

TÜRKİYE ACURLARININ (*CUCUMIS MELO VAR. FLEXUOSUS*) GENETİK VE MORFOLOJİK KARAKTERİZASYONU*

Genetic And Morphological Characterization Of
Turkey's Snake Melon (*Cucumis melo var. flexuosus*)

Murat Talha KÖSE
Biyoteknoloji Anabilim
Dalı

Prof. Dr. Nebahat SARI
Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Doç. Dr. Yıldız AKAKAÇAR
Biyoteknoloji Anabilim Dalı

ÖZET

Bu çalışma, Türkiye'deki acur genetik çeşitliliğinin ve acurun diğer *Cucumis* türleri içerisindeki yerinin belirlenmesi amacıyla Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü sera ve laboratuvarlarında yürütülmüştür. Türkiye'nin farklı bölgelerinden, Ulusal Gen Bankası'ndan ve Fransa Dünya Kavun Gen Bankası'ndan temin edilen 68 acur, 9 kavun ve 1 hıyar genotipi hem morfolojik, hem de moleküler olarak karakterize edilmiştir. Morfolojik karakterizasyon UPOV deskriptörüne göre yapılmıştır. Ayrıca 3'ü fidede, 3'ü bitkide, 3'ü yaprakta, 2'si yumurtalıkta ve 3'ü de meyvede olmak üzere toplam 14 kantitatif karakterde ölçüm yapılmıştır. Morfolojik karakterizasyon neticesinde genotiplerin 4 ana gruba ayrıldığı saptanmıştır. Moleküler karakterizasyon 17 adet primer ile RAPD yöntemi kullanılarak yapılmıştır. Toplam 132 bant elde edilmiş olup, bunlardan 126 adedi polimorfik, 6 adedi monomorfik olarak bulunmuştur. Polimorfizm oranı ise % 95.45'dir. Genetik olarak birbirine en yakın genotipler A-7, A-9 ve A-8 olarak tespit edilmiştir.

Anahtar Kelimeler : Acur, kavun, hıyar, UPOV deskriptörü, RAPD

ABSTRACT

This research was carried out in greenhouse and laboratory of Department of Horticulture, Faculty of Agriculture, University of Çukurova for detecting the genetic diversity of Turkish snake melon and its relation with other *Cucumis* species. Sixty eight snake melons, 9 melons and 1 cucumber genotype obtained from different regions of Turkey, National Gene Bank and France World Melon Gene Bank were characterized morphologically and molecularly. Morphological characterization was done according to UPOV descriptor list. Besides, totally 14 quantitative characters were measured in seedling (3), plant (3), leaf (3), ovary (2) and fruit (3) traits. As a result of morphological characterization, it was determined that the genotypes were separated into four main groups. Molecular characterization was conducted using 17 RAPD primers. Totally 132 bands were produced, 126 of them were polymorphic and 6 of them were monomorphic. Polymorphism rate was % 95.45. Genetically A-7, A-9 and A-8 were detected closest genotypes to each other.

Key Words : Snake melon, melon, cucumber, UPOV descriptor, RAPD

* Yüksek Lisans Tezi-MSc. Thesis

Giriş

Acurun (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) anavatanı hakkında kesin bir bilgi bulunmamakla birlikte; Anadolu, İran, Afganistan ve Güney Batı Asya anavatanı olarak kabul edilmektedir (Vural ve ark., 2000). Acur sofralık ve turşuluk olarak yaz aylarında açık tarla koşullarında yetiştirilen bir sebze olup, Türkiye'de 22 000 ton civarında üretilmektedir (TÜİK, 2004). Acur tamamen iç pazar için yetiştirilmekte ve tüketilmektedir. Halk arasında hıtta, hıttı, acur olarak da adlandırılır.

Bitki genetik kaynakları; köy populasyonları ile bunların yabani akrabaları, kullanılmayan eski çeşitler ve genetik özellikleri tam olarak belirlenmiş hatlardan oluşur. Bitki genetik kaynakları, genetik çeşitlilik için önemli kaynak niteliğinde olup, bir bitki türünün gen havuzundaki kalıtsal bilginin çeşitliliği, zenginliğini içermektedir. Bitki genetik kaynaklarının karakterizasyonu, temel olarak tohum örnekleri ya da populasyonlar arasındaki genetik farklılıkların, bu örnek ve populasyonlardaki genetik varyasyonun miktarı ve dağılımının ortaya konması amacıyla yapılır (Anonim, 2008).

Bu çalışma ile, ülkemizin de gen merkezi içinde bulunduğu acurda (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) genetik çeşitliliğin morfolojik ve moleküler olarak tespit edilmesi ve acurun diğer kavun genotipleri ve dünyada başka ülkelerde yetiştirilen acur genotipleri ile akrabalıklarının tespiti amaçlanmıştır. Dünya'da kavun türünde bu yönde çalışmalar bulunmakla birlikte, ülkemizin de anavatanı arasında bulunduğu acur türünde pek fazla çalışmaya rastlanmamıştır. Bazı acur genotiplerinin morfolojik karakterizasyonu ile ilgili bir çalışma Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü'nde (Solmaz ve ark., 2004) yapılmıştır. Yürütülen bu tez çalışması kapsamında ise acurun (*Cucumis melo* var. *flexuosus*), diğer *Cucumis* türleri ile akrabalık ilişkileri morfolojik ve moleküler olarak belirlenmeye çalışılmıştır.

Materyal ve Metot

Materyal

Türkiye'nin Orta Anadolu, Güneydoğu Anadolu ve Akdeniz bölgelerinden toplanan acur genotipleri ile *Cucumis* cinsinin diğer türlerine ait genotiplerin morfolojik ve moleküler karakterizasyonunun yapıldığı bu çalışmada, 68 adet acur (*Cucumis melo* var. *flexuosus*), 9 adet kültür yapılan ve yapılmayan kavun (*Cucumis melo* L.) ve 1 adet de hıyar (*Cucumis sativus* L.) genotipi olmak üzere toplam 78 genotip kullanılmıştır. Çalışmada materyal olarak Türkiye Bitki Gen Bankası olan Tarım ve Köyşleri Bakanlığı Menemen Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nden temin edilen 17 adet genotiple birlikte; Orta Anadolu'dan Ankara, Kayseri ve Niğde; Akdeniz Bölgesi'nden Kahramanmaraş, Adana ve Isparta; Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nden ise Şanlıurfa, Mardin, Diyarbakır, Kilis ve Siirt'ten toplanan materyaller kullanılmıştır.

Şahit olarak Dünya Kavun Gen Bankası'ndan sağlanan *Cucumis melo* var. *flexuosus*'a ait 25 genotip ile birlikte, *Cucumis melo* var. *inodorus*, *Cucumis melo* var. *dudaim*, *Cucumis melo* var. *chito*, *Cucumis melo* var. *momordica*, *Cucumis melo* var. *conomon* ve *Cucumis melo* var. *cantalupensis* kullanılmıştır. Ayrıca

Cucumis cinsine giren *Cucumis sativus* (hıyar) ile Güney Doğu Anadolu Bölgesi'nde tüylü acur olarak bilinen başka bir genotip de şahit grubu oluşturmuştur. Ayrıca, Fransa (INRA), Hindistan, İspanya, Libya, Irak, Suriye, Fas, Tunus, Afganistan, Suudi Arabistan, Sudan, Mısır gibi değişik ülkelerden acur genotipleri istenmiş ve çalışmaya eklenmiştir.

Metot

Morfolojik Karakterizasyon

Tohumlar 12.02.2007'de 2 kısım torf:1 kısım perlit doldurulmuş 45'li gözlemlere sahip viyollere her genotipten 10'ar adet olacak şekilde ekilmiştir. Bitkiler ilk gerçek yapraklı olduğu dönemde fide gözlemleri ile birlikte fidelikte hipokotil ve kotiledon ölçümleri yapılmıştır (Solmaz ve ark., 2004). Dikim büyüklüğüne ulaşan fidelerden 5 adedi 20.03.2007'de (1 – 0.4) x 0.4 m mesafelerle seraya dikilmiştir. Bitkiler askıda tek gövdeli olarak yetiştirilmiş ve gerekli bakım işlemleri yapılmıştır.

Çalışmada yapılan gözlemler UPOV (Uluslararası Yeni Bitki Çeşitlerini Koruma Birliği)'ca kuralları belirlenmiş olan, Tarım ve Köyişleri Bakanlığı'nca Türkçe'ye uyarlanarak 12 Ekim 1998 tarihinde ve 23491 sayılı Resmi Gazete'de yer alarak yürürlüğe giren, "Bitki Özellik Belgeleri Hakkında Tebliğ" e göre yapılmıştır.

RAPD Markörleri ile Genetik Karakterizasyon

DNA İzolasyonu

Genotiplere ait morfolojik karakterizasyon için ekilen tohumlardan oluşan fideler 2-3 yapraklı aşamaya ulaştığında DNA izolasyonu için örnekler alınarak alüminyum folyoya sarılıp, sıvı azotta -196°C'de dondurularak -85°C'de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonunda Dneasy Plant Mini Kit (Qiagen S.A.) kullanılmış ve izolasyon önerilen şekilde gerçekleştirilmiştir.

RAPD Analizinde Kullanılan Primerler

Acurda genetik karakterizasyon RAPD markör tekniği ile araştırılmıştır. Çalışmada 48 primer (OPAA1, OPAA2, OPAA6, OPAA18, OPAC5, OPAC7, OPAC8, OPAC9, OPAC11, OPAC13, OPAC16, OPAF3, OPAF6, OPAF7, OPAF10, OPAF11, OPAF13, OPAF19, OPAH4, OPAH6, OPAH8, OPAH12, OPAH15, OPAH16, OPAH17, OPAH18, OPAH19, OPAI1, OPAI5, OPAI7, OPAI10, OPAI12, OPAI13, OPAJ3, OPAJ8, OPAJ15, OPAJ18, OPAK4, OPAK5, OPAK7, OPAK8, OPAK9, OPAK12, OPAK15, OPAK18, OPB4, OPB6, OPB10) denenerek, polimorfik olanlar çalışmada kullanılmıştır. Primerler Operon Technologies (Alameda CA) firmasından temin edilmiştir. Ayrıca daha önce yapılan çalışmalarda polimorfik olarak bulunan OPB12 ve OPAJ18 (Lopez-Sese ve ark., 2002) primerler de kullanılmıştır.

DNA Amplifikasyonu (PCR)

Her biri 0.2 ml'lik 8'li tüp içerisine; 3 µl genomik DNA (5 ng), 6 µl 2X PCRmix (Fermentas), 0.5 µl MgCl₂ (Fermentas), 0.05 µl Taq polimeraz

(Fermentas), 1.45 µl ddH₂O, 1 µl primer (20 ng) (Operon) koyularak toplam 12 µl olacak şekilde ayarlanmıştır.

94°C 2 dk ön denatürasyon, 94°C 2 dk DNA'nın çift iplikçığının ayrılması "**denaturation**", 37°C 1 dk primer bağlanması "**annealing**", 72°C 2 dk yeni iplikçığın yazılımı "**extension**", 55 döngü, 72°C 6 dk son yazılım, 4°C ∞ şeklinde ayarlanmıştır.

Agaroz Jel Elektroforez

PCR'den elde edilen ürünlerin üzerine 3 µl 6X yükleme solusyonu eklenerek toplam 15 µl PCR ürünü % 1.5 agarose jelin (jel içine 0.5 mg/ml ethidium bromide eklenmiş) yükleme kuyucuklarına yüklenip Şekil 3.3'de görülen elektroforez tanklarında 3.5 saat 70 volt altında koşturulmuş ve UV altında fotoğrafları bilgisayar yardımıyla çekilmiştir.

Verilerin Analizi ve Dendrogramların Oluşturulması

Çalışmada kullanılan acur, kavun ve hıyar genotipleri 54 özellik bakımından UPOV deskriptörüne göre sınıflandırıldıklarından, elde edilen veri dosyası kategorik değişkenler içermiştir. Bu yüzden, bu veri dosyası çoklu değişken analizlerinden kümeleme (clustering) ve temel koordinatlar (principle coordinate) analizlerine tabi tutulmuşlardır. Analizler, NTSYS programı (Rohlf, 1998) kullanılarak yapılmıştır. Veri dosyasından öncelikle Jaccard katsayısı kullanılarak bir benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Bu matris kümeleme analizi için kullanılarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average) metodu ile bir dendrogram elde edilmiştir. Elde edilen dendrogramın benzerlik matrisini ne ölçüde temsil ettiği Mantel'in Matris Benzeşme testi (Mantel's matrix correspondence test) ile test edilmiştir (Mantel, 1967). Bu test sonucunda cophenetic correlation coefficient, *r*, değeri elde edilmiştir. Temel koordinat analizi için de aynı benzerlik matrisi kullanılmış, elde edilen temel koordinatlar üzerinde genotiplerin dağılımları grafik yoluyla belirlenmiştir.

Elektroforez sonucunda agaroz jelde her bir primer için oluşan bantların değerlendirilmesinde 1kb DNA markır kullanılmıştır. Bu markırların 300 ile 1500 bp arasında çıkan bantlar değerlendirmeye alınmıştır. Çekilen jel resimlerinden elde edilen sonuçlar da bant varlığı durumunda (1), yokluğu durumunda (0) ve amplifikasyonun olmadığı durumlarda (9) değeri verilecek şekilde Microsoft Excel programına girilerek bir tablo oluşturulmuştur. Bu tablo, kümeleme (cluster) ve temel koordinat (principle coordinate) analizlerine tabi tutulmuştur. Bu analizler NTSYS (Rohlf, 1998) adlı bilgisayar paket programı ile yapılmıştır. Morfolojik testlerde olduğu gibi öncelikle Jaccard yöntemi kullanılarak bir benzerlik matrisi oluşturulmuş ve bu matris kullanılarak UPGMA metodu ile dendrogramlar elde edilmiştir. Benzerlik matrisi ile dendrogramın ne ölçüde birbirine benzedikleri ise yine Mantel'in Matris Benzeşme testi kullanılarak hesaplanmıştır (Mantel, 1967).

Araştırma Bulguları ve Tartışma
Morfolojik Karakterizasyon Çalışmaları Bulguları
UPOV Deskriptörüne Göre Yapılan Gözlemlerin Bulguları

Türkiye'nin farklı bölgelerinden ve Fransa Dünya Kavun Gen Bankasından temin edilen 68 acur, 9 kavun ve 1 hıyar genotiplerinden seraya dikimi yapılabilen 60 genotipte UPOV'a göre 54 özellik bakımından gözlemler yapılmıştır. Fidelerde hipokotil uzunluğu 5 (% 8.3) genotipte kısa, 15 (% 25) genotipte orta, 27 genotipte (% 45) uzun ve 13 (% 21.7) genotipte ise çok uzun olarak değerlendirilmiştir. Kotiledon büyüklüğü incelendiğinde, genotiplerin 1'inin (% 1.7) çok küçük, 4'ünün (% 6.7) küçük, 17'sinin (% 28.3) orta, 37'sinin (% 61.6) büyük ve 1'inin (% 1.7) çok büyük olduğu tespit edilmiştir. Kotiledonların tamamı yeşil renkli olup, renk düzeyleri hepsinde orta olarak gözlenmiştir. Ana gövde üzerindeki boğum sayısı 10 genotipte (% 16.7) birkaç tane, 24 genotipte (% 40) orta ve 26 genotipte (% 43.3) çok olarak değerlendirilmiştir. Genotipler yaprak ayası büyüklüğü bakımından değerlendirildiğinde 14 (% 23.3) genotip ufak, 28 (% 46.7) genotip orta ve 18 (% 30) genotip büyük olarak değerlendirilmiştir. Yaprak ayası yeşil rengi 4 (% 6.7) genotipte açık, 44 (% 73.3) genotipte orta ve 12 (% 20) genotipte koyu olarak gözlenmiştir. Yaprak ayası kenarında dalgalanma 13 genotipte (% 21.7) zayıf, 31 genotipte (% 51.7) orta ve 16 genotipte (% 26.6) kuvvetli olarak saptanmıştır. Yaprak ayası kabarcıklılığı 17 genotipte (% 28.3) zayıf, 37 genotipte (% 61.7) orta ve 6 genotipte (% 10) kuvvetli olarak gözlenmiştir. Yaprak sapı durumu 55 (% 91.7) genotipte yarı dik ve 5 (% 8.3) genotipte yatay olarak tespit edilmiştir. Yaprak sapı uzunluğu 19 genotipte (% 31.7) kısa, 28 genotipte (% 46.6) orta ve 13 genotipte (% 21.7) uzun olarak gözlenmiştir.

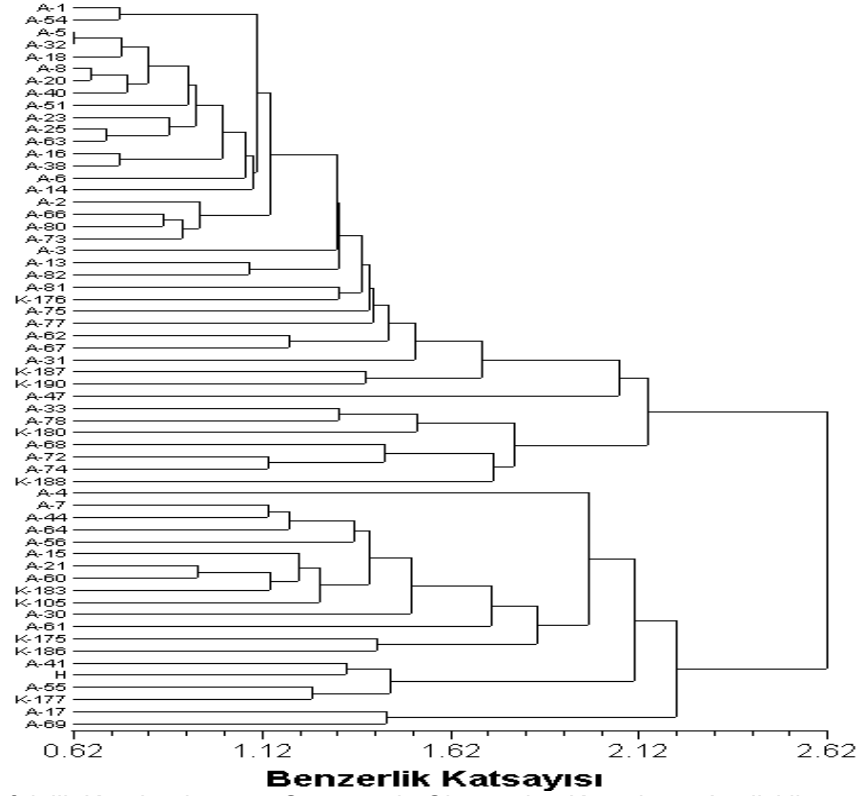
Çiçeklerin cinsiyeti 11 (% 18.3) genotipte andromonoik, 49 (% 81.7) genotipte monoik olarak tespit edilmiştir. Kabuk zemin rengi 55 (% 91.7) genotipte yeşil, 1 (% 1.7) genotipte beyaz, 4 (% 6.6) genotipte gri-yeşil olarak bulunmuştur. Meyve zemin rengi olgunluk öncesi yoğunluğu 35 (% 58.3) genotipte açık, 10 (% 16.7) genotipte orta ve 15 (% 25) genotipte koyu olarak değerlendirilmiştir. Meyve uzunluğu incelendiğinde, 6 (% 10) genotip kısa, 13 (% 21.7) genotip orta, 30 (% 50) genotip uzun ve 11 (% 18.3) genotip çok uzun olarak ölçülmüştür. Meyve çapında ise 10 genotip (% 16.7) çok dar, 36 genotip (% 60) dar ve 14 genotip (% 23.3) orta olarak belirlenmiştir. Meyve maksimum genişlik durumuna bakıldığında, 1 (% 1.7) genotipte sap ucuna doğru, 12 (% 20) genotipte çiçek ucuna doğru ve 47 (% 78.3) genotipte ise merkezde olduğu gözlenmiştir. Meyvenin uzunlamasına şekli 1 (% 1.7) genotipin yumurta şeklinde, 3 (% 5) genotipin yuvarlak ve 56 (% 93.3) genotipin ise oval olduğu belirlenmiştir. Olgun meyvede zemin renklerine bakıldığında, 2 (% 3.3) genotipin beyaz, 9 (% 15) genotipin sarı, 1 (% 1.7) genotipin koyu sarı ve 48 (% 80) genotipin ise yeşil olduğu görülmüştür. Meyve kabuğunda ikincil renkler incelendiğinde 34 (% 56.7) genotipte yok, 23 (% 38.3) genotipte ise mevcut olduğu saptanmıştır. Meyveler çiçek sapı uzunlukları bakımından değerlendirildiğinde, 11 (% 18.3) genotipin kısa, 36 (% 60) genotipin orta ve 13 (% 21.7) genotip uzun olarak tespit edilmiştir. Meyve sapında kopma incelendiğinde 1 (% 1.7) genotipte mevcut, 59 (% 98.3) genotipte yok olarak bulunmuştur. Meyvede taban şekli 4 (% 6.7) genotipte düz, 22 (% 36.7) genotipte

yuvarlak ve 34 (% 56.6) genotipte sivri uçlu olarak gözlenmiştir. Meyvelerde sürgün ucu şeklinin 5 (% 8.3) genotipte yassı, 9 (% 15) genotipte yuvarlak ve 46 (% 76.7) genotipte sivri olduğu belirlenmiştir. Meyvelerde pistilin ebatı 43 (% 71.7) genotipte küçük, 15 (% 25) genotipte orta ve 2 (% 3.3) genotipte büyük olarak tespit edilmiştir.

Meyve oluklarının 40 (% 66.7) genotipte var olduğu belirlenirken, 20 (% 33.3) genotipte olmadığı tespit edilmiştir. Oluk tespit edilen 40 genotipin 39 (% 97.5)'unda oluklar dar, 1 (% 2.5) genotipte ise orta darlıkta olduğu tespit edilmiştir. Meyve oluklarının derinliği incelendiğinde 2 (% 5) genotipte çok yüzeysel, 6 (% 15) genotipte yüzeysel, 11 (% 27.5) genotipte orta, 19 (% 47.5) genotipte derin ve 2 (% 5) genotipte çok derin olduğu saptanmıştır. Meyvede çiti oluşumu 4 (% 6.7) genotipte varken, 56 (% 93.3) genotipte gözlenmemiştir. Meyve enine kesitte maksimum meyve eti genişliğinin 52 (% 86.7) genotipte ince, 7 (% 11.6) genotipte orta ve 1 (% 1.7) genotipte kalın olduğu belirlenmiştir. Acur meyvelerinin tümü çitisiz ve ince meyve etli olarak tespit edilmiştir. Meyvenin enine kesitinde maksimum kabuk kalınlığı, 28 (% 46.7) genotipte ince, 27 (% 45) genotipte orta ve 5 (% 8.3) genotipte kalın olarak tespit edilmiştir. Meyvelerde et rengi 45 (% 75) genotipte yeşil, 10 (% 16.7) genotipte portakal ve 5 (% 8.3) genotipte krem olarak gözlenmiştir. Meyvelerde et renginin yoğunluğu 15 (% 25) genotipte açık, 41 (% 68.3) genotipte orta ve 4 (% 6.7) genotipte koyu olarak saptanmıştır. Meyve eti dış kabuk rengi ise 55 (% 91.6) genotipte yeşil, 1 (% 1.7) genotipte portakal ve 4 (% 6.7) genotipte krem olarak bulunmuştur. Genotiplere ait tohumların 3'ü (% 5) çok küçük, 7'si (% 11.7) küçük, 25'i (% 41.6) orta, 18'i (% 30) büyük ve 7'si (% 11.7) çok büyük olarak gözlenmiştir. Tohumların rengine bakıldığında 45 (% 75) tanesinin fildişi ve 15 (% 25) tanesinin krem sarı olduğu belirlenmiştir. Acur tohumları genel olarak fildişi rengindedir.

Morfolojik karakterizasyon verileri, NTSYS programı (Rohlf, 1998) kullanılarak değerlendirilmiştir. Veri dosyasından öncelikle Jaccard katsayısı kullanılarak bir benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Bu matris kümeleme analizi için kullanılarak UPGMA metodu ile bir dendrogram elde edilmiştir. Bu dendrogram Şekil 1'de sunulmuştur. Ayrıca dendrogramın benzerlik matrisini ne ölçüde temsil ettiğine ilişkin yapılan Mantel'in Matris Benzeşme testi (Mantel, 1967) sonucunda 0.93 (çok iyi) oranı bulunmuştur. Birbirine en yakın genotipler ise A-5 ile A-32, A-8 ile A-20, A-25 ile A-63, A-16 ile A-38, A-1 ile A-54 olarak tespit edilmiştir.

Materyal ve yöntem kısmında belirtilen ikinci yöntem olan temel koordinat analizi sonucunda ise genotiplerin 4 grupta toplandığı gözlenmiştir. Özellikle ikinci grupta Türkiye'den toplanan acurların yoğunlaştığı görülmektedir. Dördüncü grupta ise kavun genotiplerinin toplandığı ve bunların yanında da dünya kavun gen bankasından sağlanan acur genotiplerinin de bu grupta olduğu belirlenmiştir. Üçüncü grupta ise hıyar (*Cucumis melo* L.) ile birlikte K-177 ve acur olarak gen bankasından ve Mardin'den toplanmasına rağmen morfolojik olarak kışlık kavun grubuna çok yakın olan A-41 ve A-55 yer almıştır.



Şekil 1. Morfolojik Karakterizasyon Sonucunda Oluşturulan Kümeleme Analizi ile Genotiplerin Dağılımı

Genotiplerde Yapılan Ölçümlere İlişkin Bulgular

Hipokotil uzunluğu en yüksek genotipler A-28 ve A-76 iken; en kısalar ise K-175 ve A-61 olarak tespit edilmiştir. K-188 ve A-76 genotiplerinin kotiledon uzunluğu en yüksek olurken; K-175 ve K-186 genotiplerinin ise en düşük bulunmuştur. Kotiledon genişliğine bakıldığında en geniş kotiledonlar A-76 ve A-63 ölçülürken; en dar olan kotiledonlar ise A-31 ve A-22 olarak ölçülmüştür. Genotiplerin bitki boyları incelendiğinde en uzun olanlar A-81 ve A-47 olurken; en kısa olanlar ise K-183 ve A-2 olarak ölçülmüştür. Ana gövde çapı ölçümlerinde ise en kalın genotipler A-77 ve A-83 iken; en incelerse A-1 ve K-188 olarak belirlenmiştir. Yapılan boğum sayısı tespitinde en çok boğuma sahip genotipler A-70, A-81, A-51 ve K-177 olurken, boğum sayısı en az olan genotipler ise A-2 ve K-188 olarak tespit edilmiştir.

Yaprak uzunluğu en yüksek genotipler K-190 ve A-77 iken; en kısa yaprak uzunluğuna sahip olanlar ise K-180 ve K-187 olarak tespit edilmiştir. A-77 ve A-62 genotiplerinin yaprağı en geniş olurken; K-180 ve A-15 genotiplerinin ise en dar

çıkmiştir. Yaprak sapı uzunluğuna bakıldığında en uzun genotipler A-83 ve A-62 iken; en kısa olan genotipler ise A-15 ve K-180 olarak ölçülmüştür.

Genotiplerin yumurtalık uzunluğu incelendiğinde en uzun yumurtalığa sahip olanlar A-63 ve K-188 iken; en kısa yumurtalığa sahip olanlar ise K-175 ve K-180 olarak ölçülmüştür. Yumurtalık çapı ölçümlerinde ise en geniş yumurtalıklı genotipler K-190 ve A-4 iken; en dar yumurtalıklılar ise A-67 ve A-9 olarak belirlenmiştir.

Kabakgillerde fenotipik çeşitliliğin değerlendirilmesi amacıyla morfolojik karakterizasyondan yararlanılmıştır. Kavunda (Sarı ve Solmaz, 2007; Şensoy ve ark., 2007); kabakta (Ferriol ve ark., 2003 ve 2004); karpuzda (Kölling ve ark., 2000; Krasteva, 2000; Solmaz, 2003; Solmaz ve ark., 2007; Solmaz ve sarı, 2008) ve su kabağında (Şakar, 2007) yapılan pek çok çalışmaya karşın acur için bu durum söz konusu değildir.

Acurla ilgili yapılan araştırmalar sonucunda sadece Solmaz ve ark. (2004)'nın yaptığı ve bizim çalışmamızda da kullanılan bazı genotipleri içeren morfolojik karakterizasyon çalışması bulunmuştur.

Solmaz ve ark. (2004)'nın yaptıkları çalışmada 49 tane acur genotipi kullanmış ve kotiledonların yeşil rengi hariç, diğer özelliklerin tamamında farklı oranlarda değişiklikler tespit etmişlerdir. Fidede yapılan hipokotil uzunluğu, kotiledon büyüklüğü gibi karakterlerde genotiplerin çoğu orta değerini almıştır. Yaprak ayası, yeşil rengin yoğunluğu tüm genotiplerde orta olmayıp farklılıklar göstermiştir. Meyvelerde yaptıkları gözlemlerde genotipler kabuk zemin rengi ve oluk rengi hariç diğer özellikler açısından farklı oranlarda değişiklikler göstermiştir. Tohumlarda yaptıkları gözlemlerde ise tohum enine kesit şekli, dar eliptik olarak değişmeyen tek özellik olarak belirlenmiştir.

Bizim çalışmamızda ise; kotiledonların yeşil rengi tüm genotiplerde orta düzeyde yeşil olarak bulunmuştur. Hipokotil uzunluğunda çoğu genotip uzun değerini alırken, kotiledon büyüklüğünde genotiplerin çoğu büyük değerini almıştır. Yaprak ayası yeşil rengi ağırlıklı olarak orta olmasına rağmen, farklılıklar göstermiştir. Meyvede kabuk zemin rengi, meyvenin uzunlamasına şekli ve meyvede çiti oluşumu özellikleri % 90 üzeri genotipte aynı ölçüde bulunmuşken, diğer özellikler ise değişik oranlarda farklılıklar göstermiştir. Tohumların enine kesit şekli Solmaz ve ark. (2004)'nın yaptığı çalışmadaki gibi tümünde dar eliptik olarak bulunmamıştır.

Sonuçlardan da anlaşılacağı üzere çalışmalar arasında belirgin farklar görülmüştür. Bunun sebebi olarak bizim çalışmamızdaki genotipler arasında Dünya'nın çeşitli yerlerinden gelen genotiplerin oluşu ve bizim 54 özellik bakımından değerlendirme yapmamız söylenebilir.

Genetik (Moleküler) Karakterizasyon Çalışmaları Bulguları

Genetik karakterizasyon için RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markör sistemi kullanılmıştır. İlk olarak DNA'ların miktar ve kaliteleri Nanodrop ND-1000 spektrofotometrede ölçülmüştür. Normalde 260/280 oranının kaliteli DNA'larda 1.8 ile 2.0 arası olması beklenmektedir. Bizim sonuçlarımızda bunlarla

uyumlu bulunmuştur.. DNA miktarları da maximum 2371.08 ng/µl ile A-80 genotipinde, minimum ise 22.81 ng/µl ile A-45 genotipinde saptanmıştır. Çalışmada 48 primer denenerek istenilen düzeyde amplifikasyon sağlanan 17 primer kullanılmıştır. Primerler ile elde edilen bantların büyüklükleri 300-1500 bp arasında değişmiştir. Analizler sonucunda 17 adet primerden 132 bant elde edilmiş olup, bu bantların da 126 tanesinin polimorfik, 6 tanesinin monomorfik olduğu tespit edilmiştir. Polimorfizm oranı da % 95.45 olarak bulunmuştur. Primerlerin toplam bant sayılarına bakıldığında; en yüksek bant sayısının 11 bantla OPAK9 primerine ve en düşük bant sayısının 4 bantla OPB10 primerine ait olduğu belirlenmiştir.

RAPD Analizleri Sonucunda Oluşturulan Dendogramların Değerlendirilmesi

Dendogram incelendiğinde genotipler 0.22 benzerlik seviyesinde 2 ana gruba ayrılmıştır. Birinci ana grubu sadece hıyar (*Cucumis sativus* cv. Beith Alpha) genotipinin oluşturduğu görülmektedir. *Cucumis* cinsine dahil, ancak farklı bir tür olan hıyarın tek başına bir grup oluşturmasının beklenen bir sonuç olduğu söylenebilir. İkinci grup ise diğer acur ve kavun genotiplerinden oluşmuştur.

İkinci ana grup daha detaylı incelendiğinde 0.50 benzerlik düzeyinde iki alt gruba ayrıldığı görülmüştür. Birinci alt grubu A-61 ve K-175 genotipleri oluşturmuştur. Bu iki genotip arasında 0.58 benzerlik oranı tespit edilmiştir. İkinci alt grup ise kendi arasında 0.53 benzerlik oranında ikiye ayrılmıştır. Birinci alt grup sadece K-186 ve K-187 genotiplerinden oluşurken, ikinci grupta diğer acur ve kavun genotipleri toplanmıştır.

Morfolojik karakterizasyon kısmında Şekil 1'de sunulan dendogram incelendiğinde morfolojik olarak K-175 ve K-186 genotiplerinin benzer oldukları, ancak genetik olarak K-186 genotipinin K-187 genotipine daha çok benzediği tespit edilmiştir.

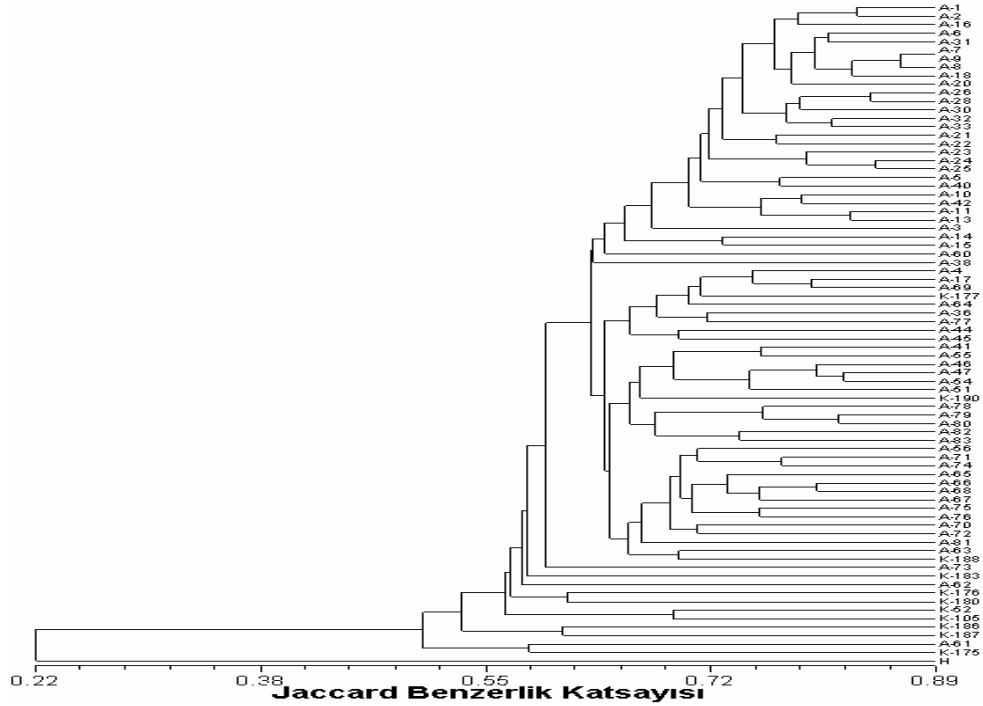
Garcia-Mas ve ark. (2000), kavunda yaptıkları çalışmada 500 RAPD primeri taramışlar ve bu primerlerden 204 tanesinin polimorfik bant verdiğini tespit etmişlerdir. Toplam 364 polimorfik bant belirlemişler ve toplam kullanılan her primer için polimorfik bant oranını 0.73 olarak saptamışlardır. Lopez-Sese ve ark. (2002), İspanyol kavunlarında yaptıkları karakterizasyon çalışmasında kullandıkları 36 RAPD primerinden toplam 399 bant elde etmişlerdir. Bu bantların 100 tanesi polimorfik bulunmuş olup polimorfizm oranı ise % 25.1 olarak belirlenmiştir. Nakata ve ark. (2005), yaptıkları çalışmada 25 RAPD primerinden toplam 50 polimorfik bant elde etmişlerdir. Ayrıca yaptıkları bu çalışmada en fazla genetik çeşitliliği % 79 ile oryantal sınıftan elde etmişlerdir. Japon house çeşiti ve charentais market sınıflarından da orta seviyede (% 56) polimorfizm saptamışlardır. En düşük polimorfizm (% 38) ise Earl's tipi kavunlardan elde edilmiştir.

Şensoy ve ark. (2007), yaptıkları çalışmada genetik olarak birbirine yakın ya da aynı bölgeden toplanan kavun genotiplerini benzer şekilde kümelemişlerdir. Türk kavunlarındaki genetik çeşitlilik yabancı kavunların çeşitliliğinden daha yüksektir. Bizim yaptığımız çalışmada da Türkiye'den toplanan acurlar, yurt dışından temin edilen ve farklı orijine sahip kavun genotipleri ile acur genotiplerinden farklı şekilde kümelenmiştir.

Yürütmüş olduğumuz çalışmada, 50 RAPD primerinden polimorfik olan 17 tanesinden toplam 132 bant elde edilmiş olup, bu bantların 126 tanesi polimorfik olarak bulunmuştur. Polimorfizm oranı ise % 95.45 olarak belirlenmiştir.

Bizim çalışmamızda elde edilen yüksek polimorfizm oranının sebebi; materyalimizin tüm *Cucumis* cinsini içermesinden kaynaklanmıştır. Ayrıca diğer çalışmalarda sonuçlarla bizim sonuçlarımızın farklılık göstermesi normal karşılanabilir. Kullanılan markör sistemi aynı olsa bile RAPD'in her laboratuvarında farklı sonuçlar vermesi, kullanılan primerler ve materyallerin farklı oluşu bu farklılığın sebebi olarak gösterilebilir.

Günümüzde yapılan çalışmalarda halen RAPD tekniğinin yaygın şekilde kullanıldığı ve genetik çeşitliliği belirlemede yeterli olduğu görüşüne varılmıştır.



Şekil 2. Genetik Karakterizasyon Sonucunda Genotiplerin Dağılımı

Sonuç ve Öneriler

Morfolojik karakterizasyon verilerine dayalı olarak yapılan dendrogramlarda, genotiplerin dört grupta toplandığı görülmektedir. Burada belirtilen 2 numaralı grup incelendiğinde, daha çok Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden toplanan acur genotiplerinin yoğunlaştığı, 4 numaralı grupta ise Dünya Kavun Gen Bankasından gelen acur ve kavun genotiplerinin çoğunlukta olduğu belirlenmiştir.

Genetik karakterizasyon çalışmasında polimorfik olduğu belirlenen 17 RAPD primeri, genotipleri ayırmak için kullanılmıştır. Bu primerlerden toplam 132

bant elde edilmiştir. Yapılan analizler sonucu polimorfizm oranı çok yüksek olarak (% 95.45) belirlenmiştir. Elde edilen allelik verilerden oluşturulan dendogram incelendiğinde, Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden toplanan acurların bir grupta, Dünya Kavun Gen Bankasından temin edilen acurların bir grupta, yine Dünya Kavun Gen Bankasından temin edilen kavunların ayrı bir grupta ve hıyar genotipi de tek başına bir grup oluşturacak şekilde bir gruplaşma ortaya çıkmıştır.

Birbirine genetik olarak en yakın genotipler ise 0.89'luk benzeme düzeyinde A-7 ve A-9 olmuştur. Bu iki genotipe 0.85 düzeyinde A-8 genotipi yakın çıkmıştır. Diğer genotipler A-24 ile A-25 birbirine 0.85 düzeyinde, A-26 ile A-28 ise birbirine 0.84 düzeyinde benzer çıkmışlardır.

Bu çalışma sonucunda elde edilen allelik çeşitliliğe ait bilgiler ileride yapılacak ıslah çalışmalarında ebeveynlerin belirlenmesine yardımcı olacaktır. Sonuçlara bağlı olarak aynı allelelere sahip bireylerin birbirleri ile değil de (gen havuzunun daraltılması nedeniyle) az bulunan alleleri taşıyan bireylerle kombine edilmesi genetik çeşitliliğin artırılmasını sağlayacaktır. Yine genetik uzaklıkların belirlenmesi ile birbirinden tamamen uzak bireylerin melezlenmesi melez bitkilerde varyasyonu arttıracaktır (Aka Kaçar, 2001).

Yürütülen bu çalışma ile Türkiye'nin gen merkezi sınırları içerisinde bulunan acurun; diğer ülkelerde yetiştirilen acurlar, aynı tür içerisindeki kültürü yapılan kışlık ve yazlık kavunlar ile kültürü yapılmayan diğer kavunlar ve hıyar ile karşılaştırılması yapılmıştır. Bundan sonraki çalışmalarda, morfolojik karakterlerce ümitvar görülen bazı acur genotiplerinde ıslah çalışmalarının sürdürülmesi ile diğer moleküler markır tekniklerinin de kullanılarak *Cucumis* cinsi için daha ayrıntılı çalışmaların yapılması önerilmektedir.

Kaynaklar

- AKA KAÇAR, Y., 2001. Türkiye'de yetiştirilen önemli kiraz ve vişne çeşit ve tiplerinin DNA parmakizi yöntemiyle sınıflandırılması. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, 192 s.
- ANONİM, 2008. <http://www.aari.gov.tr/institute/bgk/bgk-genel.htm>
- FERRIOL, M., PICO, B., AND NUEZ, F., 2003. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers. Theor. Appl. Genet. 107: 271-282.
- FERRIOL, M., PICO, B., NUEZ, F., 2004. Morphological and molecular characterization of *Cucurbita maxima* Landraces. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 129(1): 60-69.
- GARCIA-MAS, J., OLIVER, M., GOMEZ-PANIAGUA, H., DE VICENTE, M. C., 2000. Comparing AFLP, RAPD and RFLP markers for measuring genetic diversity in melon. Theor. Appl. Genet., 101: 860-864.
- KOLLING, G. L. M., MADSEN, S., CHRISTIANSEN, J. L., 2000. A phenetic analysis of morphological variation in *Citrullus lanatus* in Namibia. Genetic Resources and Crop Evolution, 47, 385–393

- KRASTEVA, L., 2000. Watermelon genetic resources in Bulgaria. The 7th Eucarpia meeting on cucurbit genetics and breeding, Acta Horticulturae 510, March 19–23, Ma'ale Hamisha Israel, 253-256..
- LÔPEZ-SESE, A. I., STAUB, J., KATZIR, N., GÔMEZ-GUILLAMON, M. L., 2002. Estimation of between and within accession variation in selected Spanish melon germplasm using RAPD and SSR markers to assess strategies for large collection evaluation. Euphytica, 127: 41-51.
- MANTEL, N., 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach, *Cancer Research*, 27: 175–178.
- NAKATA, E., STAUB, J. E., LÔPEZ-SESE, A. I., KATZIR, N., 2005. Genetic diversity of Japanese cultivars (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 52: 405-419.
- ROHLF, F.J., 1998. NTSYS-PC Numerical Taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.00. Exeter software, Setauket, New York.
- SARI, N., SOLMAZ, İ., 2007. Fruit characterization of some Turkish melon genotypes. 3rd Int. Cucurbit Symposium 11th – 17th September 2005, Townsville – Australia. Acta Horticulturae, 731: 103-107.
- SOLMAZ, İ., 2003. Bazı karpuz çeşit ve tiplerinin karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı Yüksek Lisans tezi, 89 s.
- SOLMAZ, İ., ARAS, V., ÜNLÜ, H., SARI, N., 2004. Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan acur (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) genotiplerinde karakterizasyon. Türkiye V. Sebze Tarımı Sempozyumu Bildirileri, 21-24 Eylül 2004, Çanakkale, 75-81.
- SOLMAZ, İ., SARI, N., 2008. Characterization of watermelon (*Citrillus lanatus*) accessions collected from Turkey for morphological traits. Genetic Resources and Crop Evolution, Accepted: 26 Mayıs 2008.
- SOLMAZ, İ., SARI, N., KASAPOĞLU, S., 2007. Orta Anadolu ve Akdeniz bölgelerinden toplanan karpuz genetik kaynaklarının morfolojik karakterizasyonu. Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi, 04-07 Eylül 2007, Erzurum, 236-241.
- ŞAKAR, M., 2007. Akdeniz Bölgesinden toplanan Su Kabağı (*Leganeria siceraria*) genotiplerinin karakterizasyonu. Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı Yüksek Lisans tezi, 74 s.
- ŞENSOY, S., BÜYÜKALACA, S., ABAK, K., 2007. Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 54: 1351-1365.
- TUİK, 2004 Türkiye İstatistik Kurumu Yayınları, Ankara.
- VURAL, H., EŞİYOK, D., DUMAN, İ., 2000., Kültür Sebzeleri (Sebze Yetiştirme). Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Ege Üniversitesi Basımevi, İzmir.