

T.C.
ERCIYES ÜNİVERSİTESİ
BİLİMSEL ARAŞTIRMA PROJELERİ
KOORDİNASYON BİRİMİ



**İlişki Haritalamasıyla Karpuzda Bazı Önemli Morfolojik Karakterlere
Yönelik Markırların Geliştirilmesi**

Proje No: FOA_11_3671

Proje Türü
Öncelikli Alan

SONUÇ RAPORU

Proje Yürütücüsü:
Prof. Dr. Halit YETİŞİR

Araştırmacının Adı Soyadı
Birimi/Bölümü
Prof. Dr. Nebahat SARI,
Prof. Dr. Osman GÜLŞEN,
Yard. Doç. Dr. Kahraman GÜRCAN,
Doç. Dr. İlknur Solmaz

ŞUBAT 2015
KAYSERİ

TEŐEKKÖR

İliőki Haritalamasıyla Karpuzda Bazı Önemli Morfolojik Karakterlere Yönelik Markırların Geliőtirilmesi adlı projemizi aőağıda adını vereciğimiz kurumların katkısıyla tamamlamıő bulunuyoruz. Çalışmamız Erciyes Üniversitesi Bilimsel Araőtırmalar Biriminin maddi katkılarıyla FOA-11-3671 kodlu projeyle desteklenmiőtir.

Ayrıca Erciyes Üniversitesi ve Çukurova Üniversitesi Ziraat Faköltesi Dekanlıklarına ve diğeri görevlilere organizasyonda yardımlarından dolayı teőekkürlerimizi sunarız.

İÇİNDEKİLER:**SAYFA NO**

ÖZET	1
ABSTRACT	2
1. GİRİŞ.....	3
2. GEREÇ ve YÖNTEM	15
3. BULGULAR	19
4. TARTIŞMA ve SONUÇ	60
5. KAYNAKLAR	62

ÖZET:

Bu çalışmanın amacı ilişki haritalaması yöntemiyle karpuz hatlarında aşağıda listesi verilen önemli bitki karakterleri açısından moleküler markırlar geliştirmek üzere çalışmalara başlamaktır. Çalışılan bitkisel karakterler şunlardır: cinsiyet, meyve ağırlığı, meyve şekli, meyve kabuğu zemin rengi, meyve kabuğunda çizgilerin varlığı ve genişliği, meyve et rengi, meyve eti sertliği, tohum büyüklüğü, tohum kabuğu zemin rengi ve yan dal sayısıdır. Çukurova Üniversitesi Bahçe Bitkileri Bölümü karpuz genetik kaynaklarında bulunan 259 hat bitkisel materyal olarak kullanılmıştır. Bu hatlardan SRAP markırları üretilerek birbirine benzer bireyler elimine edilmiş ve örnek sayısı 96'ya düşürülmüştür. Bu 96 birey üzerinde SSR, SRAP, RAPD ve POGP markırları yukarıda belirtilen karakterlerle ilişkili markırları belirlemek amacıyla üretilmiş ve analizlerde kullanılmıştır. Ayrıca yukarıda belirtilen bitkisel özellikler Adana ekolojik koşullarında tekerrürlü denemelerle belirlenmiştir. STRUCTURE programıyla üretilen populasyon yapısı dosyası, fenotipik karakterizasyon dosyası ile markır dosyası TASSEL programına yüklenerek ilişkili markırlar belirlenmiştir. Elde edilen markırlar SAS programı kullanılarak geriye regresyon analizine alınmış ve her karakter için 96 hat içerisinde görülen fenotipik varyasyon hem modelle hem de markırla açıklanmıştır. Çalışılan bütün karakterlerin kantitatif (çok gen tarafından kontrol edilen) olduğu tespit edilmiştir. Bu karakterlerle ilgili markır ortalamaları ve regresyon modelleri elde edilmiştir. Bu regresyon modellerini kullanarak markırlar yardımıyla fenotipleri tahmin etmek mümkün olabilir. Ancak bu çalışma bir başlangıç niteliğinde kabul edilmelidir ve çözünürlüğü arttırmayı hedefleyen yeni projelerle desteklenmelidir.

Anahtar kelimeler: ilişki haritalaması, karpuz, SSR, SRAP, TASSEL, STRUCTURE

ABSTRACT:

The objective of this study was to develop markers associating with some important watermelon's traits such as sex expression, fruit weight, fruit shape, rind color, appearance, flesh color and softness, seed size, flowering time and branch number. 259 watermelon lines were obtained from Çukurova University Department of Horticulture. Firstly highly similar lines were eliminated by using NTSYS program and SRAP markers, and 96 distinct ones were selected for further analysis. Then more SRAP markers and RAPD markers were produced and trait data were produced in Adana-Turkey in the field of Çukurova University. In addition POGP markers produced in our previous studies were used for association analyses. Later, population structure data produced by STRUCTURE, SSR, SRAP, RAPD and POGP marker data and fenotype data were loaded onto TASSEL program and analyzed for marker-trait associations for each character. Finally associating markers were used for regression analyses by using SAS program based on backward regression. This provided two things: a regression model explaining variation for the trait and marker means for each trait. It was detected that all traits studied were quantitative. Marker means and regression models were given and estimation of phenotypic performances will be possible by using this models. This study was the first in studying association mapping in watermelon and should be accepted as preliminary in this field of watermelon.

Key words: association mapping, watermelon, SSR, SRAP, TASSEL, STRUCTURE

1. GİRİŞ

1.1. Karpuz Hakkında Genel Bilgi

Karpuz *Cucurbitaceae* ailesinin önemli bir türüdür. *Citrullus* cinsi içerisinde diploid ($2n = 2x = 22$) olan ve Afrika, Orta Asya ve Akdenizde bulunan 4 tür yer alır (Levi ve ark., 2001). *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai türü, kültür (*C. lanatus* var. *lanatus*) ve citron olarak da bilinen yabancı formlarını [*C. lanatus* var. *citroides* (L. H. Bailey) Mansf.] içermektedir. Ancak, kültür formlarının citronları da içerir (Laghetti ve Hammer, 2007). Diğer üç yabancı tür ise *C. colocynthis* (L.) Schrad., *C. eccirrhosus* Cogn. ve son açıklanan *C. rehmi* De Winter'dır (De Winter, 1990). Çok yıllık olan ve 'colocynth' üretiminde de kullanılan *C. colocynthis* Kuzey Afrika, güney batı Asya ve Akdeniz bölgesinde yetişmektedir (Robinson ve Decker-Walters, 1997). Çok yıllık *C. eccirrhosus* (Meeuse, 1962) ve tek yıllık *C. rehmi* (De Winter, 1990) Namibya çöllerinde endemik olarak bulunmaktadır. Afrika *Citrullus* cinsinin orijini (Robinson ve Decker-Walters, 1997), Kalahari Çölü ise *C. lanatus* türünün orijini (Esquinaz-Alcazar ve Gulick, 1983).

Bugün yaygın olarak tüketilen karpuz [*C. lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai] ülkemizde ekonomik değeri oldukça fazla olan bir sebzedir. Türkiye, 139.000 ha alanda yaklaşık 4 milyon tonluk karpuz üretim miktarıyla Dünya'da Çin'den sonra ikinci sırada yer almaktadır (Anonymous, 2012). Ülkemiz, Vavilov tarafından belirtilen önemli bitkisel çeşitlilik merkezlerinden birisidir ve Yakın Doğu ve Akdeniz gen merkezi içerisinde yer alır (Küçük ve ark., 2002). Karpuz Türkiye'de sevilen bir sebze türüdür ve uzun yıllardır bütün bölgelerimizde yetiştirilmektedir. Türkiye karpuz türlerinin orijin merkezinde yer almamasına rağmen özellikle Güneydoğu, Ege, Marmara, Orta ve Akdeniz bölgelerinde meyve büyüklüğü, şekli ve kabuk rengi açısından önemli bir çeşitlilik oluşmuştur. Bu nedenle ikincil gen merkezi tanımına uymaktadır. Oldukça fazla sayıda yöresel tip bulunmaktadır. Örnek olarak Tat, Sürme Hırsız, Beyaz Kışlık, Siyah Kışlık, Gelin, Komando, Halep Karası gibi karpuzlar yöresel olarak Diyarbakır, Şanlıurfa, Mardin, Adıyaman, Adana, Hatay ve Çanakkale illerinde yetiştirilmektedir (Sarı ve ark., 2007). Günümüzde kullanılan ıslah yöntemleri arasında, özellikle sebze ıslahında en çok uygulananlardan birisi heterozis ıslahıdır. F1 hibrit gücü veya heterozis; birinci melez dölkuşağı bitkilerinin, kendilerini meydana getiren ebeveynlerinin ortalamalarından ve ebeveynler arasında üstün olanından büyüklük ve güç bakımından yüksek özellik göstermesi olarak tanımlanmaktadır (Macit, 1972). F1 hibrit çeşitler kendilenmiş hat, çeşit, klon veya F1 melez gibi materyallerin kendi

aralarında melezlenmelerinden meydana gelmektedir. Bu yöntemde farklı lokuslar için mümkün olan en yüksek heterozigotluğun tek bir bireyde toplanmaya çalışılır. Ancak hıyarda, kabak sarı mozaik virüsüne (ZYMV) dayanıklılıkta olduğu gibi bazı lokuslarda çekinik allellerin yanyana gelmesi istenen bir özelliktir (Wai ve Grumet, 1995). Buradan tüm lokuslarda heterozigotluğun istenen bir durum olmadığı ve seleksiyon çalışmalarının hala bir zorunluluk olmasına neden olmaktadır. Bir çok sebze F1 melez çeşitlerin üretimi ve yetiştiriciliği giderek genişlemektedir. Sebzeler içerisinde F1 çeşitlerin en çok kullanıldığı familyalardan birisi kabakgiller, tür ise karpuzdur.

Karpuzda tohum, meyve ve bütün bitki özellikleri tüketiciler, üreticiler ve diğer ilişkili sektörler için çok önemlidir. Tohum büyüklüğü ve rengi karpuz meyvesinde tüketicilerin eğilimini etkileyen özelliklerdendir. Aynı zamanda, çekirdeksiz karpuzlarda gelişmemiş tohumların büyüklüğü de müşterinin eğilimini etkilemektedir. Aynı şekilde siyah veya kahverengi tohumlarda müşteriler tarafından aranan özelliktir. Çünkü tohumda açık renklilik meyvenin yeterince olgunlaşmadığına işaret eden bir özelliktir. Ancak eğer tohumların yenmesiyle ilgileniliyorsa bu durumda farklı renkte tohumlar üzerinde durulabilir. Özellikle tohumu yenecek karpuz açısından kırmızı renkli tohumlar üzerinde durulmaktadır (Zhang, 1996a). Karpuz tohumu, Türkiye’de çok yaygın olmamasına rağmen (Adana, Hatay, Şanlıurfa ve Mardin illeri hariç) bazı ülkelerde önemli bir besin kaynağıdır. Karpuz tohumu başta protein olmak üzere; Ca, P, Mg, K, Zn ve Fe mineralleri ile diğer bazı besinler açısından zengindir (Oyulu, 1977). Çin’de kavurulmuş büyük karpuz tohumu çerezlik olarak kullanılmaktadır. Diğer bir örnek ise egusi tohumlarıdır ve meyvesi yenmemesine rağmen tohumu bazı Afrika ülkelerinde tüketilmektedir.

1.2. Morfolojik karakterlerle ilgili daha önce yapılan genetik çalışmalarından bazıları

1.2.1. Tohum Büyüklüğü

Karpuzda büyük çeşitliliğin görüldüğü özelliklerden birisi tohum büyüklüğüdür. Çok küçükten çok büyüğe kadar tohum bulunabilmektedir. Karpuzda tohum büyüklüğü ile yüksek oranda korelasyon gösteren tohum uzunluğu 4.4 mm ile 16.5 mm arasında değişebilir (Tanaka ve ark., 1995). Tohum uzunluğu genellikle tohum büyüklüğü olarak ölçülmüştür, çünkü uzunluk ve genişlik arasında yüksek korelasyon bulunmuştur (Hawkins ve Dane, 2001). Karpuz tohumları uzunluklarına göre: uzun tohumlar (11.5-16.5 veya 13 mm), orta büyük

(7.5-11.5 veya 10 mm) ve kısa tohumlar (4.5-7.5 veya 6 mm) şeklinde sınıflanabilmektedir. Bu sınıflama çok kesin değildir. Bu nedenle 7.4 mm uzunluk orta gruba girebilir. Hatta domates tohumundan bile küçük (4.5 mm den daha küçük) tohumlar görülebilir (Zhang, 1996b).

Daha önce yapılan bir araştırmada Weetman, (1937) tohum ağırlığı açısından kalıtım mekanizmasını incelemiştir ve bulgular 3:1 segregasyonuna tam uymasa da sonuçların küçük tohumluluğun monogenik olarak dominant duruma yakın olduğunu bildirmiştir. Ancak tohum ağırlığı ve tohum büyüklüğü arasındaki korelasyon önemli bulunmamıştır (Weetman, 1937). Poole ve ark. (1941), hafif ve ağır tohumların orta ve büyük tohum grubuna girdiğini bildirmiştir. Çünkü tohum büyüklüğü genellikle tohum uzunluğu ile korelasyon göstermiştir (Hawkins ve Dane, 2001). Poole ve ark. (1941), yaptıkları kontrollü melezlemelerde tohum uzunluğu ve genişliği arasında yüksek korelasyon bulmuşlardır ($r = 0.913$). Bu korelasyon, diğer araştırmacılar tarafından da doğrulanmıştır (Hawkins ve Dane, 2001).

Poole ve ark. (1941) kısa-uzun, kısa-orta, orta-uzun tohumları araştırmışlardır. Sonuçlar tohum büyüklüğünün digenik olduğunu ve orta ölçülü tohumların hem kısa, hem de uzun tohumlara dominant olduğunu ortaya koymuştur. İki çekinik genin (l ve s) uzun ve kısa fenotipleri belirlediğini ortaya koymuştur. Araştırmacılar s ile l geninin epistatik olduğunu da ortaya koymuşlardır. Bu nedenle aşağıdaki harflendirmeler farklı tohum büyüklükleri için yapılmıştır: LL SS orta, ll SS uzun ve LL ss ile ll ss ise kısa tohumlar. Konsler ve Barham büyük tohumlu bir çeşit (12.7 mm) ile orta tohumlu bir hat (7.4 mm) melezlemiş ve sonuçlar orta boylu tohumun uzun boylu tohuma karşı dominant olduğunu göstermiştir ki bu Poole'un çalışması (1941) ile uyum içerisindedir (Konsler ve Barham, 1958). Shimotsuna (1963) de orta ve uzun boylu çeşitleri melezlediği çalışmasında orta boylu karakterin uzun boylu üzerine dominant ve tek genle idare edildiğini rapor etmiştir.

Bunlara karşın Tanaka ve ark. (1995), Poole (1941) tarafından açıklanan sonuçların yaptıkları çalışmayı açıklayamadığını ortaya koymuştur. Orta boylu genotipleri başka orta boylu genotiplerle melezledikleri çalışmada kendi sonuçlarını açıklayamadıklarını kısa boyluluğun, orta boyluluk üzerine dominant olduğunu ifade etmiştir ki bu sonuç, önceki bulgulara zıttır. Tanaka ve ark.(1995) ilave olarak dominant yapıda kısa boyluluğu kontrol eden *Ti* genini ileri sürmüşlerdir. Zhang ve ark. (1995) küçük domates tohumu tipi karakteri üzerine çalışmışlardır (ortalama 4.4 mm). Büyük boylu ile domates tipi bireyleri

melezledikleri çalışmasında domates tipliliğın uzun boyluluk üzerine kısmi dominant olduğunu belirtmiştir. Daha sonra *ts* sembolü verilmiştir (Güner ve Wehner, 2004).

1.2.2. Tohum kabuk rengi

Karpuz tohumları çeşitli kabuk renklerine sahiptirler. Örneğın beyaz, kırmızı, siyah, kahverengi, yeşil ve kırmızı renkli tohum kabukları olabilmektedir. Bazı tohumlar ise karışık renklere sahiptir. Örneğın kırmızı yanığı ve beyaz tohumlar siyah ve pembe çizgiler içermektedir. Bazı tohumlar ise bir ana renge sahip olurken, başka renkleri de taşıyabilmekte ve sınıflamayı güçleştirmektedir. Bu nedenle araştırmacılar arasında yanlış isimlendirmenin yaygın olması beklenebilir. Bu çelişki nedeniyle yayınlar arasında da çelişkiler olması doğaldır. İlk çalışmalar 1930’larda başlamıştır. Kanda (1931), 13 farklı melezlemeden elde edilen populasyonda tohum özelliklerini incelemiş ve 13 farklı renk sınıfı ortaya koymuştur. 6 temel renk açıklamıştır (beyaz, sarımsı beyaz, kırmızımsı kahverengi, kırmızımsı turuncu, siyah ve sarımsı yeşil). Ayrıca 5 farklı patern ortaya koymuştur (siyah, tohum ucunda siyah nokta, siyah benekli, siyah çizgiler, her iki yüzde kenar taraflarda sarı sonlar ve saf renkler. Ayrıca bu karakterleri açıklayan 7 çift gen olduğunu ileri sürmüştür. Kanda (1931)’nın sonuçları karmaşık olduğundan çok fazla kabul görmemiştir.

McKay (1936) reçellik ve anaçlık citronlarda, kırmızı, yeşil ve kırmızı tohum kabuk renklerinin kalıtımını çalışmıştır. Bu çalışmada hem bronz hem de yeşil rengin kırmızıya baskın olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca bronz ve yeşil rengin bağımsız karakterler olabileceğini belirtmiştir. Poole ve ark. (1941) tarafından bronz için *RR tt WW*, kırmızı için *rr tt WW* kodlaması yapılmıştır. *rr TT WW* ise yeşil renk için önerilmiştir (Poole, 1944). Porter (1937), siyah, bronz ve beyaz tohum kabuklu karpuzları melezlemiş ve çok sayıda faktörünün tohum kabuğının rengini belirlediğini ortaya koymuştur. Sonuçlar siyah rengin, kırmızı, beyaz ve alacalı üzerine baskın olduğunu ortaya koymuştur. 'Pride of Muscatine' çeşidindeki beyaz tohum ucunda bronz rengi bulunmasına rağmen beyaz tohum olarak sınıflandırılmıştır (Wehner, 2008). Özetlenen çalışmalar tohum kabuğının karmaşık bir karakter olduğunu ortaya koymuştur. Çeşitlerin bir kısmı kaybolduğundan bunları çalışmak mümkün değildir.

Poole ve ark. (1941) sistematik olarak siyah, bronz, bronz uçlu beyaz, kırmızı, alacalı, pembe uçlu beyaz tohumlu bireyleri analiz etmiş ve bu tiplerin 3 gen tarafından kontrol edildiğini ileri sürmüştür. Buna göre renkleri *t* ve *w* genleri birlikte belirlemektedir. Siyah

tohum için *RR TT WW*, bronz için *RR tt WW*, alacalı kabuk için *RR TT ww*, beyaz bronz uçlu için *RR tt ww*, kırmızı için *rr tt WW* ve pembe uçlu beyaz için *rr tt ww* kodlamasını yapmışlardır. *TT WW* kodu ise yeşil tohum kabuğu için tasarlanmıştır (Poole, 1944). Dördüncü bir genin de (*d*) siyah benekli karakteri kontrol ettiği ileri sürülmüştür. Buna göre *d* geni modifiye edici gen niteliğindedir ve sadece *RR TT WW* genotipinde ortaya çıkmaktadır. Bu nedenle *RR TT WW DD* siyahtır ve *RR TT WW dd* ise siyah beneklidir (Poole ve ark., 1941).

1.2.3. Tohum kabuğu şekli

Tohum büyüklüğü ve kabuk renginden farklı olarak benekler, çatlama ve desenler gibi farklı kabuk yapısı ve dekorasyonlarına sahip olabilir. Bazı özel tohum tipleri özel tohum karakterlerine sahip olabilir. Çatlamış tohum kabuğunun çekinik bir allel tarafından kontrol edildiği rapor edilmiş ve *cr* olarak kodlanmıştır. Bu allel normal düzgün tohum kabuğuna (*Cr*) çekinik durumdadır (El-Hafez ve ark., 1981). Gusmini ve ark. (2004) egusi tohum tipini kontrol eden yeni bir gen olduğunu söylemiştir. Bu tipte, perikarp tabakası tohumu kaplamakta ve ancak yıkanıp kurutulduktan sonra normal tohum görünümü almaktadır. İlave olarak *eg* geni iki bitkide bulunmuştur (PI490383w ve PI 560006), ki bu gen normal çeşitlerin tohumlarına ('Charleston Gray' ve 'Calhoun Gray' (*Eg*)) karşı çekiniktir.

1.2.4. Meyve şekli

Karpuzda meyve şekilleri yuvarlak, basık ve uzun olabilir. Weetman (1937) 'Long Iowa Belle' (uzun meyve) × 'Round Iowa Belle' ve 'China 23' (herikisi de yuvarlak), ve 'Long Iowa Belle' × 'Japan 6' ve 'Japan 4' (her ikiside yuvarlağa yakın renk) melezlelemerinden elde edilen populasyonlarda meyve şekillerini çalışmıştır. Bu çalışmada, uzun meyve şeklinin (*OO*) yuvarlak meyve şekline (*oo*) kısmi baskın (incomplete) olduğunu ortaya çıkarmıştır. Heterozigotlar (*Oo*) basık ve uzun karpuzların arasında yer almıştır (semi-long) (Weetman, 1937). Poole ve Grimball (1945) *LY*, *Peerless* × *Baby Delight*, ve *Northern Sweet* × *Dove* çeşitleri arasında yaptıkları melezleme çalışmalarından elde edilen populasyonda da bu sonuçları doğrulamıştır. Bugüne kadar meyve şekline ilişkin moleküler markır rapor edilmemiştir.

1.2.5. Meyve eti rengi

Karpuz meyvesi, meyve et rengi bakımından büyük varyasyon göstermektedir. Kırmızı, turuncu, sarı, yeşil ve beyaz renkler görülmektedir. Kırmızı, turuncu ve sarı renkli meyve eti insan sağlığı üzerine önemli etkileri olan pigmentlerden oluşmakta ve karotenoidler ile tetraterpenleri içermektedir (Tadmor ve ark., 2004a). Kırmızı etli meyveler yüksek konsanrasyonda likopen içermektedir (kırmızı renkli karotenoid) ve düşük düzeyde beta karoten içermektedir. Somon renkli karpuzlar düşük düzeyde likopen öncülleri ve kanarya sarısı karpuzlar ise çok az düzeyde lutein ve beta-karoten içermektedir. Beyaz etli karpuzlar ise hiç karotenoid içermezler (Tadmor ve ark., 2004b). Meyve etiyle ilgili yoğun çalışmalar yapılmış ve bazı önemli genler bulunmuştur. Bunlar skarlet kırmızısı, mercan kırmızı, turuncu, somon, kanarya sarısı ve beyaz renkliliği kontrol eden genlerdir (Gusmini ve Wehner, 2006a, 2006b). Meyve et renginin kalıtımının anlaşılması çok önemlidir. Örneğin karpuzda meyve et rengi karoten içeriği ve tetraterpenler ile yüksek korelasyon göstermektedir. Likopen ise ana renk maddesidir ki bu insan sağlığına çok yararlıdır. Yapılan son çalışmalarda likopenin antikansorejen etkileri rapor edilmiştir (Oms-Oliu ve ark., 2009). Meyve et renginin kalıtım mekanizmasının anlaşılması tüketiciler tarafından talep edilen yüksek düzeyli likopen içeren çeşitlerin geliştirilmesine yardım edecektir.

Meyve et rengi 1930'lerden beri çalışılmıştır. *y* adı verilen tek bir lokustaki 3 allel karpuz et renginden sorumludur, mercan kırmızısı (*Y*), turuncu (*yo*) ve somon (*y*) et renkleri. *Y* alleli, *y* ve *yo* üzerine baskın bir alleldir (Henderson ve ark., 1989, 1998). *Scr* ise koyu kırmızı renkli skarlet kırmızısını kontrol eden gen için kullanılmıştır. Skarlet kırmızısı mercan kırmızısı üzerine baskındır. Bu nedenle, Gusmini ve Wehner (2006a), skarlet kırmızı çeşit 'Dixielee' ve 'Red-N-Sweet'in genotipinin *ScrScrYY* olduğu, mercan kırmızı çeşit 'Angeleno Black Seeded' in ise *scrscrYY* genotipinde olduğu sonucuna varmışlardır. Ancak *Scr*'nin *Y* lokusunun diğer bir alleli olduğu ihtimali ortadan kalkmamıştır ve bu konuda daha fazla çalışma gereklidir.

Kanarya sarısı meyve et renginde ise *C* lokusu (örneğin 'Honey Cream' ve NC-517, *c* alleli ise 'Dove' çeşidinde)'nın rol oynadığı belirtilmiştir (Henderson ve ark., 1998). İlişkili gen *i-C*'in ise kanarya sarısının inhibitörü olduğu belirtilmiştir (Rhodes ve Dane, 1999).

Lou (2009), meyve et renginin kalıtımını çalışmak amacıyla çeşitli melezlemelerden elde ettikleri populasyonları kullanmışlardır. Ancak çalışılan populasyonlardan ikisinden yararlı sonuçlar alamamışlardır. Bu karakter açısından çalışmada en büyük problemlerden

birisi hasat döneminin tespitindeki güçlüklerdir. 'Tendersweet Orange Flesh' (turuncu) ve 'Red-N-Sweet' (skarlet kırmızısı) melezlemesinden elde edilen farklı populasyonlarda (F1, BC1Pa, BC1Pb ve F2) detaylara bakılmaksızın iki farklı ana meyve et rengi saptanmıştır (sarı veya turuncu ve skarlet veya kırmızı). Bütün F1 bitkileri kırmızı bulunmuştur ki bu sonuç kırmızı rengin turuncu üzerine baskın olduğunu göstermiştir. F2 melezlerinde ise 3 skarlet kırmızı:1 turuncu dağılımı görülmüştür. Bununla birlikte çalışmalarda farklı ara renklerin de gözlemlenmesi çevresel etkilerle uyarılan modifiye edici genlerinde bulunduğunu göstermektedir.

İlk çalışmalar 3 alleli bulunan tek bir lokusun sarı et rengini kontrol ettiğini göstermiştir. *Y* (mercan kırmızı), *yO* (turuncu), *y* (somon). *Y* alleli, *yO* ve *y* allelleri üzerine baskındır (Henderson ve ark., 1998). Skarlet ise mercan kırmızı üzerine baskın olan, ancak yüksek ihtimalle farklı bir lokusta bulunan bir gendir. *ScrScrYY* ise skarlet için verilen koddur ve *scrsrYY* ise mercan kırmızısı için verilen koddur (Gusmini ve Wehner, 2006a). Ancak *Scr*'nin *Y* lokusunun dördüncü alleli olma ihtimali de mevcuttur. Bu ihtimal Lou (2009)'nun çalışmasında ortaya çıkmıştır (3 skarlet : 1 turuncu). *Scr* ise *YScr*, *Y* ise *yCrl* olarak revize edilmiştir. Diğer bir genin (*C*) ise (*C* alleli 'Honey Cream' ve NC-517, *c* alleli ise 'Dove'de), kanarya sarısı meyve et rengini kontrol ettiği belirtilmiş ve kod olarak CC YY I-CI-C verilmiştir. Bu gen, *i-C* allelinin yokluğunda mercan kırmızısı (*cc YY i-Ci-C*) ile epistatik interaksiyon göstermektedir (Henderson ve ark., 1998). Bir ilgili genin (*i-C*) ise kanarya sarısının inhibitörü olduğu belirtilmiştir (Rhodes ve Dane, 1999). Sonuç olarak meyve et rengini kontrol eden 4 allel şunlardır: *YScr* (skarlet kırmızı), *yCrl* (mercan kırmızı), *yO* (turuncu), *y* (somon), *C* (kanarya sarısı). Bu allelerin tamamı için projemiz kapsamında kullanılacak populasyonumuzda yeteri sıklıkta bulunması halinde moleküler markır bulunabilir.

1.2.6. Kabuk desenleri

Karpuz kabuğu çizgili veya düz renkli olabilmektedir. Örneğin, 'Black Diamond' düz koyu yeşil, 'Peacock Shipper' düz normal yeşil, 'King&Queen' düz açık yeşil, 'Charleston Gray' gri ve 'Royal Golden' altın renkli meyvelere örnek olarak verilebilir (Güner ve Wehner, 2004; Gusmini ve Wehner, 2006a, 2006b). Çizgiler dar, orta ve geniş olabilmektedir ve çizgi renkleri ise koyu yeşil, orta ve açık yeşil olabilmektedir. Çok dar çizgiler de olabilmektedir. Bantlar renk farklılığına göre belirlendiği için bazı durumlarda çizgiler karıştırılabilir.

Burada koyu renkli olanları çizgi olarak isimlendirilmektedir ki bu kabuk altındaki iletim demetlerinin sınırlarını da kapsadığı gözlemlerle uyum içerisindedir (Korn, 2007). İlk çalışmalarda Porter (1937) ve Weetman (1937) *g* lokusunda 3 allelin varlığını rapor etmişlerdir: düz koyu yeşil renk için *G*, bantlı *gs* ve gri için *g* olarak belirlenmiştir. Düz koyu yeşil renk (*G*) çizgili (*gs*) tipe ve gri (*g*) tipe baskındır. Çizgili tip düz koyu yeşil renge karşı çekinik olmasına karşın gri (*g*) tipe baskındır. *G* genotipi için 'California Klondike', *g* için 'Thurmond Gray' ve *gs* için ise 'Golden Honey' çeşitleri örnek olarak verilebilir. Bununla birlikte çizgi genişlikleri, çizgi renkleri ve çizgi altyapı rengi için bir çalışma bulunmamaktadır. Yukarıda özetlenen morfolojik karakterlerle ilgili karakter ve çevre arasındaki interaksiyonlar ise incelenmemiştir.

1.2.7. Fenotip ve Moleküler İşaretleyiciler

Morfolojik ve moleküler çalışmalar ile genotiplerin tanımlanması ve sınıflandırılması yanında önemli agronomik özellikler için markırların belirlenmesi ıslah çalışmalarında zaman kazanmak açısından çok büyük önem taşımaktadır. Moleküler markırlar temelde farklı uzunluktaki DNA parçalarıdır ve birbirine bağlı iki lokusun ne kadar yakınlıkta oldukları moleküler markırların kalıtlarının gözlenmesiyle ölçülebilir (Skot, 2003). DNA markırları, markır destekli seleksiyon çalışmalarında her sorunun çözümü olmasa da ıslah programlarına kattığı güç büyüktür. 1990'lı yılların başlarından beri DNA teknolojisi klasik ıslah programlarında kullanılmaktadır. Domateste bir çok dayanıklılık geni (*cf-2*, *cf-4*, *cf-5*, *cf-9*, *sw-5*) tespit edilmiştir. Bu konuda sebze ve tahıllarda çok sayıda çalışma yapılmıştır. Domateste meyve ağırlığı için F2 haritalama populasyonu kullanılmasıyla domatesin 2. kromozomunun bir bölgesinde bir adet QTL belirlenmiştir (Albert ve Tanksley, 1996). Kavunda *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*'e dayanıklılık geni olan *Fom-1*'e ve papaya ring spot virüsüne dayanıklılık genine bağlı markır elde edilmiştir (Brotman ve ark., 2005).

Karpuzda markır bulmaya yönelik çok az sayıda çalışma yürütülmüştür. Hashizume ve ark. (2003) RAPD, RFLP ve ISSR markırlarını kullanarak 120 bireyden oluşan bir F2 populasyonunda bağlantı haritası oluşturmuştur. Bu harita 11 kromozoma işaret ettiği düşünülen bağlantı gurubu içermektedir ve 2384 cM'lık bir bağlantı uzunluğuna sahip 554 markırdan oluşturulmuştur. Aynı çalışmada 60 bireyden oluşan BC1 populasyonunda ise aynı markırlar kullanılarak 1729 cM uzunluğunda bir başka harita oluşturulmuştur. İnterval haritalama yöntemini kullanarak meyve kabuğu sertliği, meyve suyu kuru madde oranı, meyve eti rengi ve kabuk rengi için markırlar bulunmaya çalışılmış ve her iki populasyonda

da markırlar aynı sırada yer almışlardır. Çalışılan beş karakterden 4'ü kantitatif (çok gen) olarak kontrol edilirken bir adedi ise tek gen tarafından kontrol edildiği tespit edilmiştir. Kabuk sertliği için 4. kromozomda, kuru madde oranı için 8. kromozom, meyve eti rengi için ise 2 ve 8. kromozomlarda lokuslar bulunduğu tespit edilmiştir. Kabuk rengi için ise 3. kromozomda lokus bulunmuştur. Hashizume ve ark. (2003) tarafından yürütülen çalışmada kabuk sertliği açısından toplam varyasyonun sadece %28, kuru madde için %18, kabuk rengi açısından toplam varyasyonun %32'ni açıklayan ve meyve eti rengi için ise toplam varyasyonun %55 ve 35'ini açıklayan markırlar bulunmuştur. Hashizume ve ark. bu çalışmayla ilgili markır primer ve sekans bilgilerini ise yayınlarında açıklamamışlardır. Bu çalışmada 554 markır üretilmesine rağmen çok az oranda ilişkili markır bulunabilmesinin önemli sebebi çalışmada kullanılan ana-babanın ilgili bütün lokuslar için polimorfizm tespit edilememesi olabilir. Çin'de Fan ve ark. (2000) tarafından yürütülen bir başka çalışmada ise 3 karakter için markır bulunduğu belirtilmesine rağmen detayları belirtilmemiştir. Sonuç olarak önemli karpuz karakterleriyle yapılan markır geliştirme çalışmaları yetersizdir.

SSR (simple sequence repeat) primerleri, genomda tekrarlanan bölgelere özgü spesifik primer sentezlenmesi ile oluşturulurlar ve PCR'a dayalı çalışırlar. Metod bölümünde açıklandığı gibi karpuz ve yakın akraba kabakgillerde kaydadeğer sayıda SSR primeri geliştirilmiştir. Sunulan proje çerçevesinde bu primerler değerlendirilmiştir. SRAP (sequence related amplified polymorphism), Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilmiş bir moleküler markır sistemidir. PCR temelli bir sistem olan SRAP, iki primer kombinasyonu (forward ve reverse) şeklinde çalışır. Primerler, 17-18 nükleotitten meydana gelmekte ve bunlardan bir tanesi forward diğeri ise reverse olarak adlandırılmaktadır. Bu primerlerde 13-14 nükleotitten oluşan bir çekirdek sekans kısmı ve bunu takip eden 3 seçici nükleotitten oluşan bölüm bulunmaktadır. SRAP primerleri genomun fonksiyonel kısımlarını hedef aldığından teorik olarak, RAPD ve AFLP gibi sistemlerden daha üstündür (Li ve Quiros, 2001). Kabaklarda genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan SRAP primerleri AFLP primerlerinden daha etkili bulunmuştur (Ferriol ve ark., 2003). Sıcak iklim çim bitkisi olan Buffalograss için yapılan çalışmada farklı bölgelerden seçilen buffalograss populasyonları arasındaki farklılık, SRAP primerleri kullanılarak tesbit edilmiştir (Budak ve ark., 2004). Henüz bitirip yayınladığımız bir genetik haritalama çalışması ile, SRAP ve SSR markırlarının genoma dengeli bir şekilde dağıtıldığını ortaya koyulmuştur (Gülşen ve ark., 2010).

Moleküler markırlar, fenotipteki bir özelliğin genetik analizi ve genomda moleküler haritasını oluşturmak için kullanılır. İnsan zekası, meyve ağırlığı, verim gibi morfolojik özelliklerin altında yatan genetik varyasyonlar bir çok kantitatif özelliğin dağılımı sonucu oluşur. Her biri toplam varyasyonun bir bölümünü açıklayan QTL'lerin ekspresyonu, diğer genlerle interaksyonları ve çevre etkisiyle olur (Paran ve Zamir, 2003). Genetik haritalamanın amacı da kantitatif özelliklerin altında yatan gene fiziksel olarak yakın, büyük oranda genle birlikte hareket eden ve kalıtımı basit olan markırları tespit etmektir. Herhangi bir özelliğin oluşmasında rol oynayan geni ya da ona yakın markırın tesbit edilmesi ve klonlanmasında QTL haritalaması çok kullanılan bir yöntemdir (Ross- Ibarra ve ark., 2007). QTL haritalaması ile birçok başarılı çalışma yapılmıştır. Bu çalışmalar haritalama populasyonlarında yapılan bağlantı analizlerine bağlıdır ve ebeveynlerin performanslarıyla sınırlandırıldığından birçok bitkide yapılan genetik analiz çalışmalarına sınırlama getirmektedir (Gupta ve ark., 2005). İslah çalışmalarında haritalama populasyonları morfolojik özelliği kontrol eden genlerin belirlenmesinde kullanılan araçlardır. F2 populasyonları ve inbred rekombinant hatlar (RIL), F1 populasyonları, geriye melezleme populasyonları ve katlanmış haploid hatlar haritalama çalışmalarında kullanılan populasyonlardır (Ersöz ve ark., 2009). Bitkilerde 10-30 cM bölgesindeki QTL'lerin haritalanmasında saf hatlar başarıyla kullanılmaktadır (Albert ve Tanksley 1996). Bu çalışmada da belirlenen morfolojik karakterler için QTL'ler belirlenmeye çalışılmıştır.

Ancak özellikle gençlik kısırlığı süresi uzun olan çok yıllık bitkilerle kendine döllen bitkilerde ve sadece vegetatif üretim metoduyla üretilen bitkilerde haritalama populasyonu oluşturmanın zorlukları nedeniyle QTL haritalamasının uygulanmasında zorluklarla karşılaşmaktadır. QTL analiz yönteminin bazı sınırlamalarını aşabilmek için bu çalışmalara alternatif yaklaşımlar araştırılmaktadır. Bunlardan bir tanesi de fenotipten sorumlu olan genetik bölgenin tesbitinde linkage disequilibrium (LD) kullanma temeline dayalı ilişki analizleridir (Gupta ve ark., 2005) ve bir bitkinin gen havuzunu herhangi bir melezleme yapmadan direkt olarak QTL haritalamasında kullanabilmenin tek yolu ilişki haritalamasıdır (İH: association mapping) (Iwata ve ark., 2007).

1.3. İlişki Haritalaması (İH) ve bitkilerde uygulamaları

İH veya bağlantı eşitsizliği (linkage disequilibrium mapping veya association mapping) yaklaşımı kompleks veya basit mekanizmalı karakterleri aydınlatmada yeni

yaklaşımlardan birisidir (Ersöz ve ark., 2009). İlişki haritalaması populasyon seviyesinde tarihsel süreç içerisinde yaşanan rekombinasyon (kros-over) olaylarına dayalı olarak yüksek çözünürlük sunan bir yaklaşımdır. Çok yoğun çalışılmayan organizmalarda da başarı ile kullanılan bir yöntemdir (Nordborg ve Tavaré, 2002). İH, önemli karakterlerin mekanizmasını ve yakın markırları bulmak amacıyla ebeveynlerde görülen rekombinasyon olaylarını ve doğal genetik çeşitliliği kullanır ve iki lokus arasındaki bağlantı eşitsizliğini temel alır. İH, iki bağımsız lokustaki allelelerin rasgele olmayan biçimde birlikte hareketi olarak tanımlanır. Moleküler markır polimorfizmleriyle karakter farklılıklarının korelasyonunu populasyon bazında değerlendirir (Oraquzie ve ark., 2007). Bağlantı tabanlı genetik haritalamaların (linkage mapping) aksine, küçük etkileri olan genleri haritalamada da son derece etkili bir yöntemdir (Hirschhorn ve Daly, 2005). Bağlantı haritalaması kontrollü melezlemelerden elde edilmiş ya da pedigrisi bilinen populasyonlarda kullanılırken ilişki haritalamasında akraba olmayan bireyler kullanılır.

Herhangi bir morfolojik özelliğin haritalanmasında, haritalama populasyonları (geriye melezleme populasyonları, F1 populasyonları, katlanmış haploid populasyonlar) yerine doğal populasyonların kullanılması temeline dayanan İH, daha önceki yıllarda insanlarda Alzheimer ve kistik fibrosis hastalıklarının haritalanmasında (Goldstein, 2003) uygulanmıştır. İH, son yıllarda bazı bitkilerde de kullanılmaya başlamıştır. Mısır bitkisinde (*Zea mays*) yapılan bir çalışmada, dwarf8 geni ile çiçeklenme zamanı ve bitki boyu arasında bir ilişki olup olmadığını belirlemek amacıyla SSR primerleri ile 92 mısır hattı analiz edilmiş ve sonuçta dwarf8 geni ile çiçeklenme zamanı arasında bir ilişki olduğu ancak bitki boyu ile dwarf8 geni polimorfizmi arasında bir ilişki olmadığı belirtilmiştir (Thornsberry ve ark., 2001). Palaisa ve ark. (2004) ise mısırlarda karoten içerikleri ile ilgili çalışma yapmıştır. Bu çalışmaların tamamında çok çeşitli mısır hatları materyal olarak kullanılmıştır. Buğdayda ise tane iriliği ve un kalitesi ile ilgili yapılan bir çalışmada 149 çeşit kışlık buğday, SSR primerleri ile analiz edilmiş ve tane iriliği ile SSR markırları arasında önemli bir ilişkinin olduğu tesbit edilmiştir (Brescghello ve Sorrels, 2006). Bu çalışmada gen havuzlarında bulunan ve en az akrabalık derecesine sahip 95 buğday çeşidi kullanılmıştır. Populasyon yapısı ise 36 bağlantılı olmayan SSR markırın STRUCTURE programıyla analizi sonucunda ortaya konmuştur. Buğday hekzaploid yapıda olmasına rağmen 95 buğday çeşidi kullanılmıştır. Arpada yapılan bir çalışmada ise, 146 arpa çeşidi ve 236 AFLP markırı ile yapılan çalışmada 18-20 markırın arpada verim ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir (Kraakman ve ark., 2004). Arpada yapılan bir

başka İH çalışmasında ise su stresi ve küllemeye dayanıklılık ile moleküler markırlar arasında ilişki bulunmuştur (Ivandić ve ark., 2003). Arpada RFLP markırları ile yapılan İH’da başaklanma zamanı ile bazı RFLP markırları arasında da önemli bir ilişki bulunmuştur (Igartua ve ark., 1999). Patateste, Simko ve ark. (2004) yaptığı İH’da *Verticillium solgunluğuna* (*Verticillium dahliae*) dayanıklılık ile bir moleküler markır arasında ilişki bulunmuştur. Henüz bitirdiğimiz bir çalışmada (Mutlu ve ark. 2008) Türk İncir Genetik Kaynaklarında bulunan doğal incir populasyonlarında cinsiyet, meyve rengi, erkencilik ve meyve eni-boyu ile ilgili markırları bulmak için kullanılmıştır. Çalışmada Erbeyli İncir Araştırma Enstitüsü (Aydın)’nde bulunan 47 erkek ve 49 dişi birey (erkek/dişi karakter haritalaması için) ve 96 adet dişi birey partenokarpi, meyve rengi ve erkencilik/geççilik, meyve ağırlığı, meyve eni/boyu karakterlerinin haritalaması için bitki materyali olarak kullanılmıştır. Birbirine zıt fenotiplerdeki incir genotipleri bulked segregant analizine (BSA) benzer bir uygulama ile SRAP, ISSR, SSR ve RAPD moleküler markırları taranmıştır. Karakterlerle ilişkili markırların bulunabilmesi için erkek/dişi populasyonu için 150 ve meyve rengi populasyonu için 157 olmak üzere toplam 307 moleküler markır oluşturulmuştur. İlişkilendirme analizi populasyon yapısını dikkate alan General Linear Model (TASSEL GLM-Q) ile yapılmıştır. İlk populasyonda beş markır erkek/dişi fenotipi açısından toplam varyasyonun %77’sini açıklamıştır. İkinci populasyonda ise iki markır partenokarpi özelliği açısından gözlenen varyasyonun %25, ve yaklaşık beş markır meyve dış ve iç rengini %40-48 oranında açıklayabilmiştir. Kısaca İH yaklaşımı daha önce karpuz hariç bazı türlerde kullanılmıştır.

Bitkilerde, İH kullanılarak gen adayları çalışması ve bütün genom çalışması olarak iki şekilde yapılabilir. Birinci yaklaşımda aday genler ya da yakın markırlar mevcutsa bu gen ile morfolojik özellik arasındaki ilişki araştırılır. Bütün genom taramasında ise bütün genomdan örneklenen markırlar ile fenotip arasında ilişki aranılır. Yukarıda özetlediğimiz incir çalışması, bütün genom taramasına örnektir. Aday gen yaklaşımı ise daha önceki bazı çalışmalarda kullanılmıştır (Szalma ve ark., 2005). İkinci yaklaşımı kullanan çalışmalar yürütülmüştür. Skot (2005) bir çim bitkisi olan ingiliz çimi (*Lolium perenne* (L.))’de de çiçeklenmeyi kontrol eden genomik bölgeyi bulmak ve yakın markırları geliştirmek amacıyla 23 populasyon kullanılmış ve bu bitkilerden 598 polimorfik bant kullanılmıştır. Tek bir markır çiçeklenme dönemindeki varyasyonun %70’ini açıklayabilmiştir. İH’nın karpuzda da başarılı olması beklenebilir.

2. GEREÇ VE YÖNTEM

2.1. Bitkisel Materyaller

Bu çalışma kapsamında Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümünde Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanmış ve 4-6 defa kendilenerek saflaştırılmış genotipler içerisinde, nitelikli özelliklere sahip olan 250 adet karpuz hattı arasından daha önce yürüttüğümüz bir proje çerçevesinde seçilen 96 hat kullanılmıştır. Bu hatlar genetik olarak birbirinden en farklı bulunan hatlar olarak seçilmiştir.

2.2. Morfolojik Karakterizasyon

Bu amaçla morfolojik ölçüm ve gözlemler Adana'da bulunan Çukurova Üniversitesi Araştırma ve Uygulama alanlarında gerçekleştirilmiştir. Tohumlar 2:1 torf perlit ortamına ekilmiş, fideler 2 gerçek yapraklı aşamaya geldiğinde alçak tünel altına 2 m x 0.5 m aralıklarla her tekerrürde 7 bitki olacak şekilde 3 yinelemeli olarak dikilmiştir. Bitkiler damla sulama yöntemi ile toprak ve bitki gözlemlerine göre sulanmıştır. Yetiştiricilik döneminde 18 kg/da azot, 20 kg/da fosfor ve 18 kg/da potasyum verilmiştir. Gübreleme fertigasyon şeklinde yapılmıştır. Gübreler eşit parçalara bölünmüş ve meyveler 8-10 cm çap büyüklüğüne eriştiğinde tamamı verilmiştir. Hastalık ve zararlıların (özellikle yaprak biti ve kırmızı örümcek) çıkma durumuna göre kimyasal yolla mücadele yapılmıştır.

2.2.1. Bitkide Yapılacak Gözlemler

Dikimden bir ay sonra bitkilerde aşağıdaki gözlemler yapılmıştır:

Erselik çiçekler (var, yok)

Dişi çiçek açma zamanı (tohum ekiminden itibaren bitkilerin %50'sinde en az bir dişi çiçek olduğu zaman geçen gün sayısı olarak yapılmıştır).

Yumurtalığın iriliği (çap ve yüksekliği) dijital kumpas ile ölçülmüştür.

Yumurtalığın tüylülüğü (seyrek, orta, yoğun)

Yan Dal Sayısı (adet): Açık tarla koşullarında dikimden bir ay sonra bitkilerdeki yan dal sayılarak yapılmıştır.

Bitki başına verim: Her parseldeki toplam verim bitki sayısına bölünerek elde edilmiştir.

2.2.2. Meyvede Yapılacak Gözlemler

Bu özellikler olgun meyvede gözlemlenmiştir.

Meyve ağırlığı (g): Her genotipte en az 3 meyve tartılacak ve ortalama değer meyve ağırlığı olarak alınmıştır.

Meyve Çapı (cm): Her genotipte en az 3 meyvenin ekvator kısmında ölçülerek belirlenmiştir.

Meyve Yüksekliği (cm): Her genotipte en az 3 meyvede sap çukuru ile çiçek burnu arası ölçülerek tespit edilmiştir.

Meyve İndeksi: Meyve yüksekliği meyve çapına oranlanarak hesaplanmıştır.

Kabuk Kalınlığı (mm): Boyuna kesilen meyvelerin 3 farklı noktasından ölçülerek belirlenmiştir.

Kabuk zemin rengi (beyaz, sarı, yeşil)

Çizgiler (yok, var)

Çizgilerin genişliği (cm): Meyvenin ekvator kısmında ölçülerek belirlenmiştir

Meyve Eti Sertliği (Nt): Her genotipten 3 meyvede, meyvenin orta kısmında iki farklı noktada penetrometre ile belirlenmiştir.

Suda Çözünebilir Kuru Madde Miktarı (%): Her genotipten 3'er adet meyvenin her birinden 1'er dilim meyve etinin suyu sıkılıp süzöldükten sonra, 3-5 damlası el refraktometresinde okunmuş ve S.Ç.K.M değeri (%) olarak belirlenmiştir.

2.2.3. Tohumda Yapılacak Gözlemler

Tohum büyüklüğü uzunlamasına dijital kumpas ile ölçülmüştür.

Kabukta zemin rengi (beyaz, krem, yeşil, kırmızı, kızıl kahve, kahverengi, siyah)

2.3. Moleküler Karakterizasyon

2.3.1. DNA izolasyonu:

Moleküler karakterizasyon çalışmalarında DNA izolasyonu için bitkilerin sürgün uçları kullanılmıştır. Bunun için her genotipten 5'er bitki ekilmiş ve hasat döneminde o hattı temsil eden bir tek bitkiden DNA izolasyonu için örnek alınmıştır. Toplanan örnekler izolasyon yapıncaya kadar -20°C'de saklanmıştır. Tarafımızca modifiye edilmiş Doyle ve Doyle (1987) CTAB toplam DNA ekstraksiyon protokolü kullanılmıştır. 30 mg genç bitki dokusu kullanılmıştır. İki kez kloroform:octanol arındırma işlemine tabi tutulmuştur. Elde edilen DNA çökeltisi 300 µl TE (10 mM Tris, 0.1 mM EDTA, pH 7.4) ilave edilmiştir. Çökelti tamamen çözünene kadar oda sıcaklığında gece boyunca veya 65 °C'de 60 dk boyunca bekletilmiştir. Örneklerden RNA'lar arındırıldıktan sonra elde edilen DNA çökeleğine 200 µl TE (10 mM Tris, 0.1 mM EDTA, pH 7.4) ilave edilmiştir. DNA konsantrasyonu spektrofotometre ve agaroz jel ile ölçülerek 10 ng/µl olacak şekilde çift destile suyla ayarlanmıştır.

2.3.2. Moleküler karakterizasyon:

Seçilecek popülasyonda SSR markırları kullanılarak genotipleme çalışmaları yapılmıştır. Ayrıca daha önce yürütülen bir çalışma çerçevesinde elde edilen SRAP markır verileri analizlerde kullanılmıştır.

2.3.3. SSR İşaretleyicileri ile genotipleme çalışması

Primers (Katzir ve ark., 1996)

		İleri primer	Ters primer
<i>CMTC13</i> (TC) 12(CG)5(AG)3		TGGATGGATAAGGTGGTAAG	TTCCCCTAGTCGCTCTCT
<i>CMCT58</i> (CT)2CC(CT)5 C(CT)T(CT)		CTTCAGCCTTAGCCCCTACT	TTCATTCTCCCACGTAGCT
<i>CMAG59</i> (GA)2A(AG)8		TTGGGTGGCAATGAGGAA	ATATGATCTTCCATTTCCA
<i>CMGA127</i> (GA)I 3A(GA)2		GAACCTAAGACTCTCCAATTAA	ATGTCCCTAACTGCCAAACATA
<i>CMGA128</i> (GA) 10AA(GA)2		ATGAAGAAGGGATATTCAAAG	ACTCCATTGTTGCTAACCTTT
<i>CSLHCPA</i> (GA) 8		TTCTCCATGTTTGGATTCTTT	ACCACAAATAATAATTCAACA
<i>CSHPRAG</i> (AT) 7(N) 37(AT) 13		GTTTAACTCAATCCAACCTCAA	CGAAACATTCATAACTCTACTTACT

Ayrıca Watcharawongpaiboon ve Chunwongse (2008) ve Danin-Poleg ve ark. (2001) tarafından geliştirilen ve karpuzlarda başarılı bulunan 72 adet SSR primeri kullanılmıştır. Böylece toplamda 79 SSR primer kombinasyonu kullanılmıştır. Sekans bilgileri ilgili yayınlarda mevcuttur. SSR çalışmasında PCR ürünlerinin fragmentasyon işlemi ise proje çerçevesinde satın alınan LICOR elektroforez sistemiyle yapılmıştır.

2.4. Verilerin STRUCTURE ve TASSEL programları ile analizi

2.4.1. Populasyon yapısının belirlenmesi

Oluşturulacak markırlarla herbir karakter (çiçek yapısı, tohum kabuğu rengi, meyve şekli gibi) açısından TASSEL programını kullanarak ilişki analizini yapabilmek için önce populasyon yapısının ortaya konulması gereklidir. Bunun için SAS 8.2 programı kullanılarak markırlar korelasyon analizine tabi tutulmuştur. Korelasyon analizi sonucunda birbiriyle korelasyon göstermeyen markır Q matrix oluşturmak için Structure programı (Pritchard ve ark., 2000) kullanılarak analiz edilmiştir. Structure programı, populasyonun yapısını analiz ederek populasyonun oluşturan bireyleri alt populasyonlara ayırarak Q matrix oluşturur. Structure programı ile yapılan analiz sonucunda her populasyon için karpuz hatlarının üyelik katsayıları ortaya çıkar. Bu populasyon dosyaları TASSEL programında kullanılmıştır.

2.4.2. Moleküler markır-karakter ilişki analizi (İH)

Çalışılan karakterlerle polimorfik bantların ilişkisini hesaplamak için structure programında oluşturulan Q matrix kullanılarak, TASSEL programındaki “fixed effect general linear model” kullanılmıştır. İşaretleyici-karakter ilişkisinin kabul edilebilir olabilmesi için önem değerinin 0.05 veya altında olması aranmıştır ($p < 0.05$). Her markır ile karakter arasında üç farklı istatistiksel analiz yapılmıştır: Single Factor Anova p-değeri, permutation based P değeri ve populasyon yapısı (Q matrix) dikkate alınarak bulunan P değeri hesaplanmıştır. Kümülatif R^2 değerini hesaplamak için TASSEL GLM- Q analizinde önemli bulunan markırlar SAS programıyla ileri ve geri stepwise regresyon analizine tabi tutulmuştur.

3. BULGULAR

3.1. Morfolojik karakterizasyon

Morfolojik ölçüm ve gözlemler Adana’da bulunan Çukurova Üniversitesi Araştırma ve Uygulama alanlarında gerçekleştirilmiştir. Tohumlar 2:1 torf perlit ortamına ekilmiş, fideler 2 gerçek yapraklı aşamaya geldiğinde alçak tünel altına 2 m x 0.5 m aralıklarla her tekerrürde 7 bitki olacak şekilde 3 yinelemeli olarak dikilmiştir. Bitkiler damla sulama yöntemi ile toprak ve bitki gözlemlerine göre sulanmıştır. Yetiştiricilik döneminde fertigasyon şeklinde 18 kg/da azot, 20 kg/da fosfor ve 18 kg/da potasyum verilmiştir. Gübreler eşit parçalara bölünmüş ve meyveler 8-10 cm çap büyüklüğüne eriştiğinde tamamı verilmiştir. Hastalık ve zararlıların (özellikle yaprak biti ve kırmızı örümcek) çıkma durumuna göre kimyasal yolla mücadele yapılmıştır. Yabancı ot kontrolü dikimden önce herbisit kullanılarak yapılmış, fakat yine çıkan yabancı otlar ile mekanik yolla mücadele edilmiştir.

Bitki de bulunan yan dal sayısı bitkinin gücünü gösterdiği için belirlenen karakterlerden birisi olmuştur. En yüksek yan dal sayısı 20.11 adet/bitki olarak sayılırken, en düşük yandal sayısı 9.56 adet/bitki olmuştur. Bütün genotiplerin ortalaması ise 13.66 adet/bitki olarak hesaplanmıştır. Yumurtalığın büyüklüğü meyve büyüklüğü ile korelatif olduğu için yumurtalık boyu ve çapı belirlenmiştir. En uzun yumurtalık 19.91 mm olarak ölçülürken, en kısa yumurtalık uzunluğu 10.57 mm olarak belirlenmiştir. Ortalama yumurtalık uzunluğu ise 13.31 mm olmuştur. Benzer şekilde yumurtalık çapı da ölçülmüştür. Yumurtalık çapı 6.36 mm ile 12.01mm arasında değişmiştir. Ortalama yumurtalık çağı ise 9.49 mm olmuştur. Yumurtalığı tüylülük durumu belirlenmiştir. Bütün genotiplerin yumurtalıkları yoğun bir şekilde tüy oluşturmıştır (Şekil 3.1). Karpuz genotiplerinin 73 tanesinde erselik çiçek tespit edilirken, 18 tanesinde erselik çiçek tespit edilmemiştir. Bitki başına verim 1 kg ile 4.5 kg arasında değişmiştir. Ortalama bitki başına verim 2.64 kg olarak belirlenmiştir (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Bitki başına yan dal sayısı ve bazı çiçek özellikleri

Genotip no	Yan dal sayısı (adet/bitki)	Yumurtalık yüksekliği (mm)	Yumurtalık çapı (mm)	Tüylülük	Erselik çiçek varlığı	Bitki başına verim (kg/bitki)
2	13.67	13.61	9.4	3	0	2.38
3	13.44	12.86	9.00	3	0	4.05
5	10.67	13.23	9.74	3	1	2.00
6	10.00	11.85	7.82	3	1	2.29
9	15.17	13.14	8.77	3	1	1.76
11	10.83	11.88	9.65	3	1	2.93
12	16.00	11.73	9.66	3	1	2.29

15	13.00	12.69	8.82	3	1	3.25
16	12.44	14.51	10.15	3	1	2.43
18	9.78	12.63	9.12	3	1	3.80
19	12.00	13.20	9.80	2	1	1.50
21	12.11	12.36	9.14	3	1	1.81
27	15.78	11.92	10.06	3	1	2.21
28	12.00	13.52	10.16	3	1	2.31
29	13.56	13.23	8.81	3	1	2.71
35	12.56	13.39	9.14	3	0	2.81
36	18.44	13.09	8.97	3	0	1.67
38	14.78	12.69	9.23	3	1	2.33
39	---	---	---	---	---	---
40	13.33	12.89	8.93	3	1	3.14
41	15.89	11.98	8.40	3	1	3.24
42	16.33	12.13	8.87	3	1	2.05
44	13.22	12.37	9.67	3	1	2.86
46	12.33	11.10	8.34	3	1	2.50
47	15.89	12.56	9.27	3	1	2.52
48	13.67	12.49	9.79	3	1	3.52
49	11.44	13.65	10.26	3	1	2.33
52	11.22	13.33	9.64	3	1	4.21
53	12.89	12.67	8.73	3	1	2.19
56	16.56	13.68	10.22	3	1	4.52
58	20.11	13.31	9.79	3	1	2.71
59	13.44	13.23	9.24	3	1	2.90
63	12.44	12.89	9.41	3	1	2.52
66	13.11	11.80	8.44	3	1	2.64
68	---	---	---	---	---	---
69	15.83	12.70	9.32	3	1	3.32
71	14.00	13.31	9.38	3	1	2.79
78	15.67	11.31	9.17	3	1	3.55
79	10.89	12.05	9.00	3	1	1.95
80	17.00	15.42	10.70	3	1	2.50
82	15.00	11.67	9.72	3	1	2.52
84	11.22	13.50	9.64	3	1	2.95
87	14.33	13.63	10.23	3	1	3.19
89	11.67	12.07	8.38	3	0	2.76
90	13.11	14.25	9.83	3	0	3.19
91	15.78	11.98	9.08	3	1	3.29
93	10.67	14.38	9.63	3	0	2.33
97	16.67	14.56	9.49	3	0	3.69
102	9.56	17.34	9.05	3	0	3.52
109	10.00	12.01	8.18	3	0	2.57
111	17.44	14.55	11.33	3	1	3.00
112	13.22	10.57	8.58	3	1	2.67
114	13.00	14.33	9.78	3	1	3.86
116	14.33	13.28	9.06	3	0	1.95
119	17.44	12.77	9.93	3	1	2.00
120	13.00	12.11	9.23	3	1	0.83
122	12.44	12.05	9.40	3	1	2.18
136	12.67	12.58	9.87	3	1	2.62
137	15.67	16.08	8.67	3	1	2.19
138	12.50	13.53	9.59	3	1	1.75
140	12.78	13.17	9.64	3	1	3.39
147	15.33	14.54	10.16	3	0	1.90
152	12.33	13.37	9.85	3	1	3.02
159	20.00	14.04	8.86	3	0	4.05
163	13.22	11.89	6.36	3	1	1.00
165	---	---	---	---	---	---
167	13.78	15.73	9.45	3	0	2.48
168	11.56	15.61	9.31	3	1	0.71
171	13.44	13.38	10.45	3	1	2.40
175	12.56	11.74	8.58	3	1	1.40
178	14.11	13.58	9.99	3	1	2.93
182	13.44	13.03	10.41	3	1	3.00
184	13.00	12.86	9.46	3	1	4.19
186	10.33	13.27	10.76	3	1	3.62
190	11.22	12.80	8.81	3	1	2.19
193	13.56	11.85	9.28	3	1	3.29
194	15.67	12.28	9.97	3	1	3.07

196	11.33	12.08	8.77	3	1	2.67
198	14.44	12.75	9.91	3	1	1.86
208	14.00	13.62	11.29	3	1	2.29
209	13.11	16.48	9.12	3	1	2.64
212	10.11	13.47	10.73	3	1	2.76
217	14.33	13.39	9.98	3	1	2.64
224	11.44	12.87	10.50	3	1	2.81
235	13.67	19.91	8.89	3	0	2.67
238	13.78	15.10	10.41	3	0	2.25
275	15.56	12.76	10.01	3	1	2.14
276	14.22	12.87	8.99	3	1	2.62
308	16.83	13.39	7.92	3	1	2.21
313	13.67	19.15	9.42	3	0	2.38
341	16.11	13.61	10.44	3	1	2.50
348	13.67	12.71	12.01	3	1	3.38
358	---	---	---	---	---	---
365	14.67	15.60	10.71	3	0	2.81
G11	---	---	---	---	---	---
G12	14.33	14.51	10.85	3	1	3.18

*Veri alınamamıştır.



Şekil 3.1. Açmamış bir karpuz dişi çiçeği

İncelenen genotiplerin meyvelerinin dış özellikleri Çizelge 2’de verilmiştir. Meyve ağırlığı 895 g ile 5869 g arasında değişmiştir. En hafif meyve 308 nolu genotipte tespit edilirken, en ağır meyve 5869 g ile 184 nolu genotipte tespit edilmiştir. Ortalama meyve ağırlığı 2808 g olarak gerçekleşmiştir. Meyve ağırlığına paralel olarak meyve yüksekliği de en düşük 308 nolu genotipte (12.02 cm) tespit edilmiştir. En uzun meyve ise 26.87 cm ile 235 nolu genotipten hasat edilirken, ortalama meyve yüksekliği 16.25 cm olarak hesaplanmıştır. Meyve çapı 11.87 cm (308 nolu genotip) ile 21.85 cm (184 nolu genotip) arasında değişmiştir. Ortalama meyve çapı ise 15.11 cm olmuştur. Meyve kabuk kalınlığı genotiplere bağlı olarak farklılık göstermiştir. En ince kabuk 10.08 mm ile 63 nolu genotipte ölçülürken, en kalın kabuk 17.47 mm ile 209 nolu genotipte ölçülmüştür. Ortalama kabuk kalınlığı ise 11.51 mm olmuştur. Üç farklı meyve kabuk zemin rengi tespit edilmiştir. Bunlar; açık yeşil, yeşil ve koyu yeşildir. Yoğun olarak görülen meyve kabuk zemin rengi koyu yeşil (83 adet) olurken, altı adet genotipte açık yeşil, iki adet genotipte ise yeşil kabuk zemin rengi

gözlemlenmiştir. Kabukta çizgi varlığı açısından karpuz genotipleri iki gruba ayrılmıştır. Kırk yedi adet genotipte şerit olmadığı tespit edilirken, 44 genotipte ise şerit varlığı tespit edilmiştir. Kabukta şerit olan genotiplerde şerit genişliği 2.97 cm ile 19.67 cm arasında değişmiştir. Ortalama şerit kalınlığı ise 4.33 cm olarak ölçülmüştür.

Çizelge 3.2. Karpuz meyvelerinin dış özellikleri

Genotip no	Meyve ağırlığı (g)	Meyve yüksekliği (cm)	Meyve çapı (cm)	Kabuk kalınlığı (mm)	Kabuk zemin rengi	Çizgi varlığı	Çizgi genişliği (cm)
2	2753.6	18.09	17.26	12.57	2	1	6.88
3	4764.8	21.17	20.59	15.79	2	1	11.84
5	2759.8	16.42	17.27	11.26	2	1	11.3
6	2014.6	15.76	14.92	12.16	2	0	0
9	2041.50	16.77	15.19	11.83	2	0	0
11	1793.1	14.83	15.23	11.03	2	1	6.05
12	1769.7	14.42	14.54	11.89	2	0	0
15	2249.8	15.53	16.33	12.47	2	0	0
16	3665.8	19.98	18.44	12.22	2	0	0
18	2808.0	17.70	17.54	13.81	2	1	8.97
19	2325.4	16.37	16.47	12.61	2	1	8.63
21	1765.7	15.09	15.54	11.34	2	1	6.13
27	3385.4	19.02	18.57	15.14	2	1	9.01
28	3157.9	17.67	17.71	12.81	1	0	0
29	4000.0	19.53	19.40	13.83	2	0	0.00
35	3672.9	19.07	18.82	11.76	2	1	5.30
36	2822.9	17.83	17.47	10.89	2	0	0.00
38	2492.8	17.06	16.87	12.47	2	0	0.00
39	---	---	---	---	---	---	---
40	3001.2	18.29	17.79	12.48	2	1	11.45
41	1868.4	15.82	15.00	11.90	2	0	0.00
42	2248.2	17.67	15.66	11.43	3	0	0.00
44	3128.6	18.31	18.48	12.42	2	0	0.00
46	2230.2	15.58	15.78	11.79	2	0	0.00
47	2405.2	17.03	16.41	11.30	2	0	0.00
48	3102.4	17.33	17.33	11.86	2	0	0.00
49	2374.2	16.22	16.78	11.80	2	0	0.00
52	3215.1	18.15	18.13	11.87	2	0	0.00
53	2692.7	16.99	16.88	11.51	2	1	14.53
56	3301.0	18.18	17.92	13.34	2	1	14.34
58	2090.9	16.31	15.86	10.49	2	1	10.45
59	2812.0	18.17	17.10	12.08	2	1	9.20
63	2530.2	17.20	17.32	10.08	1	0	0.00
66	3114.2	17.06	18.34	16.85	2	1	9.22
68	---	---	---	---	---	---	---
69	2382.0	16.83	14.98	12.76	2	1	4.49
71	2443.8	18.60	15.93	14.74	1	0	0.00
78	2853.8	17.42	17.48	13.04	2	1	3.97
79	2681.2	17.24	16.80	12.52	2	0	0.00
80	2565.0	17.59	16.87	14.63	2	0	0.00
82	2821.8	16.88	17.03	12.50	2	0	0.00
84	2806.7	17.37	16.93	11.39	2	0	0.00
87	2827.3	17.53	17.26	10.26	2	0	0.00
89	3409.6	19.12	18.43	13.44	2	0	0.00
90	3305.2	17.50	17.89	11.81	3	0	0.00
91	2934.6	17.45	17.20	12.57	2	0	0.00
93	4131.5	20.73	19.02	12.94	2	1	7.33
97	4388.7	22.26	19.44	12.85	2	0	0.00
102	3532.6	22.22	16.67	12.40	1	0	0.00
109	3247.8	17.49	17.90	14.08	2	1	10.09
111	2718.3	16.24	17.67	14.47	2	1	12.33
112	2216.3	15.52	15.96	13.09	2	1	9.73
114	2431.1	15.46	16.33	11.76	2	0	0.00
116	3390.1	21.69	17.16	14.07	2	1	12.17
119	2420.6	17.02	16.60	14.08	2	0	0.00
120	2047.2	15.11	15.59	11.19	2	0	0.00
122	1626.8	14.41	14.84	11.35	2	0	0.00

136	2967.1	16.82	17.76	12.10	2	1	10.52
137	2379.3	19.33	14.79	13.50	2	0	0.00
138	3366.8	19.18	17.04	12.19	2	1	13.47
140	3658.7	19.72	15.47	13.65	2	1	10.17
147	2534.7	18.59	17.18	13.45	2	0	0.00
152	3653.9	18.97	19.67	15.06	2	0	0.00
159	2862.4	17.98	17.32	12.97	2	0	0.00
163	2589.0	21.10	15.53	12.08	2	0	0.00
165	---	---	---	---	---	---	---
167	2829.1	18.96	16.64	11.69	2	1	9.22
168	1547.3	16.52	13.63	12.30	1	0	0.00
171	2386.6	16.51	16.59	14.38	2	1	6.85
175	2017.8	15.16	15.46	10.91	2	1	3.38
178	2146.0	15.62	15.87	13.28	2	1	9.75
182	3048.2	17.08	18.55	16.19	2	1	6.83
184	5869.3	23.06	21.85	12.89	2	1	13.70
186	2735.2	16.09	17.39	14.36	2	1	7.10
190	1996.3	15.86	15.31	16.15	2	0	0.00
193	3021.5	17.83	17.82	15.01	2	1	8.22
194	3159.9	19.28	17.83	14.60	2	1	19.67
196	2603.2	17.03	16.61	13.62	2	1	7.95
198	2663.3	16.60	16.96	11.84	2	0	0.00
208	2171.4	15.75	15.58	11.63	2	1	8.86
209	3256.8	22.40	16.56	17.47	2	0	0.00
212	3502.4	17.83	19.64	15.47	2	1	8.66
217	2888.9	17.06	17.41	14.23	2	2	10.54
224	2262.4	16.14	16.30	11.64	1	0	0.00
235	3655.7	26.87	15.84	10.98	2	1	3.34
238	4072.3	18.78	18.57	14.48	2	1	3.34
275	2351.0	15.84	16.61	11.40	2	0	0.00
276	2283.2	15.64	16.51	13.02	2	1	10.83
308	895.5	12.02	11.87	11.57	2	0	0.00
313	3820.7	24.24	17.44	13.31	2	1	8.44
341	2701.1	18.20	17.14	13.28	2	1	2.97
348	2532.9	16.78	16.28	11.87	2	0	0.00
358	---	---	---	---	---	---	---
365	2102.6	16.05	16.04	10.62	2	1	7.00
G11	---	---	---	---	---	---	---
G12	3445.8	18.27	18.40	11.43	2	0	0.00

Arazi çalışmalarından bazı resimler aşağıda verilmiştir.

Şekil 3.2. 162 nolu genotipe ait meyveler.



Şekil 3.3. 163 nolu genotipe ait meyveler.



Şekil 3.4. 203 nolu genotipe ait meyveler.



İncelenen karpuz genotiplerinde sekiz farklı meyve et rengi gözlemlenmiştir. Altı adet genotipte beyaz, 3 adet genotipte açık pembe, 46 adet genotipte pembe, 2 adet genotipte koyu pembe, 4 adet genotipte açık kırmızı, 27 adet genotipte kırmızı, 2 adet genotipte sarı ve 1 adet genotipte turuncu meyve eti gözlemlenmiştir. Pembe ve kırmızı meyve etinin ülkemiz karpuzlarında yaygın olduğu görülmektedir. Meyve et sertliği 0.90 nt ile 2.64 nt arasında değişmiştir. En yumuşak meyve eti G12 nolu genotipte ölçülürken, en sert meyve eti 365 nolu genotipte tespit edilmiştir. Ortalama meyve et sertliği 1.47 nt olarak hesaplanmıştır. Suda Çözünebilir Kuru Madde (SÇKM) içerikleri 2.52 ile 10.42 arasında değişirken ortalama SÇKM 5.86 olmuştur. Tohum kabuk zemin rengi olarak siyah işlemeli (1), siyah (31), krem (32), krem hlium siyah (3), kahve rengi (7), sütlü kahve (10), krem pembe (1), krem kenardan siyah (2), alacalı krem (1), kızıl kahve (1), ve koyu kahve (2) gözlemlenmiştir. En uzun tohum 15.11 mm ile 275 nolu genotipte tespit edilirken, en kısa tohum 8.20 mm ile 36 nolu

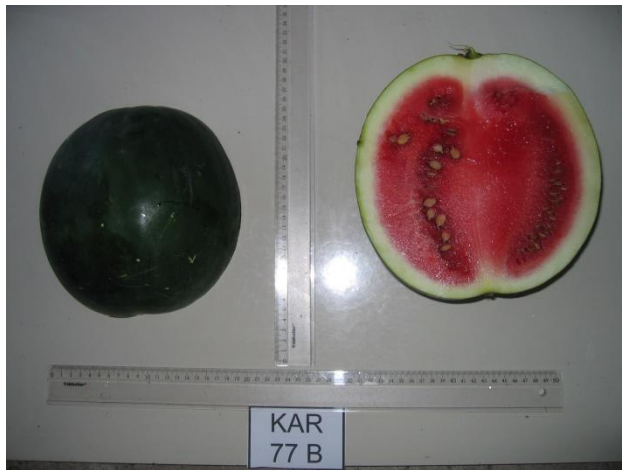
genotipte ölçülmüştür. Ortalama meyve uzunluğu ise 12.63 mm olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.3)

Çizelge 3.3. Meyve iç özellikleri

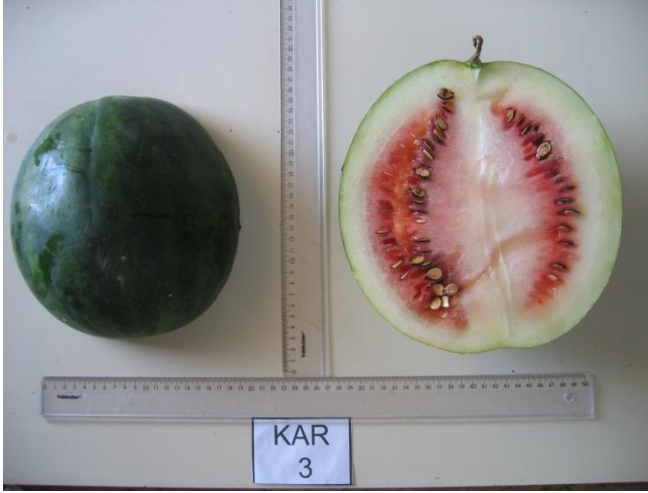
Genotip no	Meyve et rengi	Meyve et sertliği (nt)	SÇKM	Tohum kabuk zemin rengi	Tohum uzunluğu (mm)
2	9	1.13	4.76	2	13.22
3	2	1.78	4.37	3	14.87
5	1	1.37	4.87	2	12.82
6	2	1.34	4.74	2	11.84
9	2	1.38	4.73	2	13.96
11	9	1.02	5.09	7	12.42
12	2	1.17	4.53	8	11.56
15	2	1.65	5.40	3	14.46
16	2	2.07	4.37	10	13.75
18	6	1.69	5.23	7	11.62
19	2	1.32	5.55	3	14.57
21	2	2.07	4.90	2	10.48
27	2	2.58	4.51	3	12.04
28	2	1.04	6.67	6	12.44
29	5	1.31	5.96	2	8.67
35	8	1.64	6.99	2	9.60
36	9	1.20	8.48	7	8.20
38	9	1.36	6.23	2	13.40
39	---	---	---	---	---
40	2	1.54	6.00	1	12.97
41	2	1.12	6.07	2	12.89
42	8	1.28	6.11	2	12.60
44	2	1.80	5.59	3	12.03
46	2	1.18	5.88	3	13.11
47	2	1.31	4.88	2	12.09
48	2	1.48	6.03	3	13.86
49	2	1.52	6.80	3	12.61
52	2	1.66	5.81	3	12.58
53	9	1.75	6.42	2	13.25
56	2	1.80	6.17	2	12.14
58	9	1.36	5.65	8	11.27
59	2	1.42	4.64	2	11.99
63	8	1.23	4.40	2	12.85
66	6	2.20	5.82	3	14.16
68	---	---	---	---	---
69	9	2.00	6.18	7	12.24
71	2	1.32	4.32	8	13.14
78	9	1.14	5.71	2	12.41
79	9	1.41	5.66	2	12.27
80	2	1.36	7.47	3	10.33
82	2	1.26	6.70	3	12.42
84	3	1.34	6.84	2	12.77
87	9	1.49	5.74	2	13.22
89	2	1.19	6.94	12	12.52
90	1	1.67	4.92	6	12.70
91	9	1.03	7.17	2	13.12
93	9	1.10	9.48	8	9.14
97	9	1.13	7.56	16	12.14
102	2	1.58	6.03	2	12.42
109	1	2.29	5.16	3	14.56
111	2	1.68	3.94	3	13.00
112	2	1.56	4.78	12	12.75
114	9	1.38	5.08	3	13.90
116	3	1.36	6.92	8	13.11
119	2	1.16	4.99	2	12.77
120	2	2.09	5.07	3	11.86
122	2	1.62	5.40	3	13.74
136	6	1.68	3.52	3	13.49
137	2	1.32	4.96	8	13.59
138	2	1.34	4.95	3	13.77
140	2	1.54	4.07	3	13.86

147	9	1.36	5.93	2	9.96
152	2	1.18	5.29	2	13.52
159	2	2.53	3.52	3	14.28
163	2	1.28	5.60	3	14.76
165	---	---	---	---	---
167	2	1.39	5.78	3	12.31
168	2	1.58	4.67	8	12.23
171	9	1.34	4.95	2	13.84
175	9	1.28	7.46	2	13.51
178	8	1.10	6.67	2	14.37
182	9	1.57	6.87	14	13.31
184	9	1.23	10.42	2	8.91
186	5	1.87	4.47	3	14.67
190	2	1.41	5.04	3	13.60
193	2	1.22	7.58	8	10.64
194	6	1.93	6.93	16	12.87
196	9	1.38	7.71	3	13.05
198	2	1.29	6.61	3	11.98
208	9	1.22	6.51	6	11.09
209	2	1.12	5.38	3	14.74
212	9	1.17	5.84	2	13.71
217	9	1.36	7.60	2	13.27
224	2	1.53	5.59	8	13.94
235	9	1.37	7.56	7	12.23
238	9	1.62	6.73	7	13.05
275	2	1.29	4.40	8	15.11
276	2	0.99	4.88	3	14.07
308	6	2.17	4.35	18	8.83
313	9	1.12	10.01	7	9.52
341	9	1.27	8.50	3	13.35
348	2	1.24	5.80	2	13.07
358	---	---	---	---	---
365	6	2.64	2.52	3	15.01
G11	---	---	---	---	---
G12	10	0.90	9.02	3	9.19

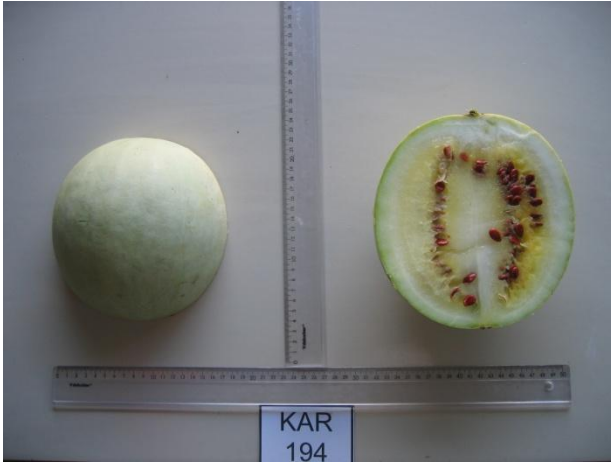
Meyvelerin et rengi ile ilgili bazı resimler aşağıda verilmiştir.



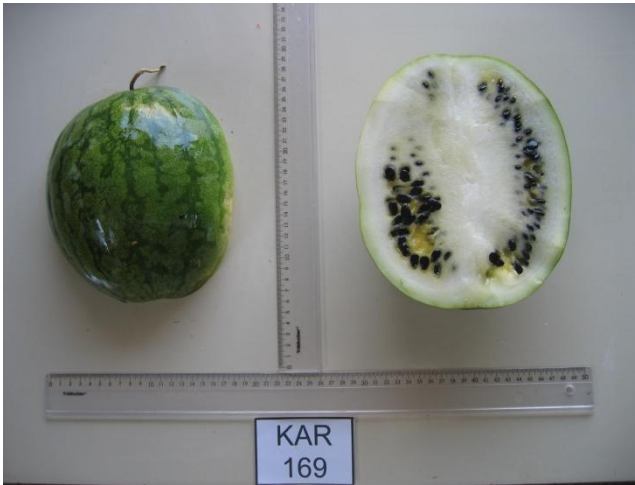
Şekil 3.5. 77B nolu genotipe ait meyve resmi.



Şekil 3.6. 3 nolu genotipe ait meyve resmi



Şekil 3.7. 194 nolu genotipe ait meyve resmi.



Şekil 3.8. 169 nolu genotipe ait meyve resmi

Genotiplere ait tohumların kabuk rengi ve tohum büyüklüğünde belirleyici faktör olan uzunlukta belirlenmiştir. Genotiplere ait tohumların büyüklük ve şekil farklılığını gösteren resimler aşağıda verilmiştir.



Şekil 3.9. İncelenen karpuz genotiplerinin tohumlarındaki çeşitlilik

3.2. 96 Karpuz Hattının SSR, SRAP, RAPD ve ISSR Primerleri ile Karakterizasyonu ve

3.2.1. DNA İzolasyonu

İlk altı aylık dönemde Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nden temin edilen 269 adet karpuz genotipi DNA ekstraksiyonu amacı ile Kayseri'de yarı kontrollü sera koşullarında ekilmiştir (Şekil 3.10).



Şekil 3.10. DNA ekstraksiyonu için uygun büyüklüğü gelmiş karpuz fideleri

Ekilen bu karpuz genotiplerinden 259 adedinden DNA çıkartılabilecek bitkisel materyal alınmış ve DNA ekstraksiyonu yapılmıştır (Şekil 3.10-13). DNA'ların kaliteleri ölçülmüş ve DNA'ların proje çalışmasında kullanılabilecek özelliklere sahip olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 3.11. Bitki dokularının DNA ekstraksiyonu için sıvı azot ile havanlarda öğütülmesi



Şekil 3.12. Öğütülen bitki dokularının ekstraksiyon çözeltisi içinde sıcak su banyosunda bekletilmesi



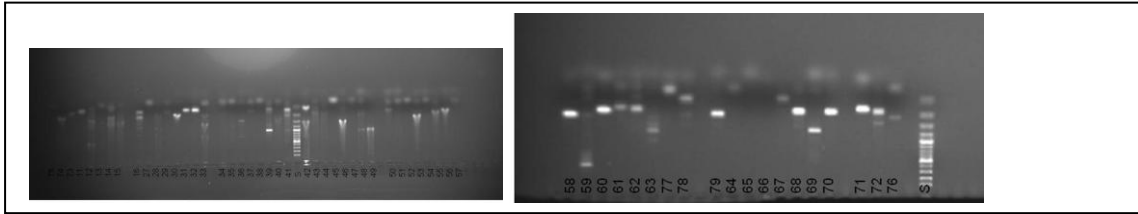
Şekil 3.13. Çözelti içerisinde yoğunlaşmış DNA

Polimorfizmin Değerlendirilmesi

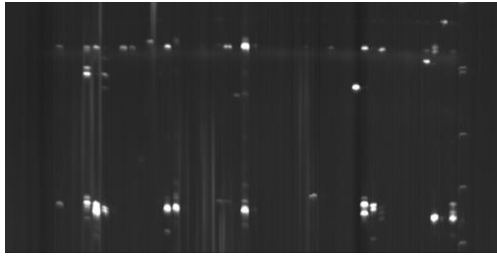
3.2.2. SSR, SRAP, RAPD ve ISSR İşaretleyicileri ile genotipleme çalışması

Karakterizasyon için öncelikle aşağıdaki literatürlerde belirtilen primer sipariş edilmiştir: Katzir ve ark., 1996; Watcharawongpaiboon ve Chunwongse (2008) ve Danin-Poleg ve ark. (2001) tarafından geliştirilen ve karpuzlarda başarılı bulunan 72 adet SSR primeri toplamda 79 SSR primer kombinasyonu proje kapsamında temin edilerek çalışmalar yapılmıştır. Belirtilen primerler 10 uM konsantrasyonda hazırlanarak ön testler yapılmıştır. DNA örnekleri 5 adet rastgele seçilen karpuz genotiplerinden eşit oranda alınarak hazırlanmıştır. Bu testlemenin amacı sentezi yaptırılan işaretlenmiş primerlerin çalışıp çalışmadığını anlamaktır. Sonuç olarak test edilen 79 primerden 40 adedi net sonuç vermiş ve

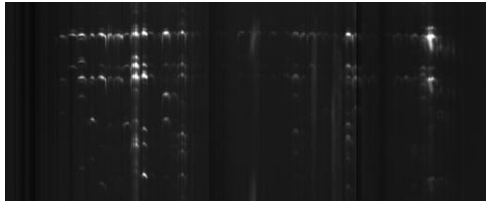
bütün 96 karpuz genotipine uygulanabilir bulunmuştur. Örneğin 33 nolu primer çok sayıda bant vermiştir ki bu istenmeyen bir durumdur. Ayrıca 41 nolu primerde çok sayıda bant vermiştir. Resimlerde ve çizelgede de görüldüğü gibi optimizasyonlar gerekmektedir. Moleküler çalışmalar devam etmektedir (Şekil 14, 15 ve 16; Çizelge 3.4).



Şekil 14. 79 SSR primerinin kullanımıyla yapılan ön çalışmalardan görüntüler



Şekil 15. 33 nolu primere ait aplikasyon fotoğrafı



Şekil 16. 41 nolu primere ait aplikasyon fotoğrafı

Çizelge 3.4. Çalışmada kullanılan 79 SSR primeri, sekans bilgileri, referansları, referanslarda tespit edilen bant büyüklükleri, bu çalışmada tespit edilen bant büyüklükleri. İlk rakamlar tespit edilen bant büyüklüklerini (baz çifti) ifade etmektedir.

	Sekans adı	Sekans	Referans	Referans bantlar	Bulunan bant bç ve açıklamalar
1	CMGA15F	CGGCAAGACGATTGGCAGC	danin- poleg 2001	150 baz çifti (bç)	Reaksiyon yok (R.Y)
2	CMTC47F	GCATAAAGAATTGCAGAC	danin- poleg 2001	168 bç	R.Y
3	CMTC123F	CGGATTGTACTTATTGCCAAG	danin- poleg 2001	106 bç	R.Y
4	CMTAA166F	GGAACAGACACCTCTCTGAG	danin- poleg 2001	167 bç	R.Y
5	CMCT134bF	GCTCCTCCTTAACCTATAC	danin- poleg 2001	123 bç	R.Y
6	CSGTT15bF	ACCTTGTTGATTCGGTTCTCC	danin- poleg 2001	161 bç	R.Y
7	CSAT214F	TTGAGTACCATTGTCATAGAT	danin- poleg 2001	111 bç	R.Y
8	CMCT58F	CTTCAGCCTTAGCCCCCTACT	katzir ve ark 96	144 bç	R.Y
9	CSHPRAGF	GTTTAACTCAATCCAACCTAA	katzir ve ark 96	106 bç	R.Y
10	CSJCT 97F	TGGAGAGATGTTGAAGAGAGGAAG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	126- 140 bç	R.Y
11	CMCT44F	TCAACTGTCCATTCTCGCTG	danin- poleg 2001	104 bç	150
12	CMAT141F	AAGCACACCACCACCGTAA	danin- poleg 2001	176 bç	140 (baz çifti) SIC 2C ⁰ ARTIR Mg 1.4 e cek
13	CMCT126F	CTTTAGGTGTGAGATTGGTGG	danin- poleg 2001	192 bç	80

14	CMTA170aF	TTAAATCCCAAAGACATGGCG	danin- poleg 2001	125 bç	100 250 SIC 2°C ARTIR
15	CMCT160aF	GTCTCTCTCCCTTATCTTCCA	danin- poleg 2001	88 bç	100 300 SIC 2°C ARTIR Mg 1.4 cek
16	CSTCC813F	GTTGTGCTCCCAATAGTTG	danin- poleg 2001	144 bç	180,220 SIC.2°C ARTIR
17	CSAT425F	TAGGGCAGGTATTATTTCAG	danin- poleg 2001	93 bç	70
18	CMAG59F	TTGGGTGGCAATGAGGAA	katzir ve ark 96	124 bç	
19	CSJCT14F	TTCCACGTTACATTGGACGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	168-202 bç	300 SIC 2°C ARTIR
20	CSJCT 117NF	TCCTACATCACTTGGTCTGGTATG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	196-200 bç	80 120 SIC 2°C ARTIR Mg 1.4 cek
21	CMGA104F	TTACTGGGTTTTGCCGATTT	danin- poleg 2001	125 bç	B.D.
22	CMCCA145F	GAGGGAAGGCAGAAACCAAG	danin- poleg 2001	142 bç	50 300 450 SIC 2°C ARTIR
23	CMTC158F	CCCCATATTCATCAAACT	danin- poleg 2001	174 bç	180 250 SIC 2°C ARTIR
24	CMCT170bF	ATTGCCCAACTAACTAAACC	danin- poleg 2001	160 bç	70 150 250 700 1000 Mg 2 artır sıcak 2°C artır
25	CMTC160a+bF	GTCTCTCTCCCTTATCTTCCA	danin- poleg 2001	215 bç	300 SIC 2°C ARTIR
26	CSCT335F	CCTTCACTTCCATCTTCATC	danin- poleg 2001	120 bç	250 SIC 2°C ARTIR
27	CSCCT571F	CCTTTCTGCTGTTTCTTCTTC	danin- poleg 2001	209 bç	70
28	CMGA127F	GAACCTAAGACTCTCCAATTAA	katzir ve ark 96	138 bç	200 400 700 SIC 2°C ARTIR Mg 1.4 cek
29	CSJCT35F	TCCGCAGTTCACAACCTTGAC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	117-135 bç	200 Mg u 1.4 e çıkart
30	CSJCT 191F	ACAATGGCAGGTCAATTAGC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	194-204 bç	200
31	CMACC146F	CAACCACCGACTACTAAGTC	danin- poleg 2001	152 bç	140
32	CMTC168F	ATCATTGGATGTGGGATTCTC	danin- poleg 2001	200 bç	140
33	CMGT108F	CTCCTTCAAACATTGTGTGTG	danin- poleg 2001	187 bç	200,400,600
34	CMGA165F	CTTGTTTCGAGACTATGGTG	danin- poleg 2001	97 bç	B.D.
35	CMCT505F	GACAGTAATCACCTCATCAAC	danin- poleg 2001	219 bç	sıcak. 2°C + mg 1.4 çıkart
36	CMAT35F	GTGGGTATCATTATTGTTA	danin- poleg 2001	110 bç	sıcak. 2°C + mg 1.4 çıkart
37	CSTA050F	GAATTATGCAGATGGGTCTT	danin- poleg 2001	163 bç	SICAK.2°C DÜŞÜR
38	CMGA128F	ATGAAGAAGGGATATTCAAAG	katzir ve ark 96	119 bç	B.D.
39	CSJCT 42F	GAGAGCCCCACCACAGTCT	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	148-150 bç	sıcak. 2°C + mg 1.4 çıkart
40	CSJCT 216F	CAGTAGGAGGAAGTGGGTTC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	312-326 bç	B.D.
41	CMCTT144F	CAAAAGGTTTCGATTGGTGGG	danin- poleg 2001	192 bç	sıcak 2°C artır.
42	CMGA172F	CAATCGCAGATACTCCACG	danin- poleg 2001	114 bç	100, 300
43	CMTC163F	CTAAAACCTAACTCTTTTCC	danin- poleg 2001	86 bç	sıcak. 2°C + mg 1.4 çıkart
44	CMTA134aF	ACGTGCTTCAGTAAACATG	danin- poleg 2001	159 bç	sıcak. 2°C + mg 1.4 çıkart
45	CSCCTT15aF	GTTTGATAATGGCGGATTGT	danin- poleg 2001	198 bç	80
46	CMTC51F	ATTGGGGTTTCTTTGAGGTGA	danin- poleg 2001	160 bç	300
47	CMTC13F	TGGATGGATAAGGTGGTAAG	katzir ve ark 96	92 bç	70
48	CSLHCPAF	TTCTCCATGTTTGGATTCTTT	katzir ve ark 96	205 bç	200
49	CSJCT 71F	AATTCATGGACATCCAGCCGAAG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	260-296 bç	900
50	CSJCT 252F	GATGGTGGAGATGGAATTGGGACT	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	290-332 bç	80, 150
51	CSJCT 266NF	CTGTGGTTGGGTGGAATCTC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	255-264 bç	80
52	CSJCT 632F	GCCCATATGAGATTTAGAGAGAGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	128-138 bç	80
53	CSJCT 674F	TAGAAAGGAAGGGATGTGATTAGG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	246-288 bç	250
54	CSJCT 799F	TCGTCTGTTTTTCGATCTTGTA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	282-318 bç	75
55	Cgb476F	GAGAGGGAAAGAAAAGAGGAGAG	levi ve ark. 2006	169-179 bç	160
56	CI.1-06F	CACCCTCCTCCAGTTGTCAATCG	jarret ve ark. 1997	Yok	150
57	CSJCT 315F	CCACGAAATACAGATCAGCAAC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	198-224 bç	90
58	CSJCT 641F	GAACAACCTCCAATTTTGCTC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	232-246 bç	200
59	CSJCT 720F	CCAACGGAGGTCTGAACG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	220-278 bç	80 120 220 Mg 1.4 e cek
60	CSJCT 904F	GATAGGCCTAGAATTTAGGCATAGAGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	200-222 bç	200
61	ASUW2F	GCTTCGTTGTGTGCGCGTTG	levi ve ark. 2006	165-192 bç	180
62	CI.1-120F	CGCGCGTGAGGACCTATA	jarret ve ark. 1997	Yok	180

63	CSJCT 323F	TCGATCTTGTAGAAAGCAAGGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	204-224 bç	400 SIC 2°C ARTIR
64	CSJCT 656F	TCCTACAACCTCAAAGGGCCAAC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	210-224 bç	B.D.
65	CSJCT 746F	GCTGGTTGACCAAAGTGGACTTC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	248-322 bç	B.D.
66	CSJCT 950F	GGGAGATCAAGGGAAGGATAATAG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	104-126 bç	B.D.
67	ASUW13F	CTAGAGAAACCCCATC	levi ve ark. 2006	105-128 bç	100
68	CL2-23F	GAGGCGGAGGAGTTGAGAG	jarret ve ark. 1997	Yok	200 SIC 2°C ARTIR
69	CSJCT 435F	TCAACTGGTAGTTGGGAAACCT	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	400-435 bç	350
70	CSJCT 662F	ACGTCGTAAAACCATCGGAGTC	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	186-234 bç	180
71	CSJCT 775F	TAGGCCTAGAATTTAGGCATAGAGAGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	180-198 bç	180
72	Cgb4765F	TTCTCTTCATTCCCCAAAATC	levi ve ark. 2006	186 bç	180 SIC. 2°C ARTIR
73	ASUW19F	GTGTGTTTTTGCGTGTG	levi ve ark. 2006	121-136 bç	170
74	C.L2-140F	CTTTTCTTCTGATTGACTGG	jarret ve ark. 1997	Yok	200
75	CSJCT 602F	GAGCTGAGCCAAGTTATCGTTTTG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	158-160 bç	
76	CSJCT 664F	AAGTGGGCTCGATTGGAAGA	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	208-238 bç	220
77	CSJCT 781F	AAAGAAGATAGGCCTAGAATTTAG	watcharawongpoiboon ve chungwongse 2008	356-372 bç	80
78	CLG7992F	CTAACGCAATTTGAATCACTCAA	levi ve ark. 2006	112 bç	120
79	Cgb5009F	CAGTGGCACCGTCATCTAAAG	levi ve ark. 2006	216 bç	216 SIC 2°C ARTIR

Çalışmada yer alan 96 adet karpuz genotipi arasındaki genetik çeşitlilik SRAP, RAPD ve ISSR primerleri kullanılarak araştırılmıştır. Çalışmada, 40 SRAP, primer kombinasyonu ile 11 RAPD ve 4 ISSR primeri kullanılarak veri üretilmiştir. Skorum sonucunda primer çifti veya primerler için bant uzunluk aralıkları (bç), polimorfik allel sayısı (adet) ve polimorfizm oranı (%) Çizelge 3.1’de sunulmuştur. Çalışmada polimorfizm gösteren 40 SRAP primer kombinasyonu, 11 RAPD primeri ve 4 ISSR primeri kullanılarak 158 markır üretilmiştir. Primer başına düşen toplam polimorfik allel sayısı 6-18 arasında (ortalama 2.49) değişmiştir. Polimorfik olmayan bantlar analiz dışı bırakıldığı için bu allellerin polimorfizm oranı %100 olarak hesaplanmıştır. Elde edilen toplam allel sayısı bakımından EM3-ME4 lokusu en fazla alleli (7 adet) üretirken, en az sayıda alleli VHVG(TG)₇, (GACA)₄, OPA02, OPE14, OPP141, OPS09, EM12-ME1, EM14-ME12, EM11-ME6, EM6-ME9, EM5-ME13, EM3-ME2, EM1-ME8, EM10-ME10, EM11-ME7, EM13-ME7, EM15-ME7 ve EM14-ME5 lokusları (1 adet) üretmiştir.

Çizelge 3.5. SRAP, RAPD ve ISSR primerleri kullanılarak elde edilen bant profilleri.

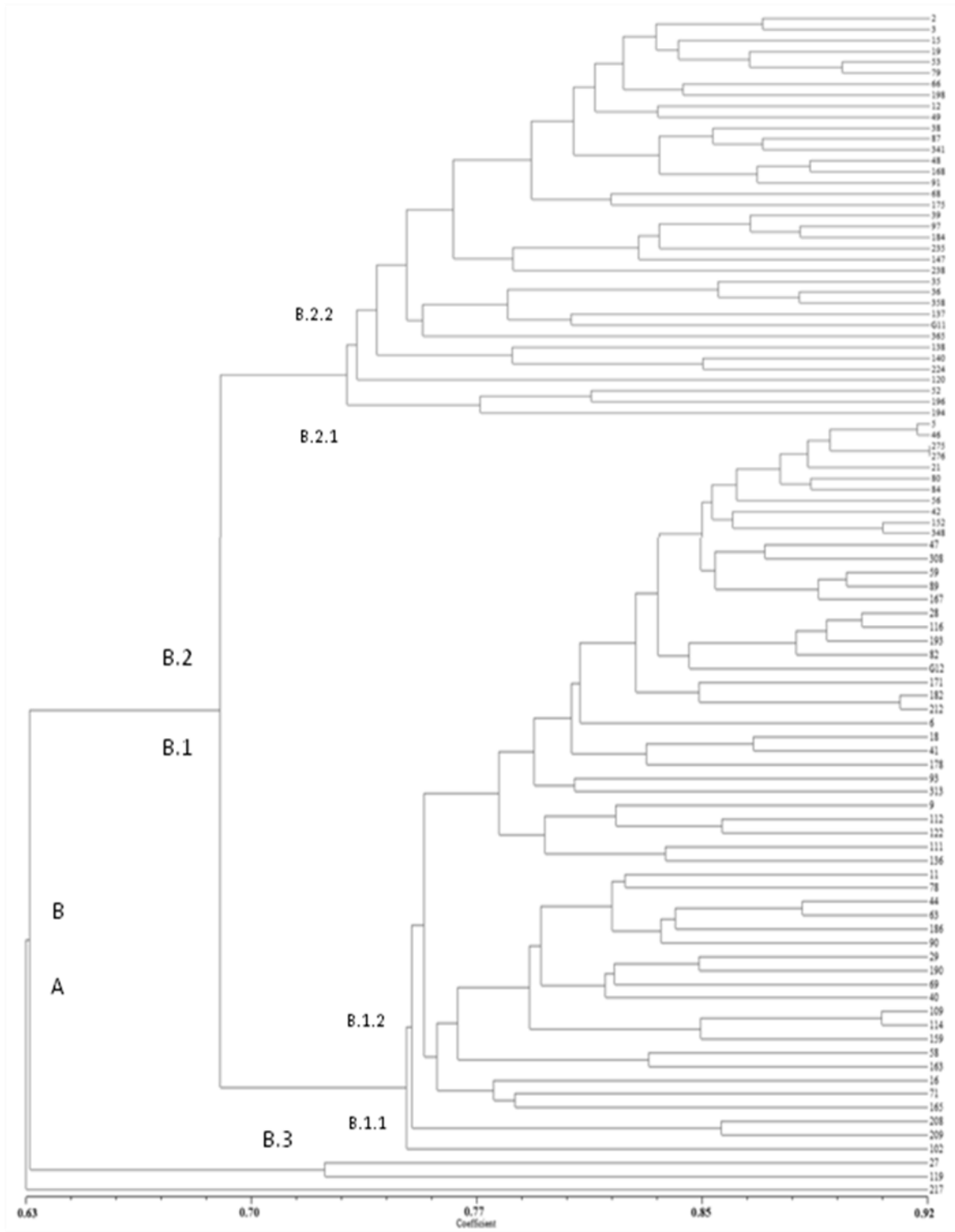
No	Primer Adı	Polimorfik Allel Sayısı (adet)	Allel Büyüklükleri (bç)	Polimorfizm Oranı (%)
1	EM14-ME13	4	1500-280	100
2	EM5-ME2	4	1300-250	100
3	EM11-ME5	6	1300-270	100
4	EM3-ME4	7	1800-280	100
5	EM4-ME5	3	1750-550	100
6	EM1-ME10	5	1800-180	100
7	EM12-ME13	3	710-300	100
8	EM7-ME2	3	410-150	100
9	EM8-ME9	2	920-520	100

10	EM14-ME5	1	1300	100
11	EM1-ME4	2	500-290	100
12	EM9-ME11	2	380-120	100
13	EM16-ME8	2	700-580	100
14	EM15-ME13	2	810-280	100
15	EM15-ME7	1	920	100
16	EM14-ME11	2	930-800	100
17	EM13-ME7	1	410	100
18	EM11-ME7	1	320	100
19	EM10-ME10	1	410	100
20	EM11-ME10	2	700-350	100
21	EM1-ME3	3	2000-450	100
22	EM1-ME6	2	1600-320	100
23	EM1-ME8	1	810	100
24	EM1-ME9	4	1300-290	100
25	EM3-ME1	3	1300-850	100
26	EM3-ME2	1	600	100
27	EM3-ME6	2	600-400	100
28	EM5-ME13	1	410	100
29	EM6-ME9	1	600	100
30	EM7-ME1	2	510-410	100
31	EM7-ME9	2	700-310	100
32	EM9-ME9	2	1500-790	100
33	EM9-ME12	3	1300-120	100
34	EM11-ME2	3	1300-500	100
35	EM9-ME1	4	720-180	100
36	EM11-ME6	1	1200	100
37	EM11-ME11	4	1200-100	100
38	EM12-ME11	2	500-380	100
39	EM14-ME12	1	510	100
40	EM12-ME1	1	1500	100
41	OPS09	1	1800	100
42	OPN06	5	900-290	100
43	OPP141	1	750	100
44	OPE14	1	1200	100
45	OPA02	1	800	100
46	OPH15	4	1000-590	100
47	OPN14	3	1500-500	100
48	OPE07	2	900-850	100
49	OPN18	3	910-400	100
50	OPA09	2	550-500	100
51	OPN16	2	1200-1000	100
52	HVH(CA) ₇ T	3	900-470	100
53	(GA) ₈ YG	2	1700-1000	100
54	VHVG(TG) ₇	1	900	100
55	(GACA) ₄	1	1050	100

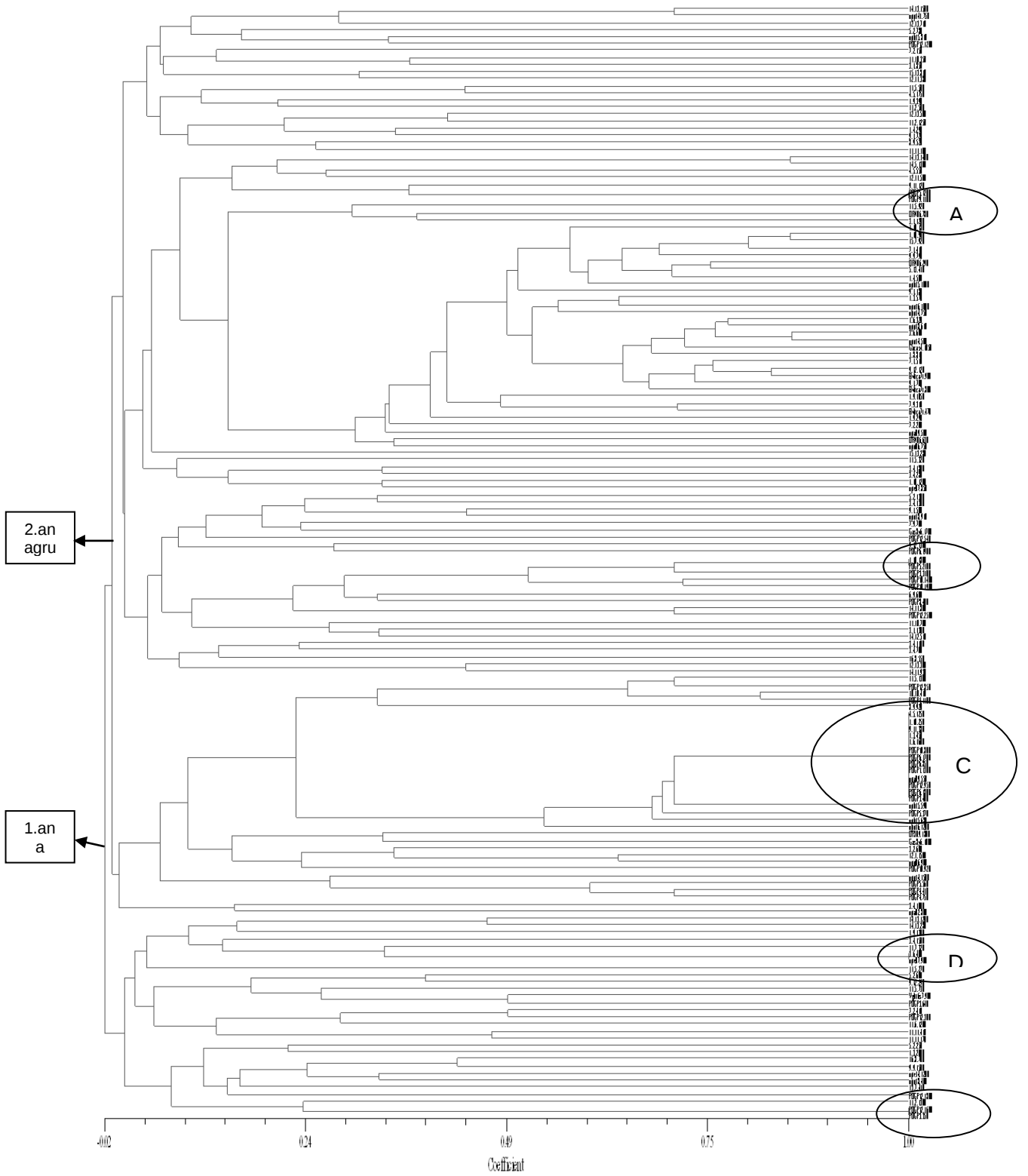
SRAP EM3-ME1 primerleri kullanılarak 96 örnekte yapılan çalışma sonucunda 850-1300 bç aralığında toplam 3 bant elde edilmiştir. Bu primerle Çizelge 3.3’de gösterildiği gibi %100 oranında polimorfizm elde edilmiştir. ISSR (GA)₈YG primeri kullanılarak 96 örnekte yapılan çalışma sonucunda 1000-1700 bç aralığında toplam 2 bant elde edilmiştir. Bu primerle Çizelge 3,3’de gösterildiği gibi %100 oranında polimorfizm elde edilmiştir.

3.3. 96 Hattın Benzerlik Yönünden UPGMA Yöntemiyle Analizi

Dendrogram iki ana gruba (A ve B) ayrılmış olup 96 genotipin tamamı *C. lanatus* var. *lanatus* türüne aittir. Birinci grup (A) sadece 217 numaralı genotipten oluşmaktadır 0.63 benzerlik düzeyi ile diğer genotiplere en uzak genotiptir. İkinci grup (B) 95 genotipten oluşmaktadır. İkinci ana grup (B) kendi arasında 0.68 benzerlik düzeyi ile üç alt gruba (B.1, B.2 ve B.3) ayrılmıştır. İkinci ana grubun birinci alt grubu (B.1) 0.75 benzerlik düzeyi ile iki alt gruba (B.1.1 ve B.1.2) ayrılmıştır. B.1.1 alt grubunda sadece 102 numaralı genotip bulunmaktadır. B.1.2 alt grubunda 55 (5, 6, 9, 11, 16, 18, 21, 28, 29, 40, 41, 42, 44, 46, 47, 56, 58, 59, 63, 69, 71, 78, 80, 82, 84, 89, 90, 93, 109, 111, 112, 114, 116, 122, 136, 152, 159, 163, 165, 167, 171, 178, 182, 186, 190, 193, 208, 209, 212, 275, 276, 308, 313, 348 ve G12) adet genotip bulunmaktadır. İkinci ana grubun üçüncü alt grubu (B.3) 0.72 benzerlik düzeyi ile ayrılmakta ve 27 ve 119 numaralı genotiplerden oluşmaktadır. İkinci ana grubun ikinci alt grubu (B.2) 0.71 benzerlik düzeyi ile iki alt gruba (B.2.1 ve B.2.2) ayrılmaktadır. B.2.1 alt grubu 52, 194 ve 196 numaralı genotiplerden oluşmaktadır. B.2.2 alt grubu ise 34 (2, 3, 12, 15, 19, 35, 36, 38, 39, 48, 49, 53, 66, 68, 79, 87, 91, 97, 120, 137, 138, 140, 147, 168, 175, 184, 198, 224, 235, 238, 341, 358, 365 ve G11) adet genotipten oluşmaktadır.



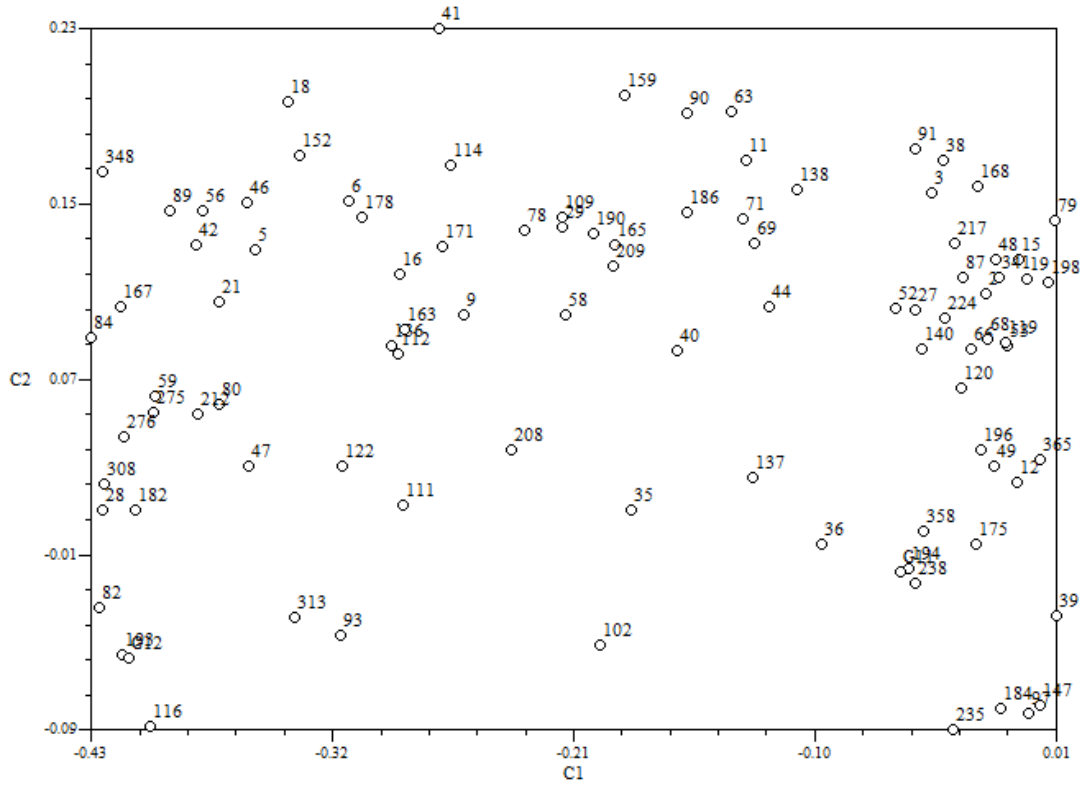
Şekil 17. 96 Karpuz Hattında DİCE Benzerlik İndeksinden Yararlanılarak Oluşturulan UPGMA Dendrogramı.



Şekil 18. 96 Karpuz Çeşidinde Yapılan Korelasyona Dayalı Markır Dendogramı.

3.4. 96 Genotip İçin Yapılan Temel Bileşenler Analizinin Değerlendirilmesi

Temel bileşenler analizini (PCA) yaparken kümeleme analizlerinde kullanılan benzerlik matriksinden yararlanılmıştır. İki boyutlu ve üç boyutlu grafik NTSYS programının kullanılmasıyla oluşturulmuştur (Şekil 3.16 ve 3.17). 259 örnekte üç gruba ayrılan iki ve üç boyutlu grafikte birbirine yakın olan genotipler elenince gruplar dağılmış ve bireyler birbirinden ayrılmıştır. Bu sonuç bize seçilen hatların İH çalışmasında kullanılabileceğini, benzer bireyler ve çok farklı bireylerin ayrıldığını göstermektedir.



Şekil 19. 96 karpuz çeşidinde SRAP, RAPD ve ISSR analizlerinde elde edilmiş verilerle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafik.

3.5. İH Amacıyla STRUCTURE, TASSEL ve SAS Programları İle Yapılan Analizler

96 Karpuz Genotiplerinin Populasyonlara Olan Üyelik Katsayıları

Üyelik katsayısı 0.80 ve üstü olan bireyler saf bireylerdir. 0.79 ve altı bireyler hibrid olarak değerlendirilmektedir. 68 adet birey 0.80 ve üstü üyelik katsayısına sahip ve saf bireylerdir. Kalan 28 adet birey hibrit olarak değerlendirilir. Saf olan bireyler; 2, 3, 9, 12, 15, 19, 21, 28, 29, 36, 38, 39, 40, 41, 42, 46, 47, 48, 49, 52, 53, 56, 59, 66, 68, 78, 79, 80, 82, 84, 87, 89, 90, 91, 97, 109, 114, 116, 120, 136, 147, 159, 163, 167, 168, 171, 175, 182, 184, 190, 193, 196, 198, 208, 209, 212, 217, 224, 235, 238, 275, 276, 308, 341, 348, 358, 365 ve G11'dir.

3.6. Moleküler markır-karakter ilişki analizi (İH)

Çalışılan karakterlerle polimorfik bantların ilişkisini hesaplamak için STRUCTURE programında oluşturulan Q matrix, morfolojik veri ve moleküler markır verisi kullanılarak, TASSEL programındaki ‘fixed effect general linear model’ yardımıyla analiz yapılmıştır. Markır-karakter ilişkisinin kabul edilebilir olabilmesi için önem değerinin 0.05 veya altında olması aranmıştır ($p < 0.05$). Ancak çok az sayıda markır için yeterli markır bulunamadığı durumlarda bu değer 0.15’e kadar yükseltilmiştir. Her markır ile karakter arasında üç farklı p değeri hesaplanmıştır. Kümülatif R^2 değerini hesaplamak için TASSEL GLM- Q analizinde önemli bulunan markırlar SAS programında ileri ve geri Stepwise Regresyon analizine tabi tutulmuştur.

3.6.1. Yandal Sayısı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Yandal sayısı açısından 6-10 adet aralığında yer alan birey sayısı 6, 11-15 adet aralığında yer alan birey sayısı 64 ve 16-20 adet aralığında yer alan birey sayısı 21 olarak tespit edilmiştir. Yandal sayısı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Yandal sayısının kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 5 adet işaretleyici yandal sayısı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 4 lokus yandal sayısı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.6. Yandal sayısı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	18.00	1.31	-	-	-
EM3-ME4.700	-0.85	0.52	0	23	15.6±2.33
-			1	63	14.1±3.11
OPN06.780	-2.66	1.18	0	3	18±2.64
-			1	88	14.3±2.98
OPN06.630	1.16	0.57	0	74	14.2±2.79
-			1	17	15.7±3.75
POGP10.920	-1.72	0.57	0	15	15.9±3.49
-			1	75	14.7±2.88

Modelimizin intercept değeri 18.00 olarak hesaplanmıştır. EM3-ME4.700 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 63 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN06.780 markırı 3 kez yok olarak gözlemlenirken, 88 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN06.630 markırı 74 kez yok olarak gözlemlenirken, 17 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP10.920 markırı 15 kez yok olarak gözlemlenirken, 75 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda yandal sayısı açısından varyasyonun %10'unu açıklamıştır.

3.6.2. Bitkideki Toplam Meyve Adedi Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Bitkideki toplam meyve adedi sayısı açısından 2 adet aralığında yer alan birey sayısı 1, 3 adet aralığında yer alan birey sayısı 1, 4 adet aralığında yer alan birey sayısı 7, 5 adet aralığında yer alan birey sayısı 10, 6 adet aralığında yer alan birey sayısı 15, 7 adet aralığında yer alan birey sayısı 20, 8 adet aralığında yer alan birey sayısı 16, 9 adet aralığında yer alan birey sayısı 10, 10 adet aralığında yer alan birey sayısı 8, 11 adet aralığında yer alan birey sayısı 2 ve 12 adet aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Bitkideki toplam meyve adedi sayısı açısından veriler çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 10 adet işaretleyici bitkideki toplam meyve adedi sayısı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 3 lokus toplam meyve adedi açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.7. Toplam meyve adedi açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	5.28	0.64	-	-	-
EM3-ME4-700	1.01	0.52	0	23	6.56±2.38
-			1	63	7.53±1.96
OPN06.630	1.03	0.59	0	74	7.08±2.05
-			1	17	8.17±2.06
HVH(CA) ₇ T.470	1.31	0.62	0	17	6.11±2.02
-			1	69	7.62±2.03

Modelimizin intercept değeri 5.28 olarak hesaplanmıştır. EM3-ME4.700 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 63 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN06.630 markırı 74 kez yok olarak gözlemlenirken, 17 kez var olarak gözlemlenmiştir. HVH(CA)₇T.470 markırı

17 kez yok olarak gözlemlenirken, 69 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda meyve adedi açısından varyasyonun %15'ini açıklamıştır.

3.6.3. Bitkideki Toplam Meyve Ağırlığı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Bitkideki toplam meyve ağırlığı açısından 4-8 kg aralığında yer alan birey sayısı 2, 8.01-12 kg aralığında yer alan birey sayısı 4, 12.01-16 kg aralığında yer alan birey sayısı 24, 16.01-20 kg aralığında yer alan birey sayısı 30, 20.01-24 kg aralığında yer alan birey sayısı 18, 24.01-28 kg aralığında yer alan birey sayısı 8 ve 28.01-32 kg aralığında yer alan birey sayısı 5 olarak tespit edilmiştir. Bitkideki toplam meyve ağırlığı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 5 adet işaretleyici bitkideki toplam meyve ağırlığı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus bitkideki toplam meyve ağırlığı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.8. Toplam meyve ağırlığı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	13.39	3.67	-	-	-
EM5-ME2.1300	2.89	1.11	0	59	18±4.74
-			1	31	21.48±4.82
EM14-ME11.800	6.44	3.31	0	2	11.5±7.77
-			1	89	19.4±4.84
EM1-ME9.390	-2.06	1.10	0	60	19.7±5.37
-			1	28	18.1±3.95
EM9-ME1.720	-2.27	1.28	0	19	21.47±4.55
-			1	70	18.52±4.95
HVH(CA) ₇ T.470	3.97	1.31	0	17	17±6.82
-			1	69	19.59±4.41
POGP10.920	-3.10	1.43	0	15	22.06±4.36
-			1	75	18.73±4.94

Modelimizin intercept değeri 13.39 olarak hesaplanmıştır. EM5-ME2.1300 markırını 59 kez yok olarak gözlemlenirken, 31 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM14-ME11.800 markırını 2 kez yok olarak gözlemlenirken, 89 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM1-ME9.390 markırını 60 kez yok olarak gözlemlenirken, 28 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM9-ME1.720 markırını

19 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. HVH(CA)₇T.470 markırı 17 kez yok olarak gözlemlenirken, 69 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP10.920 markırı 15 kez yok olarak gözlemlenirken, 75 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda adet açısından varyasyonun %32'sini açıklamıştır.

3.6.4. Ortalama Meyve Ağırlığı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Ortalama meyve ağırlığı açısından 1-2 kg aralığında yer alan birey sayısı 8, 2.01-3 kg aralığında yer alan birey sayısı 57, 3.01-4 kg aralığında yer alan birey sayısı 20, 4.01-5 kg aralığında yer alan birey sayısı 5 ve 5.01-6 kg aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Ortalama meyve ağırlığı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 9 adet işaretleyici ortalama meyve ağırlığı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus ortalama meyve ağırlığı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.9. Ortalama meyve ağırlığı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	2.77	0.34	-	-	-
EM12-ME13.500	-0.46	0.18	0	23	3.21±0.99
-			1	68	2.64±0.66
EM7-ME2.410	-0.92	0.36	0	87	2.82±0.79
-			1	4	2±0
OPN14.750	-0.34	0.16	0	50	2.94±0.89
-			1	41	2.6±0.62
OPE07.850	0.61	0.32	0	6	2.16±0.4
-			1	82	2.84±2.84
POGP5.560	2.08	0.70	0	86	2.81±0.8
-			1	2	3±0

Modelimizin intercept değeri 2.77 olarak hesaplanmıştır. EM12-ME13.500 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM7-ME2.410 markırı 87 kez yok olarak gözlemlenirken, 4 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN14.750 markırı 50 kez yok olarak gözlemlenirken, 41 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPE07.850 markırı 6 kez yok

olarak gözlemlenirken, 82 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP5.560 markırı 86 kez yok olarak gözlemlenirken, 2 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda ortalama meyve ağırlığı açısından varyasyonun %31'ini açıklamıştır.

3.6.5. Meyvede Çizgilerin Varlığı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyvede çizgilerin varlığı açısından var aralığında yer alan birey sayısı 32 ve yok aralığında yer alan birey sayısı 60 olarak tespit edilmiştir. Çizgi varlığı tek gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 7 adet işaretleyici meyvede çizgi varlığı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 1 lokus meyvede çizgi varlığı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.10. Meyvede çizgilerin varlığı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	0.33	0.05	-	-	-
EM4-ME5.1250	1.68	0.47	0	89	0.33±0.47
-			1	1	2±-

Modelimizin intercept değeri 0.33 olarak hesaplanmıştır. EM4-ME5.1250 markırı 89 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda çizgi durumu açısından varyasyonun %14'ünü açıklamıştır.

3.6.6. Çizgi Genişliği Açısından Karakterizasyon

Çizgi genişliği açısından 2-4 cm aralığında yer alan birey sayısı 5, 4.1-6 cm aralığında yer alan birey sayısı 2, 6.1-8 cm aralığında yer alan birey sayısı 9, 8.1-10 cm aralığında yer alan birey sayısı 12, 10.1-12 cm aralığında yer alan birey sayısı 9, 12.1-14 cm aralığında yer alan birey sayısı 4, 14.1-16 cm aralığında yer alan birey sayısı 2, 16.1-18 cm aralığında yer alan birey sayısı 0 ve 18.1-20 cm aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Çizgi genişliği verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Çizgi genişliği kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 8 adet işaretleyici

meyvede çizgi genişliği açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus meyvede çizgi genişliği açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.11. Meyvede çizgilerin genişliği açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	0.55	2.51	-	-	-
EM3-ME4.1500	-2.56	0.84	0	20	11.31±3.38
-			1	18	7.42±2.41
EM3-ME4.1000	2.45	1.11	0	5	6.98±2.87
-			1	29	9.97±3.44
OPN06.780	8.02	2.35	0	2	6,78±5.39
-			1	36	9.62±3.44
EM14-ME12.510	-1.73	0.84	0	22	10.89±3.16
-			1	16	7.52±3.1
POGP12.1600	8.98	2.35	0	35	9.15±3.17
-			1	1	19.67±-

Modelimizin intercept değeri 0.55 olarak hesaplanmıştır. EM3-ME4.1500 markırı 20 kez yok olarak gözlemlenirken, 18 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM3-ME4.1000 markırı 5 kez yok olarak gözlemlenirken, 29 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN06.780 markırı 2 kez yok olarak gözlemlenirken, 36 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM14-ME12.510 markırı 22 kez yok olarak gözlemlenirken, 16 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP12.1600 markırı 35 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda çizgi genişliği açısından varyasyonun %68'ini açıklamıştır.

3.6.7. Erselik Çiçek Durumu Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Erselik çiçek durumu açısından var aralığında yer alan birey sayısı 18, yok aralığında yer alan birey sayısı 72 olarak tespit edilmiştir. Erselik çiçek durumu tek gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 20 adet işaretleyici erselik çiçek durumu açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa

değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus erselik çiçek durumu açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.12. Erselik çiçek durumu açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	0.56	0.20	-	-	-
EM14-ME13.1400	-0.36	0.10	0	75	0.86±0.34
-			1	15	0.46±0.51
EM4-ME5.1750	0.34	0.17	0	4	0.25±0.5
-			1	84	0.82±0.38
OPS09.1800	0.23	0.09	0	21	0.57±0.5
-			1	69	0.86±0.33
EM3-ME1.1300	-0.28	0.08	0	20	1±0
-			1	70	0.74±0.44
EM3-ME2.600	0.14	0.08	0	30	0.63±0.49
-			1	60	0.88±0.32
OPN18.910	-0.25	0.08	0	62	0.88±0.31
-			1	25	0.64±0.48

Modelimizin intercept değeri 0.56 olarak hesaplanmıştır. EM14-ME13.1400 markır 75 kez yok olarak gözlemlenirken, 15 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM4-ME5.1750 markır 4 kez yok olarak gözlemlenirken, 84 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPS09.1800 markır 21 kez yok olarak gözlemlenirken, 69 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM3-ME1.1300 markır 20 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM3-ME2.600 markır 30 kez yok olarak gözlemlenirken, 60 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN18.910 markır 62 kez yok olarak gözlemlenirken, 25 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda erselik çiçek durum açısından varyasyonun %47'sini açıklamıştır.

3.6.8. Meyvede Kabuk Kalınlığı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyvede kabuk kalınlığı açısından 10-12 mm aralığında yer alan birey sayısı 34, 12.1-14 mm aralığında yer alan birey sayısı 37, 14.1-16 mm aralığında yer alan birey sayısı 16 ve 16.1-18 mm aralığında yer alan birey sayısı 4 olarak tespit edilmiştir. Meyvede kabuk kalınlığı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyvede kabuk kalınlığı kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 8 adet işaretleyici meyvede kabuk kalınlığı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon

analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 3 lokus meyvede kabuk kalınlığı modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.13. Meyvede kabuk kalınlığı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	13.69	0.45	-	-	-
EM13-ME7.410	1.06	0.30	0	54	12.68±1.51
-			1	34	13.32±1.92
EM11-ME2.1250	-1.32	0.44	0	10	14.63±2.35
-			1	78	12.78±1.41
EM14-ME12.510	-0.55	0.30	0	48	13.23±1.84
-			1	43	12.65±1.57

Modelimizin intercept değeri 13.69 olarak hesaplanmıştır. EM13-ME7.410 markırı 54 kez yok olarak gözlemlenirken, 34 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM11-ME2.1250 markırı 10 kez yok olarak gözlemlenirken, 78 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM14-ME12.510 markırı 48 kez yok olarak gözlemlenirken, 43 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda kabuk kalınlığı açısından varyasyonun %26'sını açıklamıştır.

3.6.9. Meyve Kabuğu Zemin Rengi Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve kabuğu zemin rengi açısından açık yeşil renk aralığında yer alan birey sayısı 6, yeşil renk aralığında yer alan birey sayısı 83 ve koyu yeşil renk aralığında yer alan birey sayısı 2 olarak tespit edilmiştir. Meyve kabuğu zemin rengi verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir.

Çizelge 3.14. Meyve kabuk zemin rengi açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	0.37	0.33	-	-	-
EM11-ME5.320	-0.45	0.13	0	84	1.97±0.26
-			1	3	1.66±0.57
EM1-ME4.290	1.00	0.22	0	2	1.5±0.7
-			1	89	1.96±0.27
EM15-ME13.280	1.00	0.22	0	1	1±-
-			1	90	1.96±0.27
EM11-ME2.500	-0.36	0.11	0	5	2.2±0.44
-			1	83	1.93±0.28

Meyve kabuğu zemin rengi kantitatif, yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 4 adet işaretleyici meyve kabuk zemin rengi açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 4 lokus meyve kabuk zemin rengi açısından modelimizde yer almıştır. Modelimizin intercept değeri 0.37 olarak hesaplanmıştır. EM11-ME5.320 markırı 84 kez yok olarak gözlemlenirken, 3 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM1-ME4.290 markırı 2 kez yok olarak gözlemlenirken, 89 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM15-ME13.280 markırı 1 kez yok olarak gözlemlenirken, 90 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM11-ME2.500 markırı 5 kez yok olarak gözlemlenirken, 83 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda kabuk zemin rengi açısından varyasyonun %46'sını açıklamıştır.

3.6.10. Meyve Ağırlığı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve ağırlığı açısından 1500-2000 g aralığında yer alan birey sayısı 8, 2000.1-2500 g aralığında yer alan birey sayısı 25, 2500.1-3000 g aralığında yer alan birey sayısı 26, 3000.1-3500 g aralığında yer alan birey sayısı 18, 3500.1-4000 g aralığında yer alan birey sayısı 9, 4000.1-4500 g aralığında yer alan birey sayısı 3, 4500.1-5000 g aralığında yer alan birey sayısı 1 ve 5500-5800 g aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Meyve ağırlığı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyve ağırlığı kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 4 adet işaretleyici meyve ağırlığı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 2 lokus meyve ağırlığı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.15. Meyve ağırlığı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	3573.41	171.11	-	-	-
EM12-ME13.500	-677.90	171.55	0	22	3321.6±981.08
-			1	68	2760.83±756.36
(GA) ₈ YG.1000	-376.58	150.72	0	32	3150.5±882.2
-			1	57	2759.8±806.9

Modelimizin intercept değeri 3573.42 olarak hesaplanmıştır. EM12-ME13.500 markırı 22 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. (GA)₈YG.1000 markırı 32 kez yok olarak gözlemlenirken, 57 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda meyve ağırlığı açısından varyasyonun %22'sini açıklamıştır.

3.6.11. Meyve Çapı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve çapı açısından 10-12 cm aralığında yer alan birey sayısı 1, 12.1-14 cm aralığında yer alan birey sayısı 1, 14.1-16 cm aralığında yer alan birey sayısı 22, 16.1-18 cm aralığında yer alan birey sayısı 50, 18.1-20 cm aralığında yer alan birey sayısı 15 ve 20.1-22 cm aralığında yer alan birey sayısı 2 olarak tespit edilmiştir. Meyve çapı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyve çapı kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 5 adet işaretleyici meyve çapı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus meyve çapı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.16. Meyve çapı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	17.69	1.03	-	-	-
EM11-ME5.730	0.64	0.35	0	17	16.9±1.67
-			1	70	17.3±1.5
EM12-ME13.500	-1.09	0.34	0	22	17.84±1.53
-			1	68	17±1.55
EM6-ME9.600	-1.57	0.76	0	4	18.34±0.95
-			1	86	17.15±1.58
OPE07.850	1.62	0.54	0	6	15.3±2.27
-			1	81	17.35±1.45
(GA) ₈ YG.1000	-0.56	0.31	0	32	17.55±1.38
-			1	57	16.99±1.66

Modelimizin intercept değeri 17.69 olarak hesaplanmıştır. EM11-ME5.730 markırı 17 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM12-ME13.500 markırı 22 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM6-ME9.600 markırı

4 kez yok olarak gözlemlenirken, 86 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPE07.850 markırı 6 kez yok olarak gözlemlenirken, 81 kez var olarak gözlemlenmiştir. (GA)₈YG.1000 markırı 32 kez yok olarak gözlemlenirken, 57 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda kabuk zemin rengi açısından varyasyonun %32'sini açıklamıştır.

3.6.12. Meyve Yüksekliği Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve yüksekliği açısından 12-16 cm aralığında yer alan birey sayısı 18, 16.1-20 cm aralığında yer alan birey sayısı 63, 20.1-24 cm aralığında yer alan birey sayısı 8 ve 24.1-28 cm aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Meyve yüksekliği verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyve yüksekliği kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 4 adet işaretleyici meyve yüksekliği açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 2 lokus meyve yüksekliği açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.17. Meyve yüksekliği açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	18.66	0.46	-	-	-
EM12-ME13.500	-1.77	0.49	0	22	19.94±3.52
-			1	68	17.33±1.78
EM16-ME8.700	3.08	0.64	0	74	17.51±1.82
-			1	13	20.33±4.49

Modelimizin intercept değeri 18.66 olarak hesaplanmıştır. EM12-ME13.500 markırı 22 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM16-ME8.700 markırı 74 kez yok olarak gözlemlenirken, 13 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda meyve yüksekliği açısından varyasyonun %44'ünü açıklamıştır.

3.6.13. Meyve Et Rengi Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve et rengi açısından turuncu renk aralığında yer alan birey sayısı 1, koyu pembe renk aralığında yer alan birey sayısı 2, sarı renk aralığında yer alan birey sayısı 2, açık pembe renk aralığında yer alan birey sayısı 3, pembe renk aralığında yer alan birey sayısı 46, kırmızı

renk aralığında yer alan birey sayısı 27, beyaz renk aralığında yer alan birey sayısı 6 ve açık kırmızı renk aralığında yer alan birey sayısı 4 olarak tespit edilmiştir. Veyve et rengi verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyve et rengi kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 12 adet işaretleyici meyve eti sertliği açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus meyve eti sertliği açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.18. Meyve eti sertliği açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	8.16	0.91	-	-	-
EM7-ME2.200	-1.83	0.71	0	30	6.03±3.46
-			1	60	4.1±3.02
EM15-ME7.920	1.86	0.80	0	63	4.9±3.28
-			1	28	4.39±3.26
EM5-ME13.410	-1.86	0.86	0	72	5.2±3.36
-			1	19	3±2.16
EM9-ME1.720	-2.06	0.77	0	19	6.63±3.11
-			1	70	4.15±3.13
EM11-ME11.410	2.00	0.67	0	63	4.09±3.04
-			1	26	6.23±3.29
OPN18.610	-1.92	0.71	0	35	5.97±3.25
-			1	53	3.83±2.97

Modelimizin intercept değeri 8.16 olarak hesaplanmıştır. EM7-ME2.200 markırı 30 kez yok olarak gözlemlenirken, 60 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM15-ME7.920 markırı 63 kez yok olarak gözlemlenirken, 28 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM5-ME13.410 markırı 72 kez yok olarak gözlemlenirken, 19 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM9-ME1.720 markırı 19 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM11-ME11.410 markırı 63 kez yok olarak gözlemlenirken, 26 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN18.610 markırı 35 kez yok olarak gözlemlenirken, 53 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda meyve et rengi açısından varyasyonun %41'sini açıklamıştır.

3.6.14. S.Ç.K.M Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

S.Ç.K.M açısından %2-3 aralığında yer alan birey sayısı 1, %3.01-4 aralığında yer alan birey sayısı 3, %4.01-5 aralığında yer alan birey sayısı 25, %5.01-6 aralığında yer alan birey sayısı 27, % 6.01-7 aralığında yer alan birey sayısı 21, %7.01-8 aralığında yer alan birey sayısı 8, %8.01-9 aralığında yer alan birey sayısı 8, %9.01-10 aralığında yer alan birey sayısı 8 ve %10.01-11 aralığında yer alan birey sayısı 8 olarak tespit edilmiştir. SÇKM verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. SÇKM kantitatif bir özellik, yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 21 adet işaretleyici SÇKM açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus SÇKM açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.19. SÇKM açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	5.57	0.44	-	-	-
EM3-ME4.1100	-0.60	0.27	0	54	6.2±1.61
-			1	21	5.6±1.12
OPS09.1800	-0.74	0.30	0	21	7.1±1.62
-			1	70	5.67±1.47
EM1-ME3.2000	0.92	0.34	0	18	5.03±0.98
-			1	72	6.27±1.65
OPE14.1200	0.84	0.26	0	55	5.33±0.94
-			1	36	7.03±1.88
POGP5.1200	2.40	0.99	0	87	5.99±1,6
-			1	1	9.48±-

Modelimizin intercept değeri 5.57 olarak hesaplanmıştır. EM3-ME4.1100 markırı 54 kez yok olarak gözlemlenirken, 21 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPS09.1800 markırı 21 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM1-ME3.2000 markırı 18 kez yok olarak gözlemlenirken, 72 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP5.1200 markırı 87 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda SÇKM açısından varyasyonun %48'ini açıklamıştır.

3.6.15. Tohum Kabuğu Zemin Rengi Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Tohum kabuğu zemin rengi açısından siyah işlemeli renk aralığında yer alan birey sayısı 1, siyah renk aralığında yer alan birey sayısı 31, krem renk aralığında yer alan birey sayısı 32, krem hilum siyah renk aralığında yer alan birey sayısı 3, kahverengi renk aralığında yer alan birey sayısı 7, sütlü kahve renk aralığında yer alan birey sayısı 10, krem pembe renk aralığında yer alan birey sayısı 1, krem kenardan siyah renk aralığında yer alan birey sayısı 2, alacalı krem renk aralığında yer alan birey sayısı 1, kızıl kahve renk aralığında yer alan birey sayısı 2 ve koyu kahve renk aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Tohum kabuğu zemin rengi kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 7 adet işaretleyici tohum kabuğu zemin rengi açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus tohum kabuğu zemin rengi açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.20. Tohum kabuğu zemin rengi açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	11.59	1.73	-	-	-
EM3-ME4-700	-1.86	0.80	0	23	6.26±4.67
-			1	63	3.9±2.95
EM12-ME13.500	-1.54	0.80	0	23	5.86±4.38
-			1	68	3.95±3.1
EM5-ME13.410	2.58	0.86	0	72	3.94±2.98
-			1	19	6.31±4.78
EM12-ME1.1500	-1.63	0.69	0	45	5.6±4.3
-			1	44	3.31±2.13
VHVG(TG) _{7.900}	-4.54	1.57	0	4	10±6.48
-			1	87	4.18±3.18
POGP12.1600	8.95	3.05	0	87	4.29±3.37
-			1	1	16±-

Modelimizin intercept değeri 11.59 olarak hesaplanmıştır. EM3-ME4-700 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 63 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM12-ME13.500 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM5-ME13.410 markırı 72 kez yok olarak gözlemlenirken, 19 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM12-

ME1.1500 markırı 45 kez yok olarak gözlemlenirken, 44 kez var olarak gözlemlenmiştir. VHVG(TG)₇.900 markırı 4 kez yok olarak gözlemlenirken, 87 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP12.1600 markırı 87 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda tohum kabuğu zemin rengi açısından varyasyonun %45'ini açıklamıştır.

3.6.16. Tohum Uzunluğu Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Tohum uzunluğu açısından 8-9 cm aralığında yer alan birey sayısı 4, 9.01-10 cm aralığında yer alan birey sayısı 5, 10.01-11 cm aralığında yer alan birey sayısı 3, 11.01-12 cm aralığında yer alan birey sayısı 8, 12.01-13 cm aralığında yer alan birey sayısı 28, 13.01-14 cm aralığında yer alan birey sayısı 40, 14.01-15 cm aralığında yer alan birey sayısı 11 ve 15.01-16 cm aralığında yer alan birey sayısı 2 olarak tespit edilmiştir. Tohum uzunluğu verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Tohum uzunluğu kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 17 adet işaretleyici tohum uzunluğu açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus tohum uzunluğu açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.21. Tohum uzunluğu açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	12.44	0.37	-	-	-
EM16-ME8.700	-0.82	0.46	0	75	12.84±1.61
-			1	13	11.49±1.66
EM9-ME1.720	1.03	0.40	0	19	11.87±1.96
-			1	70	12.86±1.51
EM14-ME12.510	-0.79	0.29	0	48	12.99±1.77
-			1	43	12.28±1.43
POGP12.540	-3.68	0.90	0	86	12.68±1.57
-			1	2	9.14±1.34
POGP5.1200	-2.86	1.32	0	87	12.66±1.63
-			1	1	9.13±-
POGP4.750	-3.44	1.29	0	90	12.69±1.62
-			1	1	9.19±-

Modelimizin intercept değeri 12.44 olarak hesaplanmıştır. Em16-me8.700 markırı 75 kez yok olarak gözlemlenirken, 13 kez var olarak gözlemlenmiştir. Em9-me1.720 markırı 19 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. Em14-me12.510 markırı 48 kez yok olarak gözlemlenirken, 43 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP12.540 markırı 86 kez yok olarak gözlemlenirken, 2 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP5.1200 markırı 87 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP4.750 markırı 90 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda tohum uzunluğu açısından varyasyonun %44'ünü açıklamıştır.

3.6.17. Yumurtalığın Tüylülüğü Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Yumurtalığın tüylülüğü açısından seyrek aralığında yer alan birey sayısı 1 ve orta aralığında yer alan birey sayısı 90 olarak tespit edilmiştir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 4 adet işaretleyici yumurtalığın tüylülüğü açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 4 lokus yumurtalığın tüylülüğü açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.22. Yumurtalığın tüylülüğü açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	2.83	0.04	-	-	-
EM7-ME9.310	0.04	0.04	0	20	2.95±0.22
-			1	71	3±0
EM9-ME1.720	0.05	0.03	0	19	2.94±0.22
-			1	70	3±0
HVH(CA) ₇ T.470	0.03	0.04	0	17	2.94±0.24
-			1	3	0±
POGP8.400	0.07	0.03	0	15	2.93±0.25
-			1	76	3±0

Modelimizin intercept değeri 2.83 olarak hesaplanmıştır. EM7-ME9.310 markırı 20 kez yok olarak gözlemlenirken, 71 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM9-ME1.720 markırı 19 kez yok olarak gözlemlenirken, 70 kez var olarak gözlemlenmiştir. HVH(CA)₇T.470 markırı 17 kez yok olarak gözlemlenirken, 3 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP8.400 markırı 15

kez yok olarak gözlemlenirken, 76 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda tüylülük durumu açısından varyasyonun %16'sını açıklamıştır.

3.6.18. Yumurtalık Çapı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Yumurtalık çapı açısından 6-8 mm aralığında yer alan birey sayısı 3, 8.1-10 mm aralığında yer alan birey sayısı 67, 10.1-12 mm aralığında yer alan birey sayısı 20 ve 12.1-14 mm aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. Yumurtalık çapı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Yumurtalık çapı kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak popülasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 8 adet işaretleyici yumurtalık çapı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus yumurtalık çapı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.23. Yumurtalık çapı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	9.81	0.18	-	-	-
EM11-ME5.1300	2.08	0.77	0	85	9.51±1.01
-			1	1	12±-
EM15-ME13.810	-0.47	0.20	0	16	10.1±1.02
-			1	74	9.44±1
OPH15.810	-0.94	0.31	0	83	9.68±0.89
-			1	7	8.28±1.6
OPA09.500	0.58	0.29	0	83	9.46±0.99
-			1	8	10.5±1.06
POGP4.410	1.42	0.52	0	89	9.5±0.97
-			1	2	12±0

Modelimizin intercept değeri 9.81 olarak hesaplanmıştır. EM11-ME5.1300 markırı 85 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM15-ME13.810 markırı 16 kez yok olarak gözlemlenirken, 74 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPH15.810 markırı 83 kez yok olarak gözlemlenirken, 7 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPA09.500 markırı 83 kez yok olarak gözlemlenirken, 8 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP4.410 markırı 89 kez yok olarak gözlemlenirken, 2 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda yumurtalık çapı açısından varyasyonun %36'sını açıklamıştır.

3.6.19. Yumurtalık Yüksekliği Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Yumurtalık yüksekliği açısından 10-12 mm aralığında yer alan birey sayısı 14, 12.1-14 mm aralığında yer alan birey sayısı 58, 14.1-16 mmm aralığında yer alan birey sayısı 14, 16.1-18 mm aralığında yer alan birey sayısı 3 ve 18.1-20 mm aralığında yer alan birey sayısı 2 olarak tespit edilmiştir. Yumurtalık yüksekliği verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Yumurtalık yüksekliği kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 10 adet işaretleyici yumurtalık yüksekliği açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 5 lokus yumurtalık yüksekliği açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.24. Yumurtalık yüksekliği açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	19.11	1.36	-	-	-
EM11-ME5.730	-0.86	0.37	0	17	14.6±3.16
-			1	71	12.9±1.28
EM11-ME5.500	-4.25	1.34	0	1	17±-
-			1	84	13.2±1.89
EM12-ME13.500	-0.64	0.41	0	23	14.2±2.87
-			1	68	12.9±1.26
OPE14.1200	0.69	0.35	0	55	12.8±1.26
-			1	36	13.8±2.43
POGP10.920	-0.81	0.39	0	15	14.6±3.11
-			1	75	13±1.41

Modelimizin intercept değeri 19.11 olarak hesaplanmıştır. EM11-ME5.730 markırı 17 kez yok olarak gözlemlenirken, 71 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM11-ME5.500 markırı 1 kez yok olarak gözlemlenirken, 84 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM12-ME13.500 markırı 23 kez yok olarak gözlemlenirken, 68 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPE14.1200 markırı 55 kez yok olarak gözlemlenirken, 36 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP10.920 markırı 15 kez yok olarak gözlemlenirken, 75 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda yumurtalık yüksekliği açısından varyasyonun %38'ini açıklamıştır.

3.6.20. Meyve Eti Sertliği Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

Meyve eti sertliği açısından 0.5-1 nt aralığında yer alan birey sayısı 2, 1.01-1.5 nt aralığında yer alan birey sayısı 56, 1.51-2 nt aralığında yer alan birey sayısı 24, 2.01-2.5 nt aralığında yer alan birey sayısı 6 ve 2.51-3 nt aralığında yer alan birey sayısı 3 olarak tespit edilmiştir. Meyve eti sertliği verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. Meyve eti sertliği kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 12 adet işaretleyici meyve eti sertliği açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 4 lokus meyve eti sertliği açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.25. Meyve eti sertliği açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	2.81	0.36	-	-	-
EM15-ME7.920	-0.33	0.11	0	63	1.51±0.34
-			1	28	1.29±0.25
EM6-ME9.600	-0.62	0.26	0	4	1.93±0.59
-			1	87	1.42±0.3
POGP12.300	1.56	0.47	0	87	1.42±0.32
-			1	1	2.07±-
POGP3.3100	-0.75	0.36	0	2	2.17±0.57
-			1	86	1.42±0.31

Modelimizin intercept değeri 2.81 olarak hesaplanmıştır. EM15-ME7.920 markırını 63 kez yok olarak gözlemlenirken, 28 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM6-ME9.600 markırını 4 kez yok olarak gözlemlenirken, 87 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP12.300 markırını 87 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. POGP3.3100 markırını 2 kez yok olarak gözlemlenirken, 86 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda meyve eti sertliği açısından varyasyonun %33'ünü açıklamıştır.

3.6.21. İlk Çiçeklenme Zamanı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

İlk çiçeklenme zamanı açısından 47-50 gün aralığında yer alan birey sayısı 8, 50.01-53 gün aralığında yer alan birey sayısı 52, 53.01-56 gün aralığında yer alan birey sayısı 30 ve 56.01-59 gün aralığında yer alan birey sayısı 1 olarak tespit edilmiştir. İlk çiçeklenme zamanı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. İlk çiçeklenme zamanı kantitatif yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 13 adet işaretleyici ilk çiçeklenme zamanı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 3 lokus ilk çiçeklenme zamanı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.26. İlk çiçeklenme zamanı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	47.95	2.09	-	-	-
EM8-ME9.920	-16.91	3.00	0	86	52.76±1.94
-			1	5	53±1.78
EM11-ME7.320	-28.69	3.11	0	88	52.73±1.93
-			1	3	54 ±1.73
EM7-ME9.310	6.57	2.24	0	20	52.60±2.13
-			1	71	52.83±1.88

Modelimizin intercept değeri 47.95 olarak hesaplanmıştır. EM8-ME9.920 markırı 86 kez yok olarak gözlemlenirken, 5 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM11-ME7.320 markırı 88 kez yok olarak gözlemlenirken, 3 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM7-ME9.310 markırı 20 kez yok olarak gözlemlenirken, 71 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik popülasyonda meyve eti sertliği açısından varyasyonun %88'ini açıklamıştır.

3.6.22. %50 Çiçeklenme Zamanı Açısından Karakterizasyon ve Regresyon Analizi

%50 çiçeklenme zamanı açısından 51-54 gün aralığında yer alan birey sayısı 12, 54.01-57 gün aralığında yer alan birey sayısı 47, 57.01-60 gün aralığında yer alan birey sayısı 28 ve 60.01-63 gün aralığında yer alan birey sayısı 3 olarak tespit edilmiştir. %50 çiçeklenme zamanı verileri çan eğrisi şeklinde dağılım göstermiştir. %50 çiçeklenme zamanı kantitatif

yani çok gen tarafından kontrol edilmektedir. TASSEL programında GLM seçeneği kullanarak populasyon yapısı dikkate alınarak yapılan varyans analizi sonucunda 13 adet işaretleyici %50 çiçeklenme zamanı açısından %5 veya daha düşük alfa değeri düzeyinde önemli bulunmuştur. Önemli olan bu işaretleyiciler SAS programında geri regresyon analizine alınmış ve eliminasyon sonucu alfa değerinde (%5 veya daha düşük) 6 lokus %50 çiçeklenme zamanı açısından modelimizde yer almıştır.

Çizelge 3.27. %50 çiçeklenme zamanı açısından regresyon analiz çizelgesi.

Değişken	Tahmin edilen değer	Standart hata	Markırın Varlığı/yokluğu	Gözlem sayısı	Ortalama±SH
Intercept	13.95	6.81	-	-	-
EM14-ME13.280	18.98	4.36	0	4	55.75±2.98
-			1	79	56.53±1.97
EM5-ME2.250	12.47	4.68	0	1	56±-
-			1	89	56.52±2.20
EM1-ME10.250	-23.07	4.81	0	89	56.52±2.20
-			1	1	56±-
EM1-ME9.290	15.18	3.06	0	19	56.57±1.60
-			1	69	56.53±2.28
OPP141.750	-22.39	3.85	0	89	56.50±2.20
-			1	1	58±-
OPN16.1000	-6.61	2.67	0	65	56.52±2.10
-			1	25	56.52±2.45

Modelimizin intercept değeri 13.95 olarak hesaplanmıştır. EM14-ME13.280 markırı 4 kez yok olarak gözlemlenirken, 79 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM5-ME2.250 markırı 1 kez yok olarak gözlemlenirken, 89 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM1-ME10.250 markırı 89 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. EM1-ME9.290 markırı 19 kez yok olarak gözlemlenirken, 69 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPP141.750 markırı 89 kez yok olarak gözlemlenirken, 1 kez var olarak gözlemlenmiştir. OPN16.1000 markırı 65 kez yok olarak gözlemlenirken, 25 kez var olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik populasyonda meyve eti sertliği açısından varyasyonun %81'ini açıklamıştır.

3.7. Regresyon Analizleri Özeti

Çalışma kapsamında 22 karpuz karakteri yönünden arazide bitkilerin performansı gözlenmiş ve aynı bitkilerin belirlenen DNA markırları yönünden profilleri de ortaya konmuştur. Yapılan karakter-markır regresyon analizleri sonucunda oluşturulan 22 adet moleküler markır

modeli, seçilen önemli karakterleri açısından görülen varyasyonun %10 ile 88 arasında değişen oranlarını açıklayabilmektedir.

Çizelge 3.28. Belirlenen 22 karakter açısından analiz edilen markır-karakter regresyon analiz sonuçları.

No	Özellik	Lokus Sayısı Tassel	Lokus Sayısı SAS	Varyasyon %
1	Yandal Sayısı	8	4	10%
2	Toplam Meyve Adedi	7	3	15%
3	Toplam Meyve Ağırlığı	7	6	32%
4	Ortalama Meyve Ağırlığı	8	5	31%
5	Meyvede Çizgilerin Varlığı	1	1	14%
6	Meyvede Çizgilerin Genişliği	7	5	68%
7	Erselik Çiçek Durumu	9	6	47%
8	Meyvede Kabuk Kalınlığı	7	3	26%
9	Meyve Kabuğu Zemin Rengi	5	4	46%
10	Meyve Ağırlığı	5	2	22%
11	Meyve Çapı	6	5	32%
12	Meyve Yüksekliği	6	2	44%
13	Meyve Et Rengi	13	6	41%
14	SÇKM	16	5	48%
15	Tohum Kabuğu Zemin Rengi	10	6	45%
16	Tohum Uzunluğu	10	6	44%
17	Yumurtalığın Tüylülüğü	5	4	16%
18	Yumurtalık Çapı	9	5	36%
19	Yumurtalığın Yüksekliği	6	5	38%
20	Meyve Eti Sertliği	6	4	33%
21	İlk Çiçeklenme Zamanı	5	3	88%
22	%50 Çiçeklenme Zamanı	7	6	81%

3.8. Markırların Korelasyon Analizleri

Yukarıda regresyon analizlerinde yer alan markırların tamamı bağlantı olup olmadığını anlamak için korelasyon analizine tabi tutulmuştur. Sadece birkaç tanesi %5 veya

1 düzeyinde önemli p değeri vermiş ancak bunların da r değerleri çok düşük çıkmıştır. Bu markırların birbirlerinden uzak kromozom bölgelerinde bulunduğu anlamına gelmektedir. Herhangi bir karakter açısından markırlar arasında korelasyon olup olmadığını tespit edebilmek amacıyla SAS programından yararlanılmıştır. Her karakter için ilişkili markırlar arasında korelasyon analizi yapılmıştır. Bunlardan sadece aşağıdakilerden birisi örnek olarak verilecektir.

Toplam meyve ağırlığı açısından birbiri arasında ilişkili markırlar bulunmuştur. Ancak r değeri düşük olduğundan önemsizdir. EM5.ME2.1300 ile EM1.ME9.390 markırları arasında negatif yönlü ve çok önemli düzeyde bir ilişki vardır. EM5.ME.2.1300 ile EM9.ME1.720 markırları arasında negatif yönlü ve önemli düzeyde bir ilişki vardır. EM5.ME2.1300 ile HVHCA7T.470 markırları arasında negatif yönlü ve çok önemli düzeyde bir ilişki bulunmuştur. EM1.ME9.390 ile HVH(CA)₇T.470 markırları arasında negatif yönlü ve önemli düzeyde bir ilişki bulunmuştur. EM9.ME1.720 ile HVH(CA)₇T.470 markırları arasında pozitif yönlü ve önemli düzeyde bir ilişki bulunmuştur. EM5.ME2.1300 ile POGP10.920 markırları arasında pozitif yönlü ve önemli düzeyde bir ilişki bulunmuştur. HVH(CA)₇T.470 ile POGP10.920 markırları arasında pozitif yönlü ve önemli düzeyde bir ilişki bulunmuştur.

Çizelge 3.28. Toplam meyve ağırlığı açısından korelasyon analiz çizelgesi

	EM5.ME2.1300	EM14.ME11.800	EM1.ME9.390	EM9.ME1.720	HVH(CA) ₇ T.470	POGP10.920
EM5.ME2.1300	-	0.108	0.006**	-0.014*	-0.008**	0.019*
EM14.ME11.800			0.104	-0.076	0.107	-0.063
EM1.ME9.390				0.084	-0.0304*	0.055
EM9.ME1.720					0.027*	0.218
HVH(CA) ₇ T.470						0.037*

*%5 düzeyinde önemlidir.

**%1 düzeyinde önemlidir.

4. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu çalışmada, ilişki haritalaması (İH) yöntemini ülkemizin önemli gen havuzu olan Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümünde bulunan Türkiye'nin değişik bölgelerinden toplanmış ve yurt dışından introduksiyon ile getirilen toplam 259 adet karpuz hattı arasından seçilen 96 hat içerisinde Adana'da morfolojik karakterizasyon ve Erciyes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü laboratuvarında PCR metoduna

dayalı SSR, SRAP, RAPD ve ISSR gen polimorfizmi çalışılmıştır. Bütün veriler bir araya getirilerek belirlenen önemli bitki karakterleri açısından moleküler markırlar geliştirilmiştir. Araştırmadan elde edilen sonuçlar aşağıda maddeler halinde özetlenmiştir:

1. Seçilen karpuz genotiplerinde Adana’da bulunan Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi arazilerinde bölgeyi temsil eden bir ekolojide tesadüf blokları deneme deseni kullanılarak morfolojik karakterizasyon yapılmıştır. İncelenen karakterlerin dağılımı şu şekildedir: 6 adet genel bitki özelliği, 7 adet meyve dış özelliği ve 5 adet meyve iç özelliği olmak üzere toplam 18’dir. Bunlar Çizelge olarak bulgular bölümünde verilmiştir. İncelenen bütün karakterler açısından varyasyon tespit edilmiştir. Bu veriler markır-karakter ilişki analizinde kullanılmıştır. Morfolojik karakterizasyon konusunda belirlenen hedeflere tam olarak ulaşılmıştır.
2. Çalışmada yukarıda belirtilen SSR, SRAP, RAPD ve ISSR primer kombinasyonları ile tarama yapılmış ve iyi sonuç verenler tüm hatlara uygulanmıştır. 259 genotip arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesinde 79 adet SSR, 40 adet SRAP, 11 adet RAPD ve 4 adet ISSR primeri kullanılmıştır. Skorumla sonucunda tüm genotiplerde %5-10’un polimorfizm gösteren lokuslar nadir allel olarak değerlendirilmiş ve bu allellerin tamamı çıkarılmıştır. 36 adet (%23) markır %5-10 düzeyinde polimorfizm göstermiştir. Kullanılan 79 adet SSR primeriyle ilgili çalışmalarda ise şu ana kadar yapılan çalışmalardan çok az sayıda primerden polimorfizm elde edilmiştir. Bu polimorfizm ise nadir allellerin çok olmasından dolayı ilişki haritalaması için uygun değildir. Polimorfizmin düşük olmasının sebebi olarak çalışılan bütün hatların *C. lanatus* türü içerisinde olan kültürü yapılan alttüre ait olması görülebilir. Ülkemizin farklı bölgelerinden toplanmış olmasına rağmen, tüketicilerin istekleri (renk, tat vb.) ve yüksek verim doğrultusunda seleksiyon yapıldığı için genetik çeşitlilik daralmış durumdadır. Burada karşılaştığımız diğer bir sorun da bir yüksek lisans öğrencisine 2011 yılında tez çalışması olarak verilmesine rağmen öğrencinin çalışmalarını bitirmeden yüksek lisans eğitimini bırakması olmuştur. Bu nedenle Yüksek Lisans eğitimine yeni başlayan bir öğrenciye SSR karakterizasyonu konusunun tez çalışması olarak verilmesi (daha fazla SSR primeri kullanılarak) planlanmıştır.
3. Sonuçlandırılan bu proje daha önce sonuçlandırılan FBY-12-3838 kodlu “Bazı Karpuz Hatlarında Önemli Morfolojik Karakterlerle İlişkili SRAP Markırların Geliştirilmesi” adlı projenin devamı niteliğinde olduğundan önceki projenin çıktıları bu proje çıktılarıyla beraber analiz edilmiştir.

4. Çalışılan bitkisel karakterler karpuzda verim ve kaliteyi etkileyebilecek önemli karakterlerdir. Bu çalışma daha öncede vurgulandığı gibi ilişki haritalamasının mümkün olup olmayacağını ortaya koymak amacıyla yapılmıştır. Bu haliyle bir ön çalışma niteliğindedir ve daha fazla polimorfizm belirleyecek primerler ile çalışılması gerekmektedir. Daha sonra hazırlanacak projelerle çözünürlük düzeyi artırılarak daha fazla marker bulunmasına yönelik çalışmalar yapılmalıdır.

5. KAYNAKLAR

- ANONYMOUS, 2008. FAO. <http://www.fao.org>
- ALBERT, K.B., Tanksley, S.D. High-resolution mapping and isolation of a yeast artificial chromosome contig containing fw2.2: A major fruit weight quantitative trait locus in tomato. PNAS 93: 15503–15507 (1996).
- BROTMAN, Y., Kovalski, I., Dogimont, C., Pitrat, M., Portnoy, V., Katzir, N., Perl-Treves, R. Molecular markers linked to papaya ring spot virus resistance and Fusarium race 2 resistance in melon. TAG 110: 337-45 (2005).
- DANIN-POLEG, Y., Reis, N., Tzuri, G., Katzir, N. Development and characterization of microsatellite markers in Cucumis. TAG 102: 61—72 (2001).
- DE WINTER, B. A new species of Citrullus (Benincaseae) from the Namib Desert, Namibia. Bothalia 20:209–211 (1990).
- EL-HAFEZ, A.A.A., Gaafer, a.k., Allam, a.m.m. Inheritance of flesh color, seed coat cracks and total soluble solids in watermelon and their genetic relations. Acta Agron. Acad. Hungaricae 30: 82-86 (1981).
- ERSOZ, E.S., Yu, j., Buckler, E.S. Applications of Linkage Disequilibrium and Association Mapping in Maize. In Biotechnology in Agriculture and Forestry: *Molecular Genetic Approaches to Maize Improvement*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg 63: 173-195 (2009).
- ESQUINAZ-ALCAZAR, J.T., Gulick, P.J. Genetic resources of Cucurbitaceae – a global report. International Board for Plant Genetic Resources, Rome (1983).
- FERRIOL, M., PICO, B., Nuez, F. Genetic diversity of a germplasm collection of Cucurbita pepo using SRAP and AFLP markers. TAG 107: 271-282 (2003).
- GOLDSTEIN, D.B., Cavalleri, G.L., Ahmadi, K.R. The genetics of common diseases: 10 million times as hard, Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology 68:395-401 (2003).
- GULSEN, O., Uzun, A., Canan, I., Seday, U., Canihos, E. A new citrus linkage map based on SRAP, SSR, ISSR, POGP, RGA and RAPD markers. Euphytica DOI: 10.1007/s10681-010-0146-7 (2010).
- GUNER, N., Wehner T.C. Gene list for watermelon. Cucurbit Genetics Cooperative Report 26:76-92 (2003).
- GUNER, N., Wehner, T.C. The genes of watermelon. HortScience 39: 1175-1182 (2004).
- GUPTA, P.K., Rustgi, S., Kulwal, P.L. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: present status and future prospects. Plant Mol Biol 57:461-85 (2005).
- GUSMINI, G., Wehner, T.C. Qualitative inheritance of rind pattern and flesh color in watermelon. J. Hered. 97: 177-185 (2006a).
- GUSMINI, G. Wehner, T.C. Review of watermelon genetics for plant breeders. Cucurbit Genet. Coop. Report. 28-29: 52-61 (2006b).
- HENDERSON, W.R., Scott, G.H., Wehner, T.C. Inheritance of orange flesh color in watermelon. Cucurbit Genetics Cooperative Report 12:59-63 (1989).
- HENDERSON, W.R., Scott, G.H., Wehner, T.C. Interaction of flesh color genes in watermelon. Journal of Heredity 89:50-53 (1998).
- HASHIZUME, T., Shimamoto, I., Hirai, M. Construction of a linkage map and QTL analysis of horticultural traits for watermelon [Citrullus lanatus (THUNB.) MATSUM & NAKAI] using RAPD, RFLP and ISSR markers. Theor Appl Genet 106:779–785 (2003).
- HAWKINS, L.K., Dane, F. Molecular markers associated with morphological traits in watermelon. HortScience 36: 1318-1322 (2001).
- HIRSCHROM, J.N., DALY, M.J. Genome-wide association studies for common diseases and complex traits. Nat Rev Genet 6:95–108 (2005).
- IGARTUA, E., Casas, A.M., Ciudad, F., Montoya, J.L., Romagosa, I. RFLP markers associated with major genes controlling heading date evaluated in a barley germ plasm pool. Heredity 83:551-559 (1999).

- IVANDIC, V., Hackett, C.A., Nevo, E., Keith, R., Thomas, W. T. B. Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the Fertile Crescent: associations with ecology, geography and flowering time. *Plant Mol. Biol.* 48: 511–527. (2002).
- IWATA, H., Uga, Y., Yoshioka, Y., Ebana, K., Hayashiki, T. Bayesian association mapping of multiple quantitative trait loci and its application to the analysis of genetic variation among *Oryza sativa* L. germplasms. *TAG* 114: 1437–49 (2007).
- KANDA, T. The inheritance of seed-coat colouring in the watermelon. *Jap. J. Genet.* 7: 30–48 (1931).
- KATZIR, N., Danin-Poleg, Y., Tzuri, G., Karchi, Z., Lavi, U., Cregan, P.B. Length polymorphism and homologies of microsatellites in several Cucurbitaceae species. *TAG* 93:1282–1290 (1996).
- KONSLER, T.R., Barham, W.S. The Inheritance of seed size in watermelon. *American Society for Horticultural Science* 71:480–484 (1958).
- KORN, R.W. Watermelon Stripes. A case for the Clonal Mosaic Model in Plants. *Journal of Theoretical Biology* 247: 859–861 (2007).
- KRAAKMAN, A., Niks, R.E., Van den Berg, M.M., Stam, P., Van Eeuwijk, F.A. Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars. *Genetics* 168: 435–446 (2004).
- KUCUK, A., Abak, K., Sari, N. Cucurbit genetic resources in Turkey. Cucurbit genetic resources in Europe. In: *Ad Hoc meeting*, 19 January 2002 Adana, Turkey, pp 46–51 (2002).
- LEVI, A., Thomas, C.E., Keinath, A.P., Wehner, T.C. Genetic diversity among watermelon (*Citrullus lanatus* and *Citrullus colocynthis*) accessions. *Genet Resour Crop Evol* 48(6):559–566. doi:10.1023/A:1013888418442 (2001).
- LEVI A, THOMAS CE, TREBITSH T, SALMAN A, KING J, KARALIUS J, NEWMAN M, REDDY OUK, XU Y and ZHANG X. An extended linkage map for watermelon based on SRAP, AFLP, SSR, ISSR and RAPD markers. *Journal of The American Society For Horticultural Science* 131: 393–402 (2006).
- LI, G., Quiros, C.F. Sequence related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica. *TAG* 103: 455–461 (2001).
- LOU, L. Inheritance of Fruit Characteristics in Watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai]. Master's Thesis. North Caroline State University (2009).
- McKAY, J.W. Factor interaction in *Citrullus*. *J. Hered.* 27: 110–112 (1936).
- MUTLU, N., Ikten, H., Gulsen, O., Kocataş, H., Aksoy, U. (Özet) Association mapping for sex and fruit characteristics in *Ficus carica*, *Hortscience* 43, 1117 (2008).
- NORDBORG, M., Tavaré, S. Linkage disequilibrium: what history has to tell us. *Trends Genet* 18:83–90 (2002).
- OYOLU, C. A quantitative and qualitative study of seed types in egusi (*Colocynthis citrullus* L.). *Tropic Sci.* 19:55–62 (1977).
- OMS-OLIU G, ODRIOZOLA-SERRANO I, SOLIVA-FORTUNY R, MARTÍN-BELLOSO O. Use of Weibull distribution for describing kinetics of antioxidant potential changes in fresh-cut watermelon *J. Food Engineering*, 95: 1, 99–105 (2009).
- PARAN, I., Zamir, D. Quantitative traits in plants: beyond the QTL. *Trends in Genetics* 19: 303–306 (2003).
- POOLE, C.F., Grimball, P.C., Porter, D.R. Inheritance of seed characters in watermelon. *J. Agr. Res.* 63: 433–456 (1941).
- PORTER, D.R. Inheritance of certain fruit and seed characters in watermelons. *Hilgardia* 10: 489–509 (1937).
- PRITCHARD, K. J., Stephens, M., Donnelly, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155:945–959 (2000).
- RHODES, B., Dane, f. Gene list for watermelon. *Cucurbit Genetics Coop. Rpt.* 22: 61–74 (1999).
- ROBINSON, R.W., Decker-Walters, D.S. *Cucurbits*. CAB International, New York, pp 84–88 (1997).
- ROSS-IBARRA, J., Morrell, P. L., Gaut, B. S. Plant domestication, a unique opportunity to identify the genetic basis of adaption. *PNAS*, 104: 8641–8648 (2007).
- SARI, N., Solmaz, I., Yetisir, H., Unlu, H. Watermelon genetic resources in Turkey and their characteristics. *Acta Hortic* 731:33–438 (2007).
- SHIMOTSUMA, M. Cytogenetical studies in the genus *Citrullus*. VII. Inheritance of several characters in watermelons. *Jap. J. Breeding* 13: 235–240 (1963).
- SIMKO, I.S., Costanzo, K.G., Haynes, B.J., RW. Jones. Linkage disequilibrium mapping of a *Verticillium dahliae* resistance quantitative trait locus in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) through a candidate gene approach. *TAG* 108: 217–224 (2004).
- SKOT, L. Gene Mapping in Natural Plant Populations-Guilt by Association. *Iger Innovations*, 12–1 (2003).
- SKOT, L., Humphreys, M.O., Armstead, I., Heywood, S., Skot, K.P., Sanderson, R., Thomas, I.D., Chorlton, H., Hamillton, N.R.S. An association mapping approach to identify flowering time genes in natural populations of *Lolium perenne* (L.). *Molecular Breeding* 15: 233–245 (2005).
- SZALMA, S.J., Buckler, A.E., Snook, M.E., McMullen, M.D. Association analysis of candidate genes for maysin and chlorogenic acid accumulation in maize silks. *TAG* 110: 1324–1333 (2005).

- TADMOR, Y., Katzir, N., King, S., Levi, A., Davis, A.R., Hirschberg J. Fruit coloration in watermelon - lessons from the tomato. *Progress in Cucurbit Genetics and Breeding Research*. A. Lebeda and H.S. Paris (Eds.). p. 181-185 (2004a).
- TADMOR, Y., King, S., Levi, A., Davis, A.R., Hirschberg, J. Comparative fruit coloration in watermelon and tomato. Meeting Abstract. 3rd International Congress on Pigments in Food, L. Dufosse (ed.) (France). pg 400-402 (2004b).
- TANAKA, T., Wimol, S., Mizutani, T. Inheritance of fruit shape and seed size of watermelon. *J. Japan. Soc. Hort. Sci.* 64(3): 543-548 (1995).
- THORNSBERRY, J.M., Goodman, M. M., Doebley, J., Kresovich, S., Nielsen, D. Dwarf8 polymorphisms associate with variation in flowering time. *Nat. Genet.* 28: 286–289 (2001).
- WAI, T., Grumet, R. Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus in the cucumber line TMG-1: tissue-specific expression and relationship to zucchini yellow mosaic virus resistance. *TAG* 91:699-706 (1995).
- WATCHARAWONGPAIBON, N., Chunwongse, J. Development and Characterization of Microsatellite Markers from an Enriched Genomic Library of Cucumber (*Cucumis sativus*) *Plant Breeding* 127: 74—81 (2008).
- WEETMAN, L.M. Inheritance and correlation of shape, size, and color in the watermelon, *Citrullus vulgaris* Schrad. *Iowa Agr. Expt. Sta. Res. Bul.* 228: 222-256 (1937).
- WEHNER, T.C. Overview of the genes of watermelon. *Proc. Cucurbitaceae 2008, EUCARPIA meeting*, p. 79-89 (ed. M. Pitrat) (2008).
- ZHANG, X.P., Rhodes, B. B., Wang, M. Genes controlling watermelon seed size. *Cucurbitaceae '94: Evaluation and Enhancement of Cucurbit Germplasm*, p. 144-147 (eds. G. Lester and J. Dunlap). ASHS Press, Alexandria, Virginia (1995).
- ZHANG, J. Breeding and production of watermelon for edible seed in China. *Cucurbit Genetics Cooperative Report* 19:66-67 (1996a).
- ZHANG, J. Inheritance of seed size from diverse crosses in watermelon. *Cucurbit Genetics Coop. Rpt.* 19: 67-69 (1996b).