2020). Şekil incelendiğinde en yüksek pozitif korelasyon meyve eni ve meyve ağırlığı arasında yüksek bir ilişki bulunmuştur. İkinci izdüşümde meyve taban şekli ve meyve uç şekli arasında pozitif bir ilişki tespit edilmiştir. Dördüncü izdüşümde meyve kabuk kalınlığı ve meyve sap kalınlığı arasında pozitif bir ilişki görülmüştür. En yüksek negatif ilişki meyve şekli ve meyve taban şekli arasında bulunmuştur.



Şekil 4.4. PCA sonucu PC1 ve PC2'den elde edilen loading plot grafiği

PC1 ve PC2 bileşenleri kullanılarak, kavun meyvesinin özelliklerini ve genetik çeşitliliğini değerlendirilmesi için score plot grafiği oluşturulmuştur. pH bakımından BŞ1, meyve sap kalınlığı bakımından BŞ5, meyve uzunluğu bakımından B6 ve B4 genotipleri, meyve et rengi bakımından Y7, meyve kabuk zemin rengi bakımından BŞ2 ve Y9, meyve olgunlaşma zamanı bakımından Ç1 genotipi anlamlı olarak tespit edilmiştir. Çeşit ıslahı çalışmalarında temel yöntem, geniş bir genetik varyasyon oluşturarak

4.2. Moleküler Karakterizasyon Bulguları

Bu çalışma kapsamında 10 SSR primer çifti ile 60 genotip incelenmiş ancak 4 genotipte DNA tespit edilememiştir. İnceleme sonucunda 56 genotipin yapılan genetik çeşitlilik analizlerinden elde edilen sonuçlar Çizelge 4.6’da verilmiştir.

4.2.1. Genetik Çeşitlilik Analizi

Tüm 56 genotipte her bir lokustaki allel sayısı 1 ile 4 arasında değişmiş ve toplam 22 allel elde edilmiştir. Ortalama allel sayısı ise 2,20 olarak hesaplanmıştır. En yüksek allel sayısı ($N_a=4$) CM05 lokusundan elde edilmiştir. Etkili allel sayısı 3,15 (CM05) ile 1,00 (CMMS12-4, CMMS15-4, CMMS004) arasında değişmiş olup ortalaması $N_e=1,75$ olmuştur. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0,00-0,98 aralığında değişmiş ve ortalama $H_o=1,75$ olarak hesaplanmıştır. En yüksek gözlenen heterozigotluk CM30 lokusunda 0,98 olarak saptanmıştır. Ortalama beklenen heterozigotluk $H_e=0,35$ olarak hesaplanmış ve en yüksek H_e değerine 0,68 ile CM05 lokusu sahip olmuştur. Polimorfizm bilgi 0,00-0,63 arasında farklılık göstermiştir ve en yüksek polimorfizm 0,63 ile CM05 ve ortalama PIC değeri 0,28 olarak hesaplanmıştır.

CM05, CM16, CM21 ve CM55 Markörleri polimorfik olarak gözlemlenmiştir. CM30, CM43, CM53, CMMS004, CMMS12-4 ve CMMS15-4 monomorfik olarak tespit edilmiştir.

Çizelge 4.6. Çalışmada kullanılan 10 markör bölgesinde 56 genotipte gözlenen allel aralıkları, allel sayıları (N_a), etkili allel sayıları (N_e), gözlenen heterozigotluk (H_o), beklenen heterozigotluk (H_e) ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerler

Markörler	Allel aralığı (bç)	N_a (Allel Sayısı)	N_e (Etkili Allel Sayısı)	H_o (Gözlenen Heterozigot)	H_e (Beklenen Heterozigot)	PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği)
CM05	179-188	4	3.15	0.68	0.68	0.63
CM16	187-193	3	1.54	0.45	0.35	0.30
CM21	152-164	3	2.03	0.96	0.51	0.39
CM30	206-208	2	2.00	0.98	0.50	0.37
CM43	169-172	2	1.69	0.57	0.41	0.32

CM53	145-148	2	2.00	0.96	0.50	0.37
CM55	129-135	3	2.07	1.00	0.52	0.40
CMMS004	198	1	1.00	0.00	0.00	0.00
CMMS12-4	430	1	1.00	0.00	0.00	0.00
CMMS15-4	122	1	1.00	0.00	0.00	0.00
Ortalama	-	2.20	1.75	0.56	0.35	0.28

Çalışmada kullanılan markörler önceki çalışmalar baz alınarak polimorfik bilgi içerikleri yüksek olanlar seçilmiştir. Fakat tezde kullanılan genetik kaynakların (şekil 4.7. ve Çizelge 4.6. da görüldüğü üzere) birbirine oldukça benzer olması, üretmiş oldukları polimorfik bant sayısını aşağıya çekmiştir. Bu da genotipler arasında genetik ilişkinin sınırlı olarak belirlenmesine sebep olmuştur. Sonuç olarak genetik tabanları benzer olduğu için markörler bu genetik materyalde çeşitliliği sınırlı oranda tespit etmekle birlikte yüksek sayıda bant üretememiştir.

4.2.2. Kavun Genotiplerinde Moleküler Ölçümlere Göre Oluşan Dendogramın Değerlendirilmesi

SSR amplifikasyon ürünleri var (1) ya da yok (0) şeklinde değerlendirilerek genotipler arasında genetik ilişki ortaya konulmuştur. Elde edilen dendrogram; sonuç üreten SSR markörlerinden polimorfik olan aleller kullanılarak 56 kavun genotipi için oluşturulmuştur.

UPGMA (Unweighted Pair Group Method) yöntemi kullanılarak çizilen dendrogram Şekil 4.7.'de sunulmuştur ve temelde 2 ana grup (A ve B grubu) gözlemlenmiştir. A grubunda yalnızca S14 genotipi yer almaktadır. S14 genotipinin elde edilen sonuçlara göre genetik olarak diğer genotiplerden farklı olduğu tespit edilmiştir.

B grubunun kendi içerisinde üç alt gruba (B1, B2 ve B3) ayrıldığı görülmektedir. B1 alt grubu da kendi içerisinde iki alt dala ayrılmıştır. Bu grup içerisinde Y2, A3, D14, D4, K11, K8, S12 kendi aralarında yüksek derecede benzer olmakla birlikte BS4 bu gruptan ayrılmıştır. B1'e ait diğer alt grupta ise KKA1, KRŞ2, S1, B4 ve C1 genotipleri

birbirine genetik olarak yüksek düzeyde benzerlik gösterirken aynı alt grupta D8, S6, Y7, B5 ve D12 genotipleri birbirine genetik olarak yüksek düzeyde benzerlik göstermiştir. B8 ve B9 genotipleri bu gruptan ayrılmıştır.

B2. grup kendi içinde iki alt gruba ayrıldığı görülmektedir. Bu alt gruplar içerisinde BS9 ve BS10 genotipleri, K6, D7 ve B6 genotipleri, K3 ve D2 genotipleri ile Y9, S11, C2, A1 ve A2 genotiplerinin birbirlerine yüksek düzeyde benzediği görülmektedir. Yüksek düzeyde benzer genetik yapıya sahip olmaları sebebiyle kullanılan markörler genotipler arasındaki farklılık tespit edememiştir. Bu sebeple bu genotipler birbirine yüksek oranda benzer genotipler olarak dendrogramda bir arada kümelenmiştir.

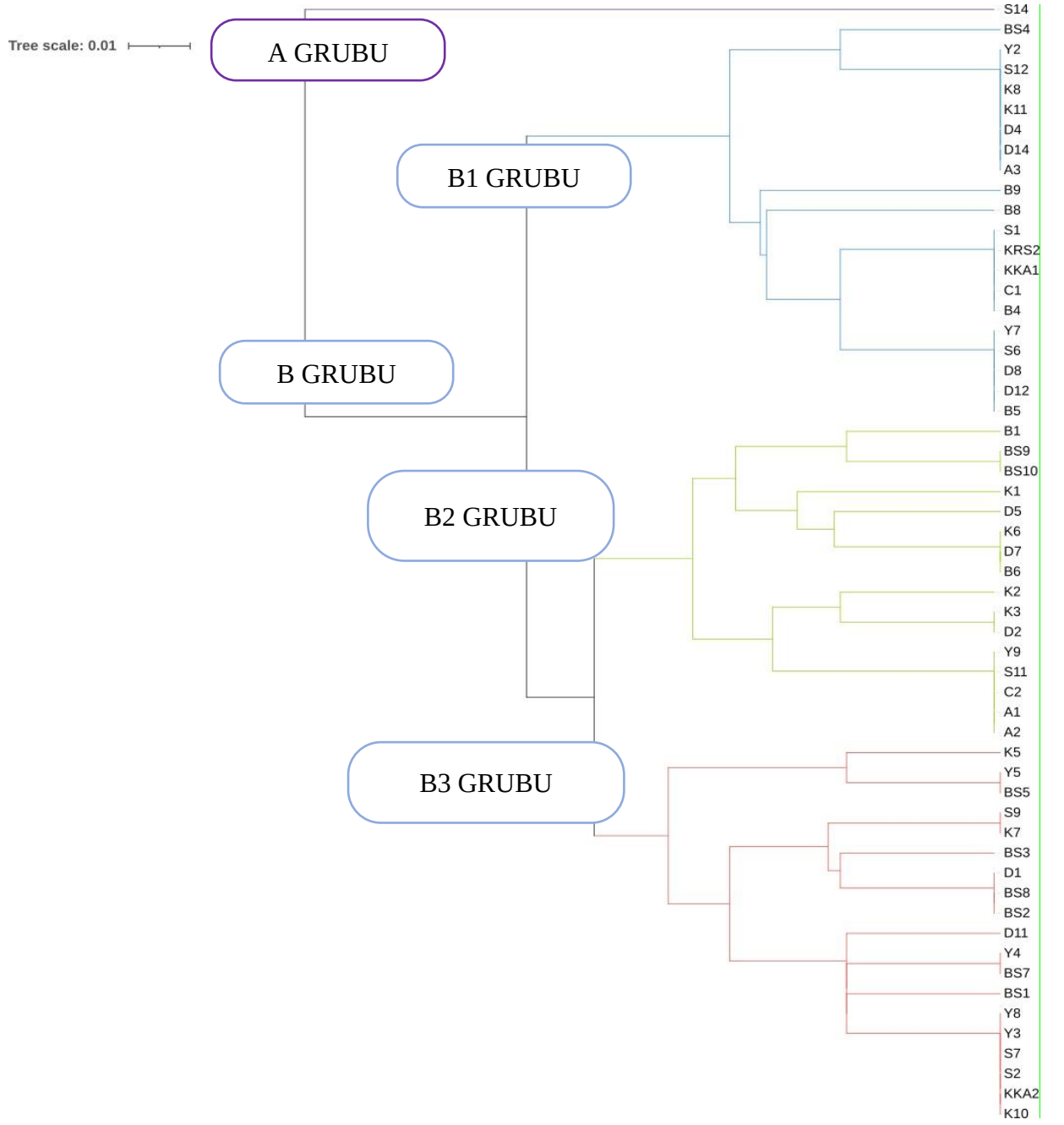
B3 alt grubunda kullanılan markörlerin birbirlerine yüksek düzeyde benzerlikten dolayı ayır edemediği genotipler şu şeklide sıralanmıştır; Y5 ve BS5 genotipi, S9 ve K7 genotipi, D1, BS8 ve BS2 genotipleri, Y4 ve BS7 genotipleri ile Y8, Y3, S7, S2, K10 ve KKA2 genotipleri yüksek düzeyde genetik benzerlik göstermektedir. Dendrogramdaki B3 alt grubu incelendiğinde; son kısmında yer alan D11, (Y4 - BS7), BS1, (Y8- Y3-S7-S2-K10-KKA2) genotipleri birbirinden aynı genetik kaynaktan köken alarak eşit oranda farklılaşma ile şekildeki genetik ilişkinin ortaya çıktığını düşündürmektedir. Bu kaynakların farklı lokasyonlara aynı kaynaktan taşındığı ve yetiştiricilik neticesinde birbirinden eşit oranda farklılaştığı dendrogramda genotipleri birbirlerine bağlayan kollarda görülmektedir.

Ntuli ve ark. (2015), *C. Pepo* genetik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada, basit dizi tekrarlı (SSR) markörlerini ve rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) kullanmışlar ve çalışma sonucunda geniş bir genetik çeşitliliğine sahip olduğunu ortaya çıkarmışlardır. Çalışmamızla benzerlik göstermemiştir. Monforte ve ark. (2003) çalışmasında farklı coğrafik kökenlerden gelen kavun genotipleri ile (Afrika, Hindistan, Irak ve Amerika kökenli) yapılan SSR analizi sonucunda dendrogramda aynı alt grup içerisinde kümelenmiştir. Bu bilgi ışığında çalışmamızda aynı küme içerisinde yer alan ya da tez kapsamındaki markörlerin birbirinden genetik olarak ayırtılamadığı genotiplerin büyük olasılıkla ile bölge içerisindeki yetiştiriciler arasında tohum alışverişi neticesinde ortaya çıktığını düşündürmektedir. Monforte ve ark. (2003) bu durum kavun genotipleri arasındaki farklılığı net bir şekilde ifade edilemeyeceğini belirtmiştir. Nakata ve ark. (2005) Japon kavun genotiplerinde genetik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla 12 adet SSR primeri kullanmışlar bunlardan 9 adedi polimorfik çıkmıştır. Frary ve ark. (2009) 20 primerden 11 tanesini polimorfik bulmuştur. Çalışmamızda ise 10 primerden 4

tanesi polimorfik bulunmuş ve genotipler arasındaki genetik ilişkiyi belli oranda ortaya koymuştur. Tantawy (2016), analizleri sonucunda 17 genotipe ait bitkilerin moleküler olarak sınıflandırılmasında, 5 farklı grup elde etmiştir. Tez çalışması kapsamında gerçekleştirilen genetik analiz sonucunda birbirinden ayırt edilebilen 3 farklı grup ortaya çıkmıştır. Bu gruplar içerisinde S14 genetik olarak en farklı olan genotip olarak tespit edilmiş ve bir dış grup gibi dendrograma dışarıdan bağlanmıştır. Li ve ark. (2018), yaptıkları çalışmada, 18 çift primerin yüksek polimorfik bilgi içerdiğini kaydetmişlerdir. Park ve ark. (2013), yaptıkları çalışmada, polimorfik SSR'lar ağı ve Kırkağaç kavunlarında başarıyla çoğaltmışlar ve yüksek düzeyde polimorfizm tespit etmişlerdir. Chikh-Rouhou ve ark. (2021a), Tunus kavun (*C. melo L.*) popülasyonunun genetik çeşitliliği konusunda yaptıkları çalışmada SSR'lere dayalı moleküler kümeleme analizleri sonucu, kavun çeşitlerini beş grup tespit etmişler ve belirli oranda genetik çeşitlilik olduğunu saptamışlardır. Saha ve ark. (2022), yaptıkları çalışmada 46 kavun çeşidinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını araştırmışlardır. 50 SSR markörü kullanmışlar ve 38 genotip oldukça polimorfik özellik gösterdiğini bulmuşlardır. Zhang ve ark. (2023), kavunda SSR ve SNP markörleri kullanarak genetik çeşitlilik analizi ve çeşit tanımlaması yapmışlardır. İki güçlü moleküler markör sistemi olan SSR'ler ve basit tek nükleotid polimorfizmleri (SNP)'lerin çeşit tanımlaması için hızlı ve güvenilir bir yöntem olarak kullanıldığını saptanmıştır. 259 kavun çeşidinin ayırt edilmesinde SSR genotiplemesi ile SNP genotiplemesi arasında anlamlı bir doğrusal korelasyon olduğu bildirilmiştir ve bu durumun SSR moleküler markör yönteminin güvenilir ve kararlı olduğunu göstermiştir. SSR ve SNP lokusları, kavunda çeşit tanımlama, çeşit denetimi ve fikri mülkiyet haklarının korunmasında yaygın bir şekilde uygulanabileceği ifade edilmiştir. Tez kapsamında kullanılan markör sistemin güvenilir sonuçlar verdiği bir kez daha görülmekle birlikte tez kapsamında güvenilir sonuçlar üretildiği düşünülmektedir. Kaçar ve ark. (2012) genetik çeşitlilik üzerine yaptıkları çalışmada, Türk çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu vurgulamışlardır. Bu perspektiften bakıldığında toplanan kavun genotiplerinin arasında yüksek düzeyde benzerlik tespit edilmiş olup bölgede genetik materyal alışverişinin bir şekilde gerçekleştiğini düşünülmektedir. Belirtilen sebep dolayısıyla elde edilen sonuçlar (Kaçar ve ark., 2012) çalışması ile örtüşmemektedir. Singh ve ark. (2020) yaptıkları çalışmada, 24 polimorfik SSR, orta derecede polimorfik bilgi içeriğine (0.43) ve genetik çeşitliliğe (0.44) sahip 67 farklı alel saptamışlardır. Roy ve ark. (2012), yaptıkları çalışmada yerel kavun germplazmında yüksek düzeyde bir genetik değişkenlik tespit etmişlerdir. Görüldüğü gibi çeşitli

arařtırmacılar SSR markör sistemini genetik çeřitlilik belirleme ve çeřit adaylarını test etmede etkili bir řekilde kullanmıřtır. Bu kapsamda tez alıřması özelinde kullanılan SSR markörlerinin belirli oranda genetik çeřitlilik tespit etięi vurgulanabilir. Genetik kaynakların birbirine yüksek oranda benzerlik gösterdięi SSR verileri incelendięinde görölmektedir. Bu da bölgede kavun genotiplerinin genel olarak birbiri ile benzerlik gösterdięi anlamına gelmektedir. Kullanılan markör sistemi ve elde edilen sonuçlar tez kapsamında amacına hizmet etmiř olup belirli oranda çeřitlilik tespit etmiřtir.





Şekil 4.7. Kavun Genotipleri arasındaki ilişki

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1. Sonuçlar

En kısa hipokotil değerine S14 genotipi ($14,82 \pm 2,50$ mm); en uzun hipokotil değerine ise ($52,52 \pm 9,72$ mm) ile K11 genotipinde bulunmuştur. Yaprak karakterleri incelendiğinde yaprak lobluluğu %100' ü "yüzeysel"; yaprak şekli %71 tüm, %18 üç loblu, %9 beş loblu olarak gözlemlenmiştir. İncelenen genotiplerin büyük bir kısmı yeşil yaprak renkli olduğu kararına varılmıştır. Morfolojik özelliklerden yaprak genişliği, yaprak uzunluğu ve yaprak sap uzunluğu bakımından genotipler arasında farklılıklar elde edilmiştir. Yaprak uzunluğu bakımından incelenen genotipler arasında yaklaşık 4,34 cm fark olduğu; en kısa yaprak uzunluğunun Keskin 10 genotipinde ($5,02 \pm 0,98$), en uzun yaprak uzunluğunun ise Bahşılı 4 genotipinde ölçüldüğü tespit edilmiştir ($9,36 \pm 1,99$).

Yaprak sap uzunluğu 7,94-12,76 cm arasında saptanmıştır. En yüksek değer BŞ2 genotipinde ölçülmüştür. Yaprak sap uzunluğu bakımından Keskin 10 genotipinin en kısa ($7,84 \pm 0,81$), Balışeyh 2 genotipinin ise en uzun olduğu ($12,76 \pm 1,07$) ve aralarında yaklaşık 4,92 cm fark olduğu saptanmıştır. Kırıkkale Yerel genotiplerin tamamının cinsiyeti andromonoik, çiçek rengi sarı, dişi çiçek/erkek çiçek oranı tüm genotiplerde çoğunlukla erkek çiçek olarak gözlemlenmiştir. Genotipler arasında İstatistik anlamda bir farklılık bulunmamıştır. Genotipler arasında, meyve ağırlığı (gr) en yüksek 4360,50 gr ile S11 nolu genotipte; en az ise 1263,86 gr ile BŞ7 nolu genotipte elde edilmiştir. Tablo 4.4 meyve ağırlığı sonuçlarına bakıldığında önemli farklılıklar olduğu görülmektedir. Meyve uzunluğu (mm), en uzun ve en kısa olmak üzere ortalama 123,82mm ile 165,96mm arasında değişkenlik gösterdiği görülmektedir. Meyve çapı (cm) ise ortalama 16,51cm ile 44,28cm arasında farklılık elde edilmiştir. Kavun yerel genotiplerin meyve sap kalınlığı ve sap uzunluğu değerlendirildiğinde ortalama olarak 3,38- 8,01 mm arasında ortalama değerleri değiştiği tablo 4.4 de görülmektedir. En kalın meyve ete sahip 11,03 mm en ince meyve et kalınlığına sahip 3,85 mm olarak tespit edilmiştir. Genotipler arasında bu değerler değişkenlik göstermiştir. Meyve et kalınlığı ise genotipler arasında en fazla 3,75 cm olarak elde edilmiştir. Çalışmada elde edilen sonuçlardan daha düşük kalmıştır. İncelenen genotiplerde %62 oranında Açık sarı (1), %11 oranında yeşil (4) ve %10 oranında Koyu yeşil (5) renk gözlenirken % 5 oranında Krem (2), % 7,5 oranında Soluk Yeşil (3) ve % 8Turuncu (7) numaralı renkler düşük oranda gözlenmiştir. Olgunluk

öncesi meyve kabuk zemin rengi bakımından incelenen genotiplerde %43 oranında Yeşil (3), %38 oranında Beyaz (1) ve %16 oranında Gri-Yeşil (4) rengi gözlenirken 2 ve 4 numaralı renkler düşük oranda elde edilmiştir. Kabuk Zemin Renk Yoğunluğu ise İncelenen genotiplerde %45 oranında Koyu (3), %30 oranında Orta (2) ve %25 oranında Açık (1) renkler gözlenmiştir. Çalışmada incelenen genotiplerde desen rengi; %60 Yeşil (3), %37 sarı (1) ve %3 oranında Kahverengi (2) renk olarak tespit edilmiştir. Kabukta İkincil renk dağılımı bakıldığında genotipler arasında %24 oranında yok (0), %50 oranında Benekli (2), %6 oranında Lekeli (3) farklılık gözlemlenmiştir. Meyve et rengi özellikleri değerlendirildiğinde Beyaz, Yeşil, Krem-sarı, Turuncu renkler gözlemlenmiştir. Gözlem sonucu %22 oranında Beyaz (1); %5,5 oranında Yeşil (2); %41 oranında Krem-Sarı (3), %24 oranında Turuncu renkleri genotipler arasında farklılık göstermiştir ve popülasyonlar arasında en fazla meyve eti krem-sarı renk olduğu saptanmıştır. Yerel genotipleri arasında mühür büyüklüğü değerlendirildiğinde %46 oranında Küçük (1), %30 oranında orta (2), %24 oranında büyük mühüre sahip olduğu gözlemlenmiştir. Kırıkkale kavun yerel genotipleri meyve olgunlaşma zamanları bakımından değerlendirildiğinde incelendiğinde 11 genotip geçici (3) ve 49 Genotip erkenci (2) olarak tespit edilmiştir. İncelenen genotiplerin hiçbirisi erkenci veya çok geçici grup arasında bulunmamıştır. Genotipler arasında SÇKM bakımından farklılık tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar 6,40 -10,90 % arasında değişiklik göstermiştir. En yüksek SÇKM KRŞ2 genotipinde elde edilirken en düşük değer A1, A2, A3 genotiplerinde bulunmuştur. Genotipler arası pH değerlendirildiğinde 5,38 en düşük değer 6,90 en yüksek değer olarak kaydedilmiştir. pH değerlerine bakıldığında asitliğin çok yüksek olmadığı nötr değere yakın olduğu görülmektedir. Tohum hilum ucu şekli (%63) sivri uçlu, %37' sinde küt uçlu olarak tespit edilmiştir. Tohum "kabuk rengi" bakımından popülasyonlar incelendiğinde beyaz, krem, kahverengi şeklinde farklılık göstermiştir.

Genotiplerin A ve B olarak iki alt gruba ayrıldığı görülmektedir. Gruplar dikkate alındığında A grubu kendi içerisinde 2 alt gruba ayrılmış ve çok fazla sayıda alt grup oluşturmuş; B grubu ise 2 alt gruba ayrılarak A grubuna kıyasla daha az alt grup vermiştir. Gruplararası benzerlikler göz önüne alındığında, aynı ilçeye ait genotiplerin farklı alt gruplarda; farklı ilçelerin genotiplerinin ise aynı alt gruplarda olduğu dikkat çekmektedir.

Analiz sonucunda incelenen 6 adet (kantitatif) tanımlama özellikleri ile ilgili olarak birbirinden 5 adet bağımsız temel bileşen ekseni elde edilmiştir. Bu eksenler toplam varyasyonun %49,78'sini temsil etmektedir. İlk 3 temel bileşenin eigen değerleri 1.05-1.03 arasında bulunmuştur. PC1 ve PC2 komponentleri kullanılarak, özellikler

arasındaki karşılıklı ilişkiyi incelemek için loading plot grafiği oluşturulmuştur. Şekil incelendiğinde en yüksek pozitif korelasyon yaprak en boy oranı ve hipokotil uzunluğunda olmuştur. En yüksek negatif korelasyon ise yumurtalık şekli ve yaprak karekteri arasında olmuştur. PC1 ve PC2 komponentleri kullanılarak, kavun genotiplerinin değerlendirilmesi için score plot grafiği oluşturulmuştur. Şekil incelendiğinde, yaprak sap uzunluğu yönünden BŞ2, B6, B8,B1, D12, Y1,K2,S6, B9 genotipleri önemli bulunmuştur. Yaprak en boy bakımından Y2, K9 genotipleri önemli bulunmuştur. Yumurtalık şekli bakımından S7, K10 genotipleri önemli bulunmuştur. Y7 ve S11 genotipleri hipokotil uzunluğu bakımından önemli bulunmuştur.

Meyve Özelliklerin Hiyerarşik Kümeleme Analizi Birinci ekseninde Meyve Ağırlığı, Meyve Uzunluğu, Meyve En, Meyve Et Kalınlığı, Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi, Olgun Kabuk Rengi 0.3 değerinin üzerinde bulunmuştur. İkinci ekseninde Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli ve SÇKM önemli bulunmuştur. Üçüncü ekseninde meyve uç şekli ve bin dane ağırlığı önemli bulunmuştur. En yüksek varyansı açıklayan ilk üç faktör incelendiğinde, PC 1 için; Meyve Ağırlığı, Meyve Uzunluğu, Meyve En, Meyve Sap Uzunluğu, Meyve Sap Kalınlığı, Meyve Et Kalınlığı, Meyve Kabuk Kalınlığı, Baskın Kabuk Rengi, Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi, Olgun Kabuk Rengi, KZRY, Kabuk Desen Rengi pozitif ekseninde varyansı etkilerken Meyve Olgunlaşma Zamanı, İkincil Renk Dağılımı, Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli, Tohum Hilyum Ucu, Tohum Rengi negatif yönde varyansı etkilemiştir. PC2' için İkincil Renk Dağılımı, kabuk Desen Rengi, Meyve Kabuk Kalınlığı, Meyve Şekli, Tohum Rengi Bin Tane Ağırlığı negatif yönde varyansı etkilerken, Meyve Olgunlaşma Zamanı, Meyve Ağırlığı, Meyve En, Meyve Sap Uzunluğu, Meyve Et Kalınlığı, Baskın Kabuk Rengi Olgunluk Öncesi Meyve Kabuk Zemin Rengi Olgun Kabuk Rengi, KZRY, Meyve Taban Şekli, Meyve Uç Şekli, Meyve Et Rengi, Mühür Büyüklüğü, Tohum Hilyum Ucu varyansı pozitif yönde etkilemiştir.

Analiz sonucunda incelenen 24 adet (kantitatif) tanımlama özellikleri ile ilgili olarak birbirinden 5 adet bağımsız temel bileşen ekseni elde edilmiştir. Analiz sonuçları incelendiğinde toplam varyasyon, ilk beş temel bileşen ekseni tarafından (%54,39) açıklandığı görülmektedir. İlk iki eksen toplam varyasyonun %27,61'sını temsil etmektedir. Birinci temel bileşen ekseni, toplam varyasyonun %14,20'sini karşılamaktadır. İkinci, üçüncü, dördüncü ve beşinci temel bileşen ise sırasıyla toplam varyasyonun %27,61'sını ve %37,74, %46,73 ve %54,39 kapsamaktadır.

Meyve için PC1 ve PC2 komponentleri kullanılarak, özellikler arasındaki karşılıklı ilişkiyi incelemek için loading plot grafiği oluşturulmuştur. En yüksek pozitif korelasyon meyve eni ve meyve ağırlığı arasında yüksek bir ilişki bulunmuştur. İkinci izdüşümde meyve taban şekli ve meyve uç şekli arasında pozitif bir ilişki tespit edilmiştir. Dördüncü izdüşümde meyve kabuk kalınlığı ve meyve sap kalınlığı arasında pozitif bir ilişki görülmüştür. En yüksek negatif ilişki meyve şekli ve meyve taban şekli arasında bulunmuştur. PC1 ve PC2 komponentleri kullanılarak, kavun hatlarının değerlendirilmesi için score plot grafiği oluşturulmuştur. Ph bakımından BŞ1, meyve sap kalınlığı bakımından BŞ5, meyve uzunluğu bakımından B6 ve B4 genotipleri, meyve et rengi bakımından Y7, meyve kabuki Zemin rengi bakımından BŞ2 ve Y9, meyve olgunlaşma zamanı bakımından Ç1 genotipi anlamlı olarak tespit edilmiştir. Score plot grafiği üzerinde A3, A1 genotipleri daha dışarda bulunmuştur.

Çalışmada kullanılan toplam 10 adet SSR markörünün dört adedi toplam 56 adet genotipte polimorfizm göstermiştir. Bu markörler üç allel ve üzeri bant üretmiş ve geri kalanlar tek allelli ya da iki allelli monomorfik markörler olarak kaydedilmiştir. CM05, CM16, CM21 ve CM55 M-markörleri polimorfik olarak gözlemlenmiştir. CM30, CM43, CM53, CMMS004, CMMS12-4 ve CMMS15-4 monomorfik olarak tespit edilmiştir. UPGMA (Unweighted Pair Group Method) yöntemi kullanılarak çizilen dendrogram bakıldığında temelde 2 ana grup (A ve B grubu) gözlemlenmiştir. A grubunda yalnızca S14 genotipi yer almaktadır. S14 genotipinin elde edilen sonuçlara göre genetik olarak diğer genotiplerden farklı olduğu tespit edilmiştir. Genel olarak değerlendirildiğinde Kırıkkale yerel genetik kaynakların birbirine yüksek oranda benzerlik gösterdiği SSR verileri incelendiğinde görülmektedir. Bu da bölgede kavun genotiplerinin genel olarak birbiri ile benzerlik gösterdiği ve belirli oranda çeşitlilik gösterdiği saptanmıştır. Ancak amplifiye olan toplam 22 adet allel genetik çeşitlilik ve karakterizasyon için yeterli düzeyde olmadığı düşünülmüştür. Polimorfik markör sayısının yeterli düzeyde olamaması sebebiyle soyağacında bazı örneklerde çok yakın genetik akrabalıklar tespit edilmiştir. Çalışmanın devamını sağlaması ve sonrasında yapılması planan ıslah çalışmalarına genetik altyapı olması bakımından daha yüksek oranda polimorfik SSR markörleri ile genetik karakterizasyon çalışmasının yapılması önerilmektedir. Bu sayede bölgeden temin edilen genotipler arasındaki genetik yakınlıklar daha net ve anlaşılır sonuçlar verecektir.

5.2. Öneriler

Kırıkkale ili ve yöresinden derlenen 60 kavun genotipi tarla koşullarında yetiştirilerek morfolojik özellikleri belirlenmiştir. Ayrıca çalışmada 10 adet SSR marköründen dört adedi polimorfizm göstermiş ve sınırlı olsa çeşitliğin varlığını ortaya koymuştur. Bu bağlamda bölgenin kavun genetik kaynakları tanımlanmış, kendiilemeler yapılarak başlangıç materyallerinde kendileme yapılmış ve kademe genetik ilerleme sağlanmıştır. Sonuçlar genotipler arasında yakın benzerlik gösterse de morfolojik olarak meyve karakterleri bakımından farklılık saptanmıştır. Bu farklılık yeni çeşit ıslahı açısından anlamlıdır. Yeni çalışmalarda bu genotipler standart ve hibrit çeşit ıslahı açısından kaynak olabileceği düşünülmektedir.



KAYNAKLAR

- Akhoundnejad, Y. ve Sevgin, N., 2019, Yield and morphological investigation of different tigger melon (*Cucumis melo* Dudaim) genotypes belonging to Sirnak/Turkey Region, *J. Biol. Agric. Health*, 9, 81-86.
- 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.
- Altındal, D. ve Akgün, İ., 2015, Bitki genetik kaynakları ve tahıllardaki durumu, *Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 12 (1), 147-153.
- Ansari, W. A., Atri, N., Yang, L., Singh, B. ve Pandey, S., 2020, Genetic diversity in muskmelon based on SSR markers and morphological traits under well-watered and water-deficit condition, *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 26, 101630.
- 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.
- Bahçivancı, N., 2012, Diyarbakırda yetiştirilen bazı yerli kavun genotiplerinin karakterizasyonu, Yüksek Lisans, Dicle Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Diyarbakır.
- Baktemur, G., Taşkın, H., Solmaz, İ., Sarı, N., Ellialtıoğlu, Ş., Karaköy, T., Keleş, D., Boyacı, H. F., Namlı, M. ve Denli, N., 2023, Sebze Yetiştiriciliği.
- Balkaya, A. ve Yanmaz, R., 2001, Bitki genetik kaynaklarının muhafaza imkanları ve tohum gen bankalarının çalışma sistemleri, *Ekoloji Çevre Dergisi*, 10 (39), 25-30.
- Balkaya, A., Özbakır, M. ve Kurtar, E. S., 2010, The phenotypic diversity and fruit characterization of winter squash (*Cucurbita maxima*) populations from the Black Sea Region of Turkey, *African Journal of Biotechnology*, 9 (2).
- Brown, J. S., 1991, Principal component and cluster analysis of cotton cultivar variability a cross the U.S. cotton belt, *Crop Sci*, 31, 915-922.
- Can, H. ve Türkmen, Ö., 2022, Collection of local Kyrgyzstan Melon genotypes and determination of morphological relationships between some Anatolian Melons, *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 46 (2), 257-270.
- Carvalho, N., Canela, F., Leite, P., Ferreira, M., Oliveira, V., Santos, M., Souza, N. ve Buso, G., 2017, Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers, *Genetics and Molecular Research*, 16 (3).
- 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., Mezghani, N., Mnasri, S., Mezghani, N. ve Garcés-Claver, A., 2021a, Assessing the genetic diversity and population structure of a tunisian melon (*Cucumis melo* L.) collection using phenotypic traits and SSR molecular markers, *Agronomy*, 11 (6), 1121.
- Chikh-Rouhou, H., Tlili, I., Ilahy, R., R'him, T. ve Sta-Baba, R., 2021b, Fruit quality assessment and characterization of melon genotypes, *International Journal of Vegetable Science*, 27 (1), 3-19.
- Chikh-Rouhou, H., Mezghani, N., Mnasri, S., Mezghani, N. ve Garcés-Claver, A., 2021a, Assessing the genetic diversity and population structure of a tunisian melon (*Cucumis melo* L.) collection using phenotypic traits and SSR molecular markers, *Agronomy*, 11 (6), 1121.

- Chomicki, G., Schaefer, H. ve Renner, S. S., 2020, Origin and domestication of Cucurbitaceae crops: insights from phylogenies, genomics and archaeology, *New Phytologist*, 226 (5), 1240-1255.
- Dal, Y., Kayak, N., Ünal, K., Seymen, M. ve Türkmen, Ö., 2017, Yerel kavun (*Cucumis melo* L.) genotiplerinin bazı morfolojik özellikleri, *Akademik Ziraat Dergisi*, 6, 179-186.
- Daryono, B. S., El Virdausy, A. ve Wasi'Al-Mughni, E., 2018, Phenotypic characters stability of melon (*Cucumis melo* L. Meloni Cultivar), *Proceeding of the 2nd International Conference on Tropical Agriculture*, 141-149.
- Doğan, M., Recep, E., Hüseyin, Y. ve Özmerdivenli, R., 2017, Yeni Nesil Dizileme (YND) hakkında bilinenler (literatür taraması), *Duzce Medical Journal*, 19 (1), 27-30.
- Ece, A., 2017, Çankırı İli Kızılırmak İlçesinde Kavun Yetiştiriciliği, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 10 (1), 31-34.
- Elbekkay, M., Hamza, H., Ferchichi, A. ve Djebali, N., 2022, Genetic diversity of local cultivars of melon (*Cucumis melo* L.) collected in Southern Tunisia: Valorization for a selection and genetic conservation program.
- Erdoğan, F., 2016, Göller bölgesinde yerel kavun genotiplerin toplanması ve morfolojik karakterizasyonu.
- Ermiş, S. ve Aras, V., 2017, Kavun (*Cucumis melo* L.) çeşitlerinin morfolojik karakterizasyonu ve akrabalık derecelerinin belirlenmesi, *Akademik Ziraat Dergisi*, 6, 171-178.
- 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.
- Fanourakis, N., Tsekoura, Z. ve Nanou, E., 2000, Morphological characteristics and powdery mildew resistance of *Cucumis melo* land races in Greece, *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510*, 241-246.
- FAO, 2022, <https://www.fao.org/statistics/en/>, [16.03.2023].
- Fıncıoğlu, H., Unal, S., Pank, Z. ve Beniwal, S., 2012, Growth and development of narbon vetch (*Vicia narbonensis* L.) genotypes in the semi-arid central Turkey, *Spanish Journal of Agricultural Research*, 10 (2), 430-442.
- Frary, A., Doğanlar, S., Taşkın, T., Tan, A., İnal, A. ve Mutlu, S., 2009, Ulusal kavun (*Cucumis melo*) koleksiyonlardaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi.
- Ghorbani, E., Motallebi-Azar, A. ve Bolandnazar, S., 2020, Agro-Morphological Variation in Some Iranian Melon (*Cucumis melo* L.) Genotypes Revealed by Multivariate Analysis, *Indian Journal of Agricultural Research*, 54 (2), 161-167.
- 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.
- 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.
- Güney, M., Kafkas, S., Yakupoğlu, G. ve Gündeşli, M. A., 2020, Bağrıbüütün Kavununda Polimorfik Olan Bazı SSR Markörlerinin Belirlenmesi, *Gümüşhane Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 10 (2), 474-479.
- Haggag, I. M., Hassan, N. A., Zein, H. S., Abdallah, N. A. ve Elarabi, N. I., 2021, Molecular markers assessment of genetic diversity of ten Egyptian melon

- (*Cucumis melo* L.) accessions cultivated, *Plant Cell Biotechnology And Molecular Biology*, 103-123.
- Harsh, K., Pal, A. K. ve Choudhury, M., 2022, Genetic divergence analysis in Muskmelon (*Cucumis melo* L.) genotypes using morphological and biochemical traits, *Journal of Applied Horticulture*, 24 (1), 105-109.
- Hatipoğlu, M. ve Şensoy, S., 2022, Validity Determination of Some Molecular Markers Used in Melon Breeding, *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 32 (2), 424-435.
- Hu, J.-B., Ma, S.-W., Jian, Z.-H., Wang, J.-M., LI, Q. ve Su, Y., 2013b, Analysis of genetic diversity of Chinese melon (*Cucumis melo* L.) germplasm resources based on morphological characters, *Journal of Plant Genetic Resources*, 14 (4), 612-619.
- Hu, J., Ma, S., Li, J., Wang, J., Li, Q. ve Wang, L., 2013a, Genetic diversity of foreign melon (*Cucumis melo*) germplasm resources by morphological characters, *Chinese Bulletin of Botany*, 48 (1), 42.
- İlhan, D., 2017, Bitki biyoteknolojisinde genetik kaynakların önemi, *Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 10 (2), 134-144.
- İnal, A., 2002, Yerel çeşitlerin önemi ve korunması, *Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Teknik Broşür* (3).
- Kaçar, Y., Simsek, O., Solmaz, I., Sari, N. ve Mendi, Y., 2012, Genetic diversity among melon accessions (*Cucumis melo*) from Turkey based on SSR markers.
- Kamber, E. ve Balık, H. İ., 2022, Bitkisel Biyoçeşitlilik ve Genetik Kaynaklar, *Journal of Agricultural Biotechnology*, 3 (2), 117-125.
- Kar, B., 2019, Modern Tarımsal Biyoteknoloji Alanları ve Faydalar, *EJONS INTERNATIONAL JOURNAL*, 3 (12), 10-18.
- Karaağaç, O. ve Balkaya, A., 2017, Türkiye’de Yerel Sebze Çeşitlerinin Mevcut Durumu ve İslah Programlarında Değerlendirilmesi, *Türktob Dergisi*, 23, 8-15.
- Katgııcı, A., 2021, Kavun (*Cucumis melo* L.)’da nitelikli hat geliştirilmesi üzerine bir araştırma.
- Kaya, N., 2020, KKTCden toplanan bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu ile in vitro tuzluluk toleranslarının belirlenmesi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*.
- Kayak, N. ve Türkmen, Ö., 2021, Bazı kavun genotiplerinin morfolojik ve pomolojik özelliklerinin belirlenmesi, *Ereğli Tarım Bilimleri Dergisi*, 1 (1), 1-19.
- Kayak, N. ve Türkmen, Ö., 2022, Revealing morphological variability in some S1 level melon genotypes, *International Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 15 (1).
- Kayaka, N., Dalb, Y., Kalb, Ü., Yaşara, A., Kıymacı, G., Türkmen, Ö. ve Seymen, M., 2020, Determination Of Morphological And Agronomic Properties Of Some F1 Melon Potential Variety Candidates, *PROCEEDING BOOK*, 212.
- Kesh, H. ve Kaushik, P., 2021, Advances in melon (*Cucumis melo* L.) breeding: An update, *Scientia Horticulturae*, 282, 110045.
- Kızmaz, M. Z., Paylan, İ. C. ve Erkan, S., 2017, DNA Dizilemenin Tarihsel Gelişimi, *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi*, 6 (2), 47-53.
- Kong, XiangBin, K., Zhang ChunQing ve ChunQing, Z., 2007, Optimization on SSR (simple sequence repeats) fingerprinting technique of maize.
- 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, 163-169.

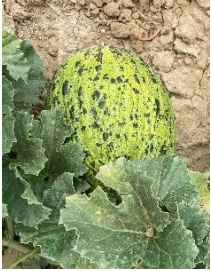
- Krasteva, L., 2000, Watermelon genetic resources in Bulgaria, *VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding* 510, 253-256.
- Kuşvuran, Ş., Ellialtıoğlu, Ş., Yıldız Daşgan, H. ve Kazım, A., 2012, Tuzlu koşullara toleransı yüksek bazı yerli kavun aksesyonları, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi* (2), 151-153.
- Lepse, L., Bāliņš, A., Veinberga, I. ve Ruņģis, D., 2008, Renewal and the molecular characterisation of the Latvian melon (*Cucumis melo* L.) genetic resources, *Agronomijas Vestis* (11), 108-113.
- Li, L., Xu, X., Wu, P., Zhang, G. ve Zhang, X., 2018, Establishment of molecular identity cards for *Cucumis melo* cultivars using SSR markers, *HortScience*, 53 (2), 138-143.
- Lian, Q., Fu, Q., Xu, Y., Hu, Z., Zheng, J., Zhang, A., He, Y., Wang, C., Xu, C. ve Chen, B., 2021, QTLs and candidate genes analyses for fruit size under domestication and differentiation in melon (*Cucumis melo* L.) based on high resolution maps, *BMC Plant Biology*, 21, 1-13.
- Lija, M. ve Beevy, S. S., 2021, A Review on the diversity of Melon, *Plant Science Today*, 8 (4), 995-1003.
- Liu, K. ve Muse, S. V., 2005, PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis, *Bioinformatics*, 21 (9), 2128-2129.
- Maleki, M., Shojaeiyan, A. ve Monfared, S. R., 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.
- Malik, A. A., Vashisht, V., Singh, K., Sharma, A., Singh, D., Singh, H., Monforte, A., McCreight, J. D. ve Dhillon, N. P., 2014, Diversity among melon (*Cucumis melo* L.) landraces from the Indo-Gangetic plains of India and their genetic relationship with USA melon cultivars, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 61, 1189-1208.
- Mancak, İ., 2013, Altınbaş grubu kavunların diğer kavunlarla akrabalık ilişkilerinin morfolojik ve moleküler yöntemlerle araştırılması.
- Maxam, A. M. ve Gilbert, W., 1977, A new method for sequencing DNA, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74 (2), 560-564.
- Mısıır, Ü., 2012, Yerel kavun (*Cucumis melo* L.) varyetelerinde karakterizasyon çalışması, *Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*.
- Mohammadi, S. A. ve Prasanna, B., 2003a, Analysis of genetic diversity in crop plants—salient statistical tools and considerations, *Crop Science*, 43 (4), 1235-1248.
- Mohammadi, S. A. ve Prasanna, B. M., 2003b, Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations, *Review & Interpretation*.
- Mohammadi, S. A. ve Prasanna, B. M., 2003c, Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations, *Crop Sci*, 43, 1235-1248.
- Monforte, A., Garcia-Mas, J. ve Arus, P., 2003, Genetic variability in melon based on microsatellite variation, *Plant breeding*, 122 (2), 153-157.
- Muhammadi, A. ve Daryono, B. S., 2022, Phenotypic Characters Stability of Melon (*Cucumis melo* L. 'Kinaya'), *7th International Conference on Biological Science (ICBS 2021)*, 303-309.
- Nakata, E., Staub, J. E., López-Sesé, A. I. ve Katzir, N., 2005, Genetic diversity of Japanese melon cultivars (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52, 405-419.

- Nasrabadi, H. N., Nemati, H., Sobhani, A. ve Sharifi, M., 2012, Study on morphologic variation of different Iranian melon cultivars (*Cucumis melo* L.), *African Journal of Agricultural Research*, 7 (18), 2764-2769.
- 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, *Breeding Science*, 60 (3), 255-266.
- Ntuli, N. R., Tongoona, P. B. ve Zobolo, A. M., 2015, Genetic diversity in *Cucurbita pepo* landraces revealed by RAPD and SSR markers, *Scientia Horticulturae*, 189, 192-200.
- Öztürk, S. K., Yıldırım, B. ve Yıldız, H., 2021, Geçmişten Günümüze Genetik ve Kromozom Mühendisliği Çalışmalarının Sürdürülebilir Tarım ve Bitki Islahına Katkısı, *Yüzüncü Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 31 (1), 246-258.
- Pandey, A., Ranjan, P., Ahlawat, S., Bhardwaj, R., Dhariwal, O., Singh, P., Malav, P. K., Harish, G., Prabhu, P. ve Agrawal, A., 2021, Studies on fruit morphology, nutritional and floral diversity in less-known melons (*Cucumis melo* L.) of India, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68, 1453-1470.
- Park, I., Kim, J., Lee, J., Kim, S., Cho, O., Yang, K., Ahn, J., Nahm, S. ve Kim, H., 2013, Development of SSR markers by next-generation sequencing of Korean landraces of chamoe (*Cucumis melo* var. *makuwa*), *Molecular biology reports*, 40, 6855-6862.
- Park, S. O. ve Crosby, K. M., 2004, Detection of QTL Controlling Fruit Size and Shape in *Cucumis melo* L, *HortScience*, 39 (4), 774E-775.
- Peakall, R. ve Smouse, P. E., 2006, GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, *Molecular ecology notes*, 6 (1), 288-295.
- 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., 2012, Domestication and diversification of melon, *Cucurbitaceae 2012. Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae, Antalya, Turkey, 15-18 October, 2012*, 31-40.
- Pitrat, M., 2017, Melon genetic resources: phenotypic diversity and horticultural taxonomy, *Genetics and genomics of Cucurbitaceae*, 25-60.
- Ramanatha Rao, V. ve Hodgkin, T., 2002, Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources, *Plant cell, tissue and organ culture*, 68, 1-19.
- Robinson, J. T., Thorvaldsdóttir, H., Turner, D. ve Mesirov, J. P., 2023, igv. js: an embeddable JavaScript implementation of the Integrative Genomics Viewer (IGV), *Bioinformatics*, 39 (1), btac830.
- Roy, A., Bal, S., Fergany, M., Kaur, S., Singh, H., Malik, A. A., Singh, J., Monforte, A. J. ve Dhillon, N., 2012, Wild melon diversity in India (Punjab state), *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59, 755-767.
- Saha, K., Choudhary, H., Munshi, A. ve Singh, D., 2022, Genetic characterization and population structure analysis among different horticultural groups of muskmelon (*Cucumis melo* L.) using microsatellite markers, *Plant Genetic Resources*, 20 (2), 116-123.
- Sanger, F., Nicklen, S. ve Coulson, A. R., 1977, DNA sequencing with chain-terminating inhibitors, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74 (12), 5463-5467.

- Saputra, H. E., Syukur, M., Suwarno, W. B. ve Sobır, S., 2022, Diversity and similarity of melon (*Cucumis melo* L.) groups and determination of distinguishing morphological characters, *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 23 (12).
- Šarhanová, P., Pfanzelt, S., Brandt, R., Himmelbach, A. ve Blattner, F. R., 2018, SSR-seq: Genotyping of microsatellites using next-generation sequencing reveals higher level of polymorphism as compared to traditional fragment size scoring, *Ecology and Evolution*, 8 (22), 10817-10833.
- Sarıkamış, G., 2014, Sebze Islahında Moleküler Yaklaşımlar, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi* (2), 80-83.
- Scaldeferri, M., Freitas, J., Santos, E., Vieira, J., Gonçalves, Z. ve Cerqueira-Silva, C., 2013, Comparison of protocols for genomic DNA extraction from 'velame pimenta' (*Croton linearifolius*), a native species to the Caatinga, Brazil, *African Journal of Biotechnology*, 12 (30).
- Seymen, M., Yavuz, D., Dursun, A., Kurtar, E. S. ve Türkmen, Ö., 2019, Identification of drought-tolerant pumpkin (*Cucurbita pepo* L.) genotypes associated with certain fruit characteristics, seed yield, and quality, *Agricultural Water Management*, 221, 150-159.
- Shivapriya, M., Mamatha, S., Umesha, K., Lingaiah, H. ve Mohankumar, S., 2021, Genetic variation in melon (*Cucumis melo* L.) landraces and wild relatives of Karnataka state of southern India, *Plant Genetic Resources*, 19 (5), 419-427.
- Singh, D., Leskovar, D. I., Sharma, S. P., Sarao, N. K. ve Vashisht, V., 2020, Genetic diversity and interrelationship among Indian and exotic melons based on fruit morphology, quality components and microsatellite markers, *Physiology and molecular biology of plants*, 26, 985-1002.
- Singh, S., Pandey, S., Raghuwanshi, R., Pandey, V. ve Singh, M., 2015, SSR analysis for fruit and quality characters in infra-specific mapping population of melon, *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 85 (1), 32-37.
- Solmaz, I., Sari, N., Mendi, Y., Kacar, Y., Kasapoglu, S., Gursoy, I., Suyum, K., Killi, O., Serce, S. ve Yildirim, E., 2010, Characterization of some melon genotypes collected from Eastern and Central Anatolia region of Turkey, *Acta horticulturae* (871), 187-196.
- 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, *Breeding Science*, 60 (1), 34-45.
- Soltani, F., Shajari, M., Mirbehbahani, G. S. ve Bihamta, M. R., 2022, Assessment of melon genetic diversity based on fruit phenotypic traits and flowering habits, *International Journal of Horticultural Science and Technology*, 9 (1), 97-116.
- Sönmez, K., Asu, O., Özdamar, K. ve Ellİaltıoğlu, Ş., 2015, Bazı yerel sofralık domates genotiplerinin morfolojik ve fenolojik olarak akrabalık derecelerinin belirlenmesi, *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 25 (1), 24-40.
- Staub, J. E., Serquen, F. C. ve Gupta, M., 1996, Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding, *HortScience*, 31 (5), 729-741.
- Stepansky, A., Kovalski, I. ve Perl-Treves, R., 1999, Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation, *Plant Systematics and Evolution*, 217, 313-332.
- 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.

- Şimşek, Ö., Dönmez, D., İmrak, B., ÖZGÜVEN, A. I. ve Kaçar, Y. A., 2018, Narda (*Punica granatum L.*) Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi Kullanılarak SSR Markırlarının Geliştirilmesi, *Uluslararası Tarım ve Yaban Hayatı Bilimleri Dergisi*, 4 (2), 161-167.
- Taheri, S., Lee Abdullah, T., Yusop, M. R., Hanafi, M. M., Sahebi, M., Azizi, P. ve Shamshiri, R. R., 2018, Mining and development of novel SSR markers using next generation sequencing (NGS) data in plants, *Molecules*, 23 (2), 399.
- Tantawy, İ., 2016, Bazı kavun (*Cucumis melo L.*) genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu, haploid bitki eldesi ve heterotik grup oluşturulması.
- Taş, N., Kırçalıoğlu, G., Kırıcı, K. K. ve Özer, U., 2017, Türkiye yerel çeşit genetik kaynaklarının muhafazası, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 10 (1), 48-52.
- Tatar, M. ve Şensoy, S., 2020, Diyarbakır İli Bazı Yerel Kavun Genotiplerinin Meyve Özellikleri, *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 25 (2), 56-63.
- TÜİK, 2022, <https://biruni.tuik.gov.tr/>: [16.03.2023].
- Ulukapı, K. ve Onus, A. N., 2013, Selekte edilmiş bazı yerel taze fasulye (*Phaseolus vulgaris L.*) genotiplerinin moleküler karakterizasyonu.
- Üçok, Z., 2019, Bağrıbutün kavunu (*Cucumis melo L.*)’nun morfolojik ve fenolojik özelliklerinin belirlenmesi.
- Wahyuni, S., Wibowo, W. A., Saifullah, T. N. ve Daryono, B. S., 2022, Inheritance of morphological characters on Melon (*Cucumis melo L.* 'Gama Melon Parfum'), *Biogenesis: Jurnal Ilmiah Biologi*, 10 (1).
- Xu, L., He, Y., Tang, L., Xu, Y. ve Zhao, G., 2022, Genetics, Genomics, and Breeding in Melon, *Agronomy*, 12 (11), 2891.
- Yakupoğlu, G. ve Çoban, G. A., 2022, Yozgat Aydıncık Bağrıbutün Kavununun Tanımlanması ve Bazı Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi, *Bahçe*, 51 (1), 37-43.
- Yılmaz, N., Kaya, H. P., Pınar, H., Hancı, F. ve Uzun, A., 2021, Detailed morphological and molecular characterizations of melon (*Cucumis melo L.*) accessions collected from northern Cyprus and Turkey, *Horticultural Science and Technology*, 39 (4), 471-481.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E. ve Erkoyuncu, M. T., 2015, Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı, *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4 (2), 1-12.
- Yusuf, A. F., Wibowo, W. A., Subiastuti, A. S. ve Daryono, B. S., 2020, Morphological studies of stability and identity of melon (*Cucumis melo L.*) 'Hikapel' and comparative cultivars, *AIP Conference Proceedings*.
- Yusuf, A. F. ve Daryono, B. S., 2021, Studies of genetic and morphological characteristics of indonesian melon (*Cucumis melo L.* 'Hikapel') germplasm, *Intl J Adv Sci Eng Inf Technol*, 11 (5), 2023-2030.
- 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*, *International Scholarly Research Notices*, 2012.
- Zhang, J., Yang, J., Lv, Y., Zhang, X., Xia, C., Zhao, H. ve Wen, C., 2023, Genetic diversity analysis and variety identification using SSR and SNP markers in melon, *BMC Plant Biology*, 23 (1), 39.

EKLER**EK-1** Toplanan kavun genotiplerin konum ve olgunlaşma ve olgunlaşmadan önceki görünimleri.

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
A1	Ankara/Koçhisar (Sarı Kışlık Kavun)		
A2	Ankara/Koçhisar (Köy kavunu)		
A3	Ankara/Koçhisar (Depeköy kavunu)		
BŞ1	Kırıkkale/Balışeyh (Şemen kavunu)		
BŞ2	Kırıkkale/Balışeyh (Kırkağaç kavun)		
BŞ3	Kırıkkale/Balışeyh (Köy kavunu)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
BŞ4	Kırıkkale/Balışeyh (Kış kavunu)		
BŞ5	Kırıkkale/Balışeyh (Çankırı kavunu)		
BŞ7	Kırıkkale/Balışeyh (Altınbaş kavunu)		
BŞ8	Kırıkkale/Balışeyh (Dalaman kavunu)		
BŞ9	Kırıkkale/Balışeyh (Çikolata kavun)		
B1	Kırıkkale/Bahşılı (Kıllı kavun)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
B3	Kırıkkale/Bahşılı (Yerli kavun)		
B4	Kırıkkale/Bahşılı (Yaz kavunu)		
B5	Kırıkkale/Bahşılı (Kara Divrek)		
B6	Kırıkkale/Bahşılı (On Dilim)		
B8	Kırıkkale/Bahşılı (Sarı kışlık kavun)		
B9	Kırıkkale/Bahşılı (Sarı Divrek)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
Ç1	Kırıkkale/Çelebi (On Dilim)		
Ç2	Kırıkkale/Çelebi (Sarı Divrek)		
D1	Kırıkkale/Delice (Kokulu kavun)		
D2	Kırıkkale/Delice (Çikolata kavun)		
D3	Kırıkkale/Delice (Çakırhacılı)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
D4	Kırıkkale/Delice (Polatlı kavunu)		
D5	Kırıkkale/Delice (Beyaz kavun)		
D7	Kırıkkale/Delice (Ankara mühürlü kavun)		
+ -3+ = 17=D9	Kırıkkale/Delice (Yeşil kavun)		
D11	Kırıkkale/Delice (Çikolata kavun)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
D12	Kırıkkale/Delice (Sarıcalı kavun)		
D14	Kırıkkale/Delice (Sarım bey kavun)		
K1	Kırıkkale/Keskin (On Dilim)		
K2	Kırıkkale/Keskin (Köy kavunu)		
K3	Kırıkkale/Keskin (Alacalı kavun)		
K5	Kırıkkale/Keskin (Kışlık kavun)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
K6	Kırıkkale/Keskin (Sarı Divrek)		
K7	Kırıkkale/Keskin (Köy kavunu)		
K8	Kırıkkale/Keskin (Kara Divrek)		
K9	Kırıkkale/Keskin (Eski kavun)		
K10	Kırıkkale/Keskin (Divlek kavun)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
K11	Kırıkkale/Keskin (Kaşık kavun)		
Y2	Kırıkkale/Yahşıhan (Köy kavunu)		
Y3	Kırıkkale/Yahşıhan (Ağlı kavun)		
Y4	Kırıkkale/Yahşıhan (Hisarköy kavunu)		
Y5	Kırıkkale/Yahşıhan (Yuva kavun)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
Y7	Kırıkkale/Yahşıhan (Beyaz kavun)		
Y8	Kırıkkale/Yahşıhan (Kara kavun)		
Y9	Kırıkkale/Yahşıhan (Kara kavun)		
S1	Kırıkkale/Sulakyurt (On Dilim)		
S2	Kırıkkale/Sulakyurt (Çankırı kavunu)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
S6	Kırıkkale/Sulakyurt (Kış kavunu)		
S7	Kırıkkale/Sulakyurt (Çilli kavun)		
S9	Kırıkkale/Sulakyurt (On Dilim)		
S10	Kırıkkale/Sulakyurt (Köy kavunu)		
S11	Kırıkkale/Sulakyurt (Dalaman kavunu)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
S12	Kırıkkale/Sulakyurt (Alaaddin kavunu)		
S14	Kırıkkale/Sulakyurt (Portakal kavun)		
KKA1	Kırıkkale/Merkez (Hacılar)		
KKA2	Kırıkkale/Merkez (Pazarcık)		
KRŞ2	Kırşehir (Altınbaş kavunu)		

Genotip	Sörvey edilen konum	Olgunlaşmamış meyve	Olgun meyve
KRŞ3	Kırşehir (On Dilim)		
KRŞ4	Kırşehir (Koçhisar kavunu)		

ÖZGEÇMİŞ

