



Çerezlik Karpuz Genotiplerinin ISSR Tekniği ile Moleküler Karakterizasyonu

Araştırma Makalesi/Research Article

Atf İçin: Toprak, S., Coşkun, Ö. F., ve Mavi, K. (2023). Çerezlik Karpuz Genotiplerinin ISSR Tekniği ile Moleküler Karakterizasyonu. Erciyes Tarım ve Hayvan Bilimleri Dergisi 6(1):51-58

To Cite: Toprak, S., Coşkun, Ö. F., ve Mavi, K. (2023). Molecular Characterization of Edible Seed Watermelon Genotypes by ISSR Technique. Journal of Erciyes Agriculture and Animal Science, 6(1):51-58

Seher TOPRAK¹, Ömer Faruk COŞKUN¹, Kazım MAVİ¹

¹Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Hatay, Türkiye

**sorumlu yazar*: seherprak13@gmail.com

Seher TOPRAK, ORCID No: 0000-0002-3459-9846, Ömer Faruk COŞKUN, ORCID No: 0000-0001-5398-5737,

Kazım MAVİ, ORCID No: 0000-0003-0195-8539

Yayın Bilgisi

Geliş Tarihi: 03.02.2023

Revizyon Tarihi: 20.02.2023

Kabul Tarihi: 21.02.2023

doi: 10.55257/ethabd.1247106

Anahtar Kelimeler

Citrullus lanatus, ISSR, genetik çeşitlilik, popülasyon yapısı

Keywords

Citrullus lanatus, ISSR, genetic diversity, population structure

Özet

Bazı karpuz genotipleri tohum özelliklerinden dolayı çerezlik olarak yetiştirilmekte ve tüketilmektedir. Çerezlik potansiyeli olan genotiplerde ıslah çalışmalarının yapılabilmesi için genetik analizlerin gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Bu çalışmada bazı çerezlik karpuz genotiplerinin genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısının belirlenmesi amaçlanmıştır. ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) marker tekniği kullanılarak 24 genotipte 179 bant elde edilmiş ve polimorfizm oranı % 58.2 olarak hesaplanmıştır. Benzerlik katsayı değerlerinin 0.75-0.98 arasında olduğu belirlenmiştir. Kümeleme analizlerinde dört ana küme meydana gelmiştir. Structure analizlerinde genotiplerin iki alt popülasyondan oluştuğu tespit edilmiştir. Çerezlik karpuz genotiplerinin ISSR tekniği ile genetik olarak ayırt edilebildiği, ancak genetik varyasyonun düşük olduğu sonucuna varılmıştır. Bu çalışma sonuçları çerezlik karpuz çeşitlerinin iyileştirilmesi için ıslah stratejilerinde kullanılabilir.

Molecular Characterization of Edible Seed Watermelon Genotypes by ISSR Technique

Abstract

Some watermelon genotypes are grown and consumed as edible due to their seed characteristics. Genetic analyzes should be carried out in order to carry out breeding studies in genotypes with edible seed potential. This study, it was aimed to determine the genetic diversity and population structure of some edible seed watermelon genotypes. Using the ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) marker technique, 179 bands were obtained in 24 genotypes and the polymorphism rate was calculated as 58.2%. It was determined that the similarity coefficient values were between 0.75-0.98. In the cluster analysis, four main clusters were formed. Structure analysis revealed that genotypes consisted of two subpopulations. It was concluded that the edible seed watermelon genotypes could be distinguished genetically by the ISSR technique, but the genetic variation was low. The results of this study can be used in breeding strategies for the improvement of edible seed watermelon cultivars.

1. GİRİŞ

Karpuz [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai] yüksek su içeriği, besleyici özelliği ve düşük kalorili olması nedeniyle dünyada önemli miktarlarda yetiştirilmektedir (Maoto ve ark., 2019). Dünyada 101.634.720 ton, Türkiye’de ise 3.468.717 ton karpuz üretimi yapılmaktadır (FAOSTAT, 2021). Karpuzun meyve eti, yenilebilir kısım olarak değerlendirilirken tohumları ise genelde atık olarak kabul edilmektedir. Meyveler genotipe göre değişen adet, renk, büyüklük ve çok sayıda tohuma sahiptir. Embriyo, tohumu tamamen doldurmaktadır. Karpuz tohumları besleyici özelliği iyi olan ancak yeterince tüketilmeyen bir gıda yan ürünüdür. Asya’nın bazı bölgelerinde karpuz tohumları çerez ve un olarak kullanılmaktadır (Hu, 2005). Türkiye’nin doğu ve güney kesimlerinde de karpuz tohumları çerez olarak tüketilmekte ve giderek yaygınlaşmaktadır.

Karpuz tohumları doğal olarak düşük kalorilidir ve sağlık açısından faydalı olabilecek içeriğe sahiptir. Karpuz tohumları, taze olarak tüketilirse veya gıda ürünlerinde kullanılırsa önemli tıbbi, sağlık ve ekonomik faydalar sağlayabilir (Tabiri ve ark., 2016). Karpuz tohumları protein, yağ ve B vitamini bakımından zengindir (Braide ve ark., 2012). Ayrıca içeriğinde kalsiyum, magnezyum, demir ve çinko gibi mineraller bulunmaktadır (Lakshmi ve Kaul, 2011). Karpuz tohumlarının yağ oranı % 57.1 olarak tespit edilmiştir (Seyed ve Elnaz, 2006). Karpuz tohumu yağının, insan sağlığına yararlı olan tekli doymamış yağ asitlerini ve çoklu doymamış yağ asitlerini büyük miktarlarda içerdiği belirlenmiştir (El-Adawy ve Taha, 2001). Bu yağ antioksidan, antiinflamatuvar, kardiyoprotektif ve antimikrobiyal aktivitelere de sahiptir (Bello ve ark., 2016; Thongtha ve ark., 2017). Karpuz tohumu yağı kozmetik ürünlerde de bir bileşen olarak kullanılabilir (Pettsomrit ve ark., 2020). Karpuz tohumu unu gıda ürünlerinin hazırlanmasında kullanılabilir (Kausar ve ark.,

2020). Karpuz tohumu unu kıvamı, besleyiciliği ve tadı arttırdığı için sebze soslarına başarılı bir şekilde dahil edilebilmektedir (Tak ve Jain, 2016). Tohumları kıvam arttırıcı, yağ bağlayıcı, tatlandırıcı ve dünyanın çeşitli yerlerinde çerez olarak tüketilebilen karpuz genotiplerinin (Lakshmi ve Kaul, 2011; Koocheki ve ark., 2007) belirlenmesi ve genetik yapılarının araştırılması önemlidir.

Türkiye’nin bazı bölgelerinde karpuz tohumları çerezlik olarak tüketilmektedir. Ancak karpuz tohumlarında çerezlik özelliğin artırılmasını amaçlayan ıslah çalışmaları yetersizdir. Mevcut çerezlik karpuz genotiplerinin tespiti, önemli özelliklerinin belirlenmesi ve genetik çeşitliliğin belirlenmesi ıslah çalışmaları açısından önemlidir. Genetik akrabalık derecelerinin belirlenmesi amacıyla farklı moleküler markır teknikleri kullanılabilir (Zhang ve ark., 2016; Karaman ve ark., 2018; Aslan ve ark., 2021; Pınar ve ark., 2021; Kıraç ve ark., 2022; Coşkun, 2022). ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) markır tekniği tekrarlanabilirliği yüksek, DNA dizi bilgisi gerektirmeyen bir tekniktir. Daha önce farklı karpuz genotiplerinin akrabalık derecesinin belirlenmesinde bu teknik başarılı bir şekilde kullanılmıştır (Alsohim ve Motawei, 2014; Elias, 2016; Soghani ve ark., 2018). Bu çalışmada Türkiye’de çerezlik potansiyeli yüksek olan bazı karpuz genotiplerinin genetik karakterizasyonunun ve populasyon yapısının belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. Materyal ve Metot

Bu çalışmada Türkiye’nin farklı illerinden temin edilen çerezlik potansiyeli yüksek 24 adet karpuz genotipi kullanılmıştır (Çizelge 1). Çalışma 2022 yılında, Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesine ait Genetik Laboratuvarında gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 1. Çerezlik karpuz genotip ve lokasyonları

No	Genotip	Orijin	No	Genotip	Orijin
1	HMKÜ-KR-1	Hatay	13	HMKÜ-KR-13	Adana
2	HMKÜ-KR-2	Hatay	14	HMKÜ-KR-14	Aydın
3	HMKÜ-KR-3	Hatay	15	HMKÜ-KR-15	Mardin
4	HMKÜ-KR-4	Hatay	16	HMKÜ-KR-16	Batman
5	HMKÜ-KR-5	Hatay	17	HMKÜ-KR-17	Mardin
6	HMKÜ-KR-6	Hatay	18	HMKÜ-KR-18	Mardin
7	HMKÜ-KR-7	Hatay	19	HMKÜ-KR-19	Adana
8	HMKÜ-KR-8	Diyarbakır	20	HMKÜ-KR-20	Adana
9	HMKÜ-KR-9	Diyarbakır	21	HMKÜ-KR-21	Adana
10	HMKÜ-KR-10	Şanlıurfa	22	HMKÜ-KR-22	Adana
11	HMKÜ-KR-11	Şanlıurfa	23	HMKÜ-KR-23	Adana
12	HMKÜ-KR-12	Adana	24	HMKÜ-KR-24	Adana

Karpuz genotiplerine ait tohumlar torf-perlit (2:1) karışımı ile doldurulmuş viyollere ekilmiş ve ilk gerçek yapraklar kullanılarak Cetyltriethylammonium bromide (CTAB) methoduna göre DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. DNA kalite ve miktarı %0.8'lik agaroz jelde yürüterek tespit edilmiştir. Çalışmada en iyi amplifikasyon sağlanan 17 ISSR primeri kullanılmıştır. PCR için (15 µl son hacimli) hedef DNA (20 ng), 1.5 mM MgCl₂, 0.2 µM primer, 0.5 mM dNTPs, 1x PCR buffer, 0.5 ünite Taq DNA polimeraz enzimi kullanılmıştır. PCR ürünleri için 0.5X TBE çözeltisi içinde etidyum bromür ile boyanan %1.5 agaroz jeli kullanılmıştır. Agaroz jeller UV jel görüntüleme sisteminde kaydedilerek Microsoft Office Excel programında bant varlığı durumuna (1), yokluğu durumuna(0) ve görüntü alınmaması durumuna (9) göre skorlama yapılmıştır. GenAlEx 6.5 programı kullanılarak tahmin edilen allel sıklığı, etkili allel sayısı (N_e), Shannon bilgi indeksi (I) ve çeşitlilik (h) değerleri belirlenmiştir. Microsoft Excel kullanılarak polimorfik bilgi miktarı (PIC) tespit edilmiştir. NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc version 2.1, Exeter Software, Setauket, N.Y., USA) paket programı kullanılarak kümeleme analizleri gerçekleştirilmiştir (Rohlf, 2000). Bireyler arasındaki benzerlik indeksleri DICE yöntemine göre hesaplanmıştır (Dice, 1945). Benzerlik indeksinden DICE benzerlik matrisine dayalı UPGMA dendrogramı ve varyans-kovaryans matrisine dayalı temel bileşenler analizi (PCA) yapılmıştır. Temel bileşenler analizi için Eigen vektörleri PROJ modülünde kullanılarak iki boyutlu ve üç boyutlu grafikler elde edilmiştir. Çerezlik karpuz genotiplerinin populasyon yapısının belirlenmesi amacıyla Structure programı (Version 2.3.4) (Pritchard ve ark., 2000) kullanılmıştır. Her bir analiz basamağında her bir K değeri için 100.000 burn-in döngüsü ve 100.000 tekrar yapılarak ve 10 kez tekrarlanarak analiz gerçekleştirilmiştir. Populasyonların ΔK değeri hesaplamak için 'Structure Harvester' (Earl ve Vonholdt, 2012) yazılımı kullanılmıştır ve alt populasyon sayısı belirlenmiştir. Bu amaçla elde edilen K ve ΔK değerleri için verilerin olasılık değeri temel alınarak optimum K değerine ulaşılmıştır (Evanno ve ark., 2005). Kullanılan genotiplerin hangi gruba ait olduklarını gösteren aitlik olasılık değeri ≥0.80 olanlar 'saf soy' olarak, ≤0.80 olanlar 'karışık soy' olarak değerlendirilmiştir.

3. Bulgular ve Tartışma

Yirmi dört adet çerezlik karpuz genotipinde ISSR markır tekniği kullanılarak DNA verileri elde edilmiştir. ISSR primerlerine ait bazı özellikler ile çerezlik karpuz genotiplerinde genetik çeşitlilik, kümeleme analizleri ve populasyon yapıları belirlenmiştir. Toplam 24 adet çerezlik karpuz genotipinde genetik karakterizasyon amacıyla 17 adet ISSR primeri kullanılmıştır. Primerlerden toplam 179 ve primer başına ortalama 10.5 bant elde edilmiştir. Toplam 105 ve primer başına ortalama 6.2 polimorfik bant belirlenmiştir. Primer başına toplam bant sayısı 7-17 arasında değişmiş ve en fazla bant UBC-808 primerinden (17 bant) elde edilmiştir. Primerlerde polimorfik bant sayısı 2-10 arasında ve en fazla polimorfik bant UBC-808 primerinden (10) elde edilmiştir. Polimorfizm oranı %27.3-100 arasında değişmiş ve ortalama % 58.2 olarak hesaplanmıştır. En yüksek polimorfizm gösteren primer ISSR-13 (%100) ve en düşük polimorfizm gösteren primer UBC-853 (%27.3)'dür (Çizelge 2). Tüm primerlerde bant aralığı 205-1380 arasında tespit edilmiş ve en geniş aralık UBC-811 primerine (250-1350) aittir. Toplam bant sayısı bant aralık değerlerine oranlanarak bant yoğunlukları tespit edilmiştir. Ortalama 90.51 baz çifti aralığında bir bant hesaplanmıştır. En yüksek bant yoğunluğu ortalama 55.59 baz çifti aralığına bir bant hesaplanan UBC-808 primeridir. Bu çalışmada araştırılan çerezlik karpuz genotiplerinde toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı ve bant yoğunluğu değerleri bakımından UBC-808 primeri öne çıkarken, polimorfizm oranı bakımından ISSR-13 primerinin daha etkili olduğu değerlendirilebilir. Daha önce çerezlik karpuz genotipleri için gerçekleştirilen moleküler çalışmalar yetersiz olmakla birlikte, karpuz genotiplerinde ISSR tekniği ile başarılı genetik çalışmalar gerçekleştirilmiştir. Bu çalışmada kullanılan ISSR primeri ve toplam bant sayısı (sırasıyla 17, 179) diğer bazı çalışmalardan daha fazladır (Yağcıoğlu, 2013; Alsohim ve Motawei, 2014; Elias, 2016; Soghani ve ark., 2018). Bu çalışmada ISSR primerlerinin çerezlik karpuz genotiplerinde amplifikasyon sağlanabildiği ve polimorfizmi tespit edebildiği belirlenerek önceki çalışmalar doğrulanmıştır.

Çizelge 2. ISSR primerlerinden elde edilen polimorfizm ve bant bilgileri

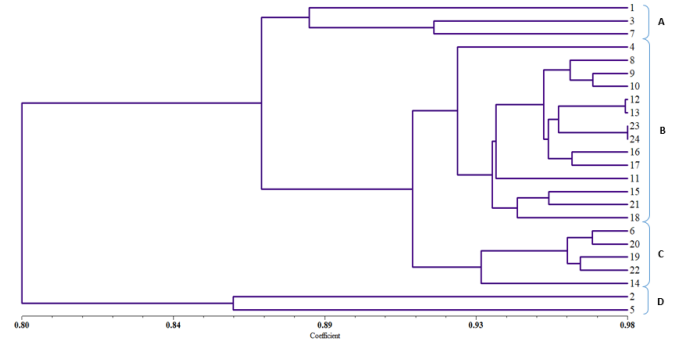
Primer Adı	Primer Dizilimi 5'-3'	Polimorfik Bant Sayısı	Toplam Bant Sayısı	Polimorfizm Oranı (%)	Bant Aralığı	Bant Yoğunluğu
UBC-808	(AG)8C	10	17	58.8	205-1150	55.59
UBC -810	(GA)8T	7	11	63.6	325-1380	95.91
UBC -811	(GA)8C	6	9	66.7	250-1350	122.22
UBC -815	(CT)8G	7	13	53.8	280-1270	76.15
UBC -818	(CA)8G	7	13	53.8	250-1240	76.15
UBC -825	(AC)8T	2	7	28.6	550-1300	107.14
UBC -841	(GA)8CTC	8	12	66.7	300-1210	75.83
UBC -845	(CT)8TG	3	7	42.8	300-1150	121.43
UBC -846	(CA)8AT	6	12	50	390-1250	71.67
UBC -853	(TC)8RT	3	11	27.3	300-1200	81.82
ISSR -1	AG(AC)7AT	4	10	40	350-1160	81.00
ISSR-6	G(CCT)5CC	8	10	80	510-1270	76.00
ISSR-7	AGA(TCC)5	6	8	75	410-1200	98.75
ISSR-9	(CA)8TG	8	9	88.9	460-1180	80.00
ISSR-11	(AC)8GG	4	7	57.1	300-1190	127.14
ISSR-12	(AG)8CT	8	15	53.3	290-1330	69.33
ISSR-13	(GA)6CC	8	8	100	300-1280	122.50
Toplam		105	179	756.8	-	1538.63
Ortalama		6.2	10.5	58.2	-	90.51

Çizelge 3. ISSR primerlerinden elde edilen bant frekansı, Na (farklı allel sayısı), Ne (etkili allel sayısı), I (Shannon bilgi indeksi), h (çeşitlilik) ve PIC (polimorfik bilgi içeriği) bilgileri

Primer Adı	Band Sıklığı	Na	Ne	I	h	PIC
UBC -808	0.69	1.59	1.31	0.28	0.18	0.42
UBC -810	0.90	1.64	1.22	0.23	0.14	0.17
UBC -811	0.82	1.67	1.37	0.30	0.20	0.28
UBC -815	0.92	1.54	1.18	0.20	0.12	0.14
UBC -818	0.88	2.00	1.15	0.25	0.13	0.19
UBC -825	0.92	1.29	1.17	0.14	0.09	0.13
UBC -841	0.74	1.67	1.15	0.22	0.12	0.32
UBC -845	0.74	1.43	1.17	0.18	0.11	0.32
UBC -846	0.76	1.50	1.23	0.21	0.14	0.30
UBC -853	0.87	1.27	1.12	0.11	0.07	0.16
ISSR -1	0.89	1.50	1.22	0.21	0.13	0.18
ISSR-6	0.59	1.80	1.47	0.40	0.27	0.54
ISSR-7	0.74	1.75	1.29	0.29	0.18	0.35
ISSR-9	0.21	2.00	1.34	0.38	0.23	0.90
ISSR-11	0.88	1.57	1.28	0.26	0.17	0.21
ISSR-12	0.73	1.60	1.24	0.24	0.15	0.35
ISSR-13	0.81	2.00	1.43	0.44	0.28	0.32
Ortalama	0.77	1.63	1.25	0.25	0.16	0.31

Tüm primerlerde bant sıklığı 0.21 (ISSR-9) ve 0.92 (UBC-815, UBC-825) arasında ve ortalama 0.77 olarak hesaplanmıştır. Farklı allellerin sayısı (Na) 1.27 (UBC-853) ve 2.00 (UBC-818, ISSR-9, ISSR-13) arasında ve ortalama 1.63'tür. Etkili allel sayısı (Ne) en düşük UBC-853 primerinde (1.12), en yüksek ISSR-6 (1.47) primerinde elde edilmiştir. Ortalama etkili allel sayısı ise 1.25'tir. Shannon bilgi indeksi (I) ortalama 0.25'dir ve 0.14-0.44 arasında tespit edilmiştir. ISSR-13 primerinde en yüksek Shannon bilgi indeksi değeri (0.44) tespit edilmiştir. Çeşitlilik (h) değeri ortalama 0.16 olarak belirlenmiştir ve çeşitlilik değeri ISSR-13 primerinde en yüksek seviyede belirlenmiştir (0.28). Polimorfik bilgi içeriği ise 0.13 (UBC-825) ve 0.90 (ISSR-9) arasında ve ortalama 0.31 olarak tespit edilmiştir (Çizelge 3). Polimorfik bilgi içeriği ISSR primerlerinin kullanıldığı bazı çalışmalardan (Elias, 2016) düşük, bazı çalışmalardan (Soghani ve ark., 2018) ise yüksek bulunmuştur. Çizelge 3'de belirtilen ölçüm parametrelerinde en yüksek değerlere sahip olan ISSR-13, ISSR-9 ve ISSR-6 primerleri öne çıkmaktadır. Çizelge 2 ve çizelge 3'de gösterilen primer parametreleri birlikte değerlendirildiğinde en iyi sonucun ISSR-13 ((GA)6CC) primeri ile elde edildiği söylenebilir.

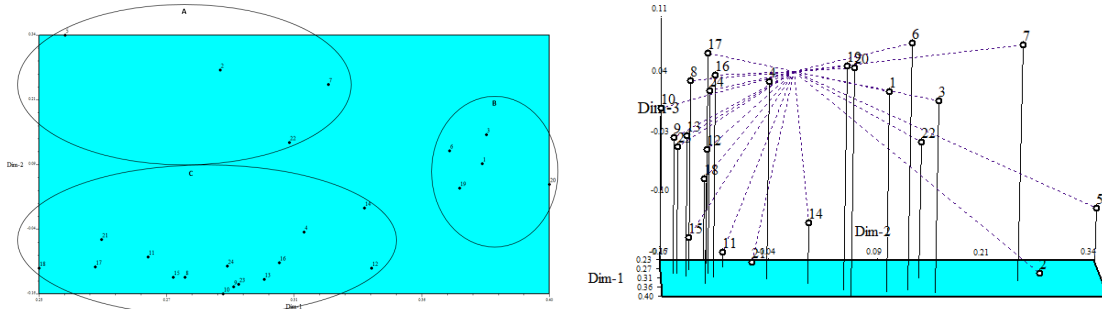
Dice benzerlik indeksine göre genotipler arasındaki benzerlik katsayı değerleri 0.75-0.98 arasında belirlenmiştir. Birbirine en uzak genotipler 0.75 benzerlik katsayısı ile 5 numaralı genotip ile 10 numaralı genotiplerdir. Birbirine en yakın genotipler ise 0.98 benzerlik katsayısı ile 23 numaralı genotip ile 24 numaralı genotiplerdir. Ardından 6-20, 12-13 ve 12-23 numaralı genotipler arasında da yüksek benzerlik katsayıları (0.97) belirlenmiştir. UPGMA dendrogramında dört ana küme meydana gelmiştir. A kümesinde üç, B kümesinde on dört, C kümesinde beş ve D kümesinde iki genotip yer almıştır. D kümesinde yer alan iki genotip (2 ve 5 numaralı genotipler) diğerlerinden daha uzak şekilde kümelenmiştir. Birbirine en yakın kümelenen genotipler 23 ve 24 numaralı genotiplerdir (Şekil 1). Daha önceki çalışmalarda da (Li ve ark., 2013; Uluturk ve ark., 2011; Solmaz ve ark., 2010) bu çalışmaya benzer şekilde genetik mesafenin düşük olduğu belirlenmiştir. Bazı çalışmalarda ise daha yüksek genetik mesafe elde edilebilmiştir (Dje ve ark., 2010; Kwon ve ark., 2010). Bu çalışmada sadece çerezlik özelliği bulunan karpuz genotipleri seçilerek araştırıldığı için genetik taban daha da daralmış olabilir.



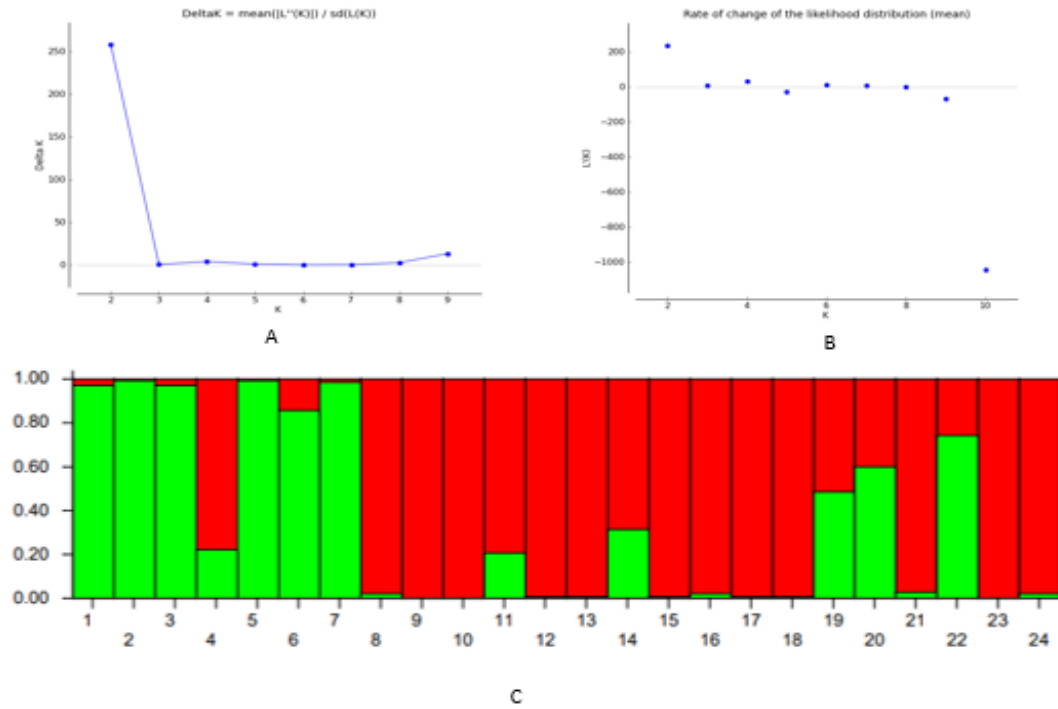
Şekil 1. ISSR verilerinden elde edilen benzerlik indekslerinin SHAN modülünde kullanılmasıyla elde edilen dendrogram.

NTSYS paket programı kullanılarak iki boyutlu ve üç boyutlu PCA grafikleri oluşturulmuştur. İlk üç eigen değeri, toplam genetik varyasyonun %75'ini açıklamaktadır, bu da PCA'nın kullanılabilir olabileceği anlamına gelmektedir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). İki boyutlu PCA grafiğinde üç grup meydana gelmiştir. Bunlardan A grubunda dört adet, B grubunda beş adet genotip yer alırken, diğer genotipler C grubunda toplanmıştır. Üç boyutlu PCA grafiğinde de bazı genotipler bir arada kümelenmiş, az sayıda genotip ayrı kümelerde yer almıştır. Grafikte 2, 5 ve 7 numaralı genotiplerin diğerlerinden ayrıldığı tespit edilmiştir (Şekil 2). UPGMA, iki boyutlu PCA ve üç boyutlu PCA grafiklerinde benzer kümelenme oluşmuş, 2 ve 5 numaralı genotiplerin farklı bir küme oluşturduğu tespit edilmiştir. Her iki genotip benzer orjinli olmasına rağmen, benzer orjinli diğer genotiplerden (1, 3, 4, 6 ve 7) farklı kümelenmiştir. UPGMA ve PCA kümelenmelerinde bazı farklılıklar bulunmaktadır. Bu durum paket programlarda kullanılan modül farklılıklarından kaynaklanıyor olabilir.

Populasyon yapısı belirleme çalışmaları için 'Structure Harvester' yazılımı kullanılarak optimum alt populasyon sayısı tespit edilmiştir. İncelenen genotiplerin iki alt populasyondan oluştuğu belirlenmiştir. Structure programı kullanılarak genotiplerin alt populasyonlara aitlik değerleri tespit edilmiştir. Bir alt populasyona üyelik katsayısı 0.80 ve üzerinde olan bireyler saf genotip (Fukunaga ve ark., 2005), üyelik katsayısı daha düşük olan bireyler ise karışık genotip olarak kabul edilmektedir. Bu çalışmada 18 genotip 0.80 ve daha yüksek üyelik katsayılarına sahiptir ve bu nedenle saf olmaları muhtemeldir. Geriye kalan 6 genotip ise (4, 11, 14, 19, 20 ve 22) iki populasyonun karışımı halinde bulunmaktadır. On sekiz genotipten 12 adedi 1. alt populasyon, 6 adedi ise 2. alt populasyon içerisinde yer almıştır (Şekil 3).



Şekil 2. Temel bileşenler analizi sonucu elde edilen iki ve üç boyutlu grafik.



Şekil 3. (a) Çerezlik karpuz genotipleri için ΔK değerleri. (b) değişim aralık değerleri. (c) $K = 2$ 'ye bağlı olarak çerezlik karpuz genotiplerinin oranları (burada K , her biri farklı bir renkle gösterilen alt popülasyonların sayısıdır).

Türkiye’de önemli miktarda yerel karpuz genotipi bulunmaktadır. Bunların bir kısmı çerezlik olarak değerlendirilmektedir. Karpuzda morfoloji ve tohum özelliklerinde önemli bir varyasyon bulunmaktadır (Solmaz ve Sarı, 2009; Coşkun, 2019). Bu çalışmada önceki bazı çalışmalara (Yağcıoğlu ve ark., 2016, Coşkun, 2019) benzer şekilde karpuz genetik çeşitliliği düşüktür. Genetik çeşitliliğin dar olması ıslah çalışmalarını kısıtlayabilir. Bu nedenle karpuz genetik tabanının genişletilmesi istenen bir durumdur (Levi ve ark., 2001). Dar genetik çeşitlilik bulunmasına rağmen iki genotipin (2 ve 5 numaralı genotipler) diğerlerinden benzerlik katsayısı, UPGMA dendrogramı ve PCA grafiklerinde ayrılması ıslah çalışmalarını açısından önemlidir. Aynı zamanda bazı primerlerin daha önemli olduğu, çerezlik karpuz genotiplerini ayırt etmede daha etkili olabildiği tespitlerinde bulunulmuştur.

SONUÇ VE ÖNERİLER

Çerezlik potansiyeli yüksek karpuz genotiplerinde önemli derecede morfolojik varyasyon bulunabilmektedir. Genellikle morfolojik ve moleküler varyasyon arasında korelasyon bulunmamaktadır. Genotip karakterizasyonu bitki ıslah programlarında kullanılması için ön koşullardan biridir. Genel olarak çerezlik karpuz genotipleri arasında genetik çeşitliliğin bulunduğu, ISSR markır tekniğinin polimorfizm gösterme yeteneğinden dolayı kullanılabilir olduğu sonucuna varılabilir. Analiz edilen markır tekniği ve polimorfik markır sayısı genotipler arasındaki gerçek ilişkileri belirlemek için önemlidir. Bu çalışma ıslah programlarında çerezlik

karpuzda yeni çeşitlerin özelliklerini geliştirmek için ıslahçılara önemli bilgiler sağlamaktadır.

TEŞEKKÜR

Bu çalışmayı 21.GAP.019 kodlu proje ile destekleyen Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü'ne teşekkür ederiz.

KAYNAKLAR

Alsohim, A. S., and Motawei, M. I., 2014. Genetic diversity and presence of DREB gene in watermelon cultivars and wild type of watermelon based on molecular markers. *Journal of Food, Agriculture and Environment*, 12(3-4): 281-284.

Aslan, N., Coskun, O. F., Dalda-Sekerci, A., and Gulsen, O., 2021. Moleküler markörler kullanarak çerezlik kabaklarda (*Cucurbita pepo* L.) saflık düzeylerinin tahmin edilmesi. *Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 26(3): 759-769.

Bello, H. S., Ismail, H. Y., Goje, M. H., and Mangga, H. K., 2016. Antimicrobial activity of *Citrullus lanatus* (watermelon) seeds on some selected bacteria. *Journal of Biotechnology Research*, 2(6): 39-43.

Braide, W., Odiong, I. J., and Oranus, S., 2012. Phytochemical and antibacterial properties of the seed of watermelon (*Citrullus lanatus*). *Prime Journal of Microbiology Research*, 2(3): 99-104.

Coşkun Ö. F., 2019. Karpuzda verim ve kaliteyi etkileyen bazı karakterleri kontrol eden lokuslarla ilişkili moleküler markörlerin tespit edilmesi, Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Kayseri, 483 s.

Coşkun, Ö. F., 2022. Determination of genetic diversity in some pumpkin genotypes using SSR marker technique. *Erzincan University Journal of Science and Technology*, 15(3): 942-952.

Dice, L.R., 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26: 297-302.

Dje, Y., Tahi, C.G., Bi, A.I.Z., Baudoin, J.P., and Bertin, P., 2010. Use of ISSR markers to assess genetic diversity of African edible seeded *Citrullus lanatus* landraces. *Scientia Horticulturae*, 124:159-164.

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

El-Adawy, T. A., and Taha, K. M., 2001. Characteristics and composition of watermelon, pumpkin, and paprika seed oils and flours. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 49(3): 1253-1259.

Elias, M.S., 2016. Distinguish among some selective watermelons by using ISSR technology. *The Iraqi Journal of Agricultural Sciences*, 47(5):1235-1245.

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

FAOSTAT, 2021. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Erişim, 02 Ocak 2023.

Fukunaga, K., Hill, J., Vigoroux, Y., Matsuoka, Y., Sanchez, G.J., Liu, K., Buckler, E. S., and Doebley, J., 2005. Genetic diversity and population structure of *Teosinte*. *Genetics*, 169: 2241-2254.

Hu, S. Y., 2005. *Food plants of China. Hong Kong (China): The Chinese University of Hong Kong Press*, 125 p.

Karaman, K., Dalda-Sekerci, A., Yetisir, H., Gulsen, O., and Coskun, O. F., 2018. Molecular, morphological and biochemical characterization of some turkish bitter melon (*Momordica charantia* L.) genotypes. *Journal of Industrial Crops and Products*, 123: 93-99.

Kausar, T., Hassan, M. T., and Din, G. M., 2020. Utilization of watermelon seed flour as protein supplement in cookies. *Pure and Applied Biology*, 9(1): 202-206.

Kıraç, H., Dalda-Sekerci, A., Coskun, O. F., and Gulsen, O., 2022. Morphological and molecular characterization of garlic (*Allium sativum* L.) genotypes sampled from Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-9.

Koocheki, A., Razavi, S. M. A., Milani, E., Moghadam, T. M., Abedini, M., Alamatyian, S., Izadkhan, S., 2007. Physical properties of watermelon seed as a function of moisture content and variety. *International Agrophysics*, 21: 349-359.

Kwon, Y. S., Oh, Y. H., Yi, S. I., Kim, H. Y., An, J. M., Yang, S. Y., Ok, S. H., and Shin, J. S., 2010. Informative SSR markers for commercial variety discrimination in watermelon (*Citrullus lanatus*). *Genes and Genomics*, 32: 115-122.

Lakshmi, A. J., and Kaul, P., 2011. Nutritional Potential, Bioaccessibility of Minerals and Functionality of Watermelon Seeds. *LWT- Food Science and Technology*, 44: 1821-1826.

Levi, A., Thomas, C. E., Wehner, T.C., and Zhang, X., 2001. Low genetic diversity indicates the need to broaden the genetic base of cultivated watermelon. *Horticultural Science*, 36: 1096-1101.

Li, P. F., Huo, X. A., Cheng, Y. Q., Dai, L., Yang, B. Y., and Duan, H. J., 2013. Assessment of genetic diversity in watermelon based on SRAP analysis. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 15(2): 89-96.

Maoto, M. M., Beswa, D., Jideani, A. I. O., 2019. Watermelon as a potential fruit snack. *International Journal of Food Properties*, 22(1): 355-370.

Mohammadi, S. A., and Prasanna, B. M., 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.

Petchsomrit, A., McDermott, M. I., Chanroj, S., and Choksawangkam, W., 2020. Watermelon seeds and peels: fatty acid composition and cosmeceutical potential. *Oilseeds & Fats Crops and Lipids*, 27, 54.

Pınar, H., Yahya, H.H., Ercişli, S., Coşkun, Ö.F., Yaman, M., Turgunbaev, K., and Uzun, A., 2021. Molecular Characterization of Barberry Genotypes from Turkey and Kyrgyzstan. *Erwerbs-Obstbau*, 63, 403-407.

Pritchard, J. K., Stephens, M., and Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2): 945-959.

Rohlf, J. F., 2000. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy And Multivariate Analysis System. Exeter Software, Setauket, New York.

Seyed, M. A. R., and Elnaz, M., 2006. Some Physical Properties of Watermelon Seeds. *African Journal of Agricultural Research*, 1(3):065-069.

Soghani, Z. N., Rahimi, M., Nasab, M. A., and Maleki, M., 2018. Grouping and genetic diversity of different watermelon ecotypes based on agro-morphological traits and ISSR marker. *Iheringia Série Botânica*, 73(1): 53-59.

- Solmaz, I., and Sari, N., 2009. Characterization of watermelon (*Citrullus lanatus*) accessions collected from Turkey for morphological traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 56: 173-188.
- Solmaz, I., Sari, N., Aka-Kacar, Y., and Yalcin-Mendi, N. Y., 2010. The genetic characterization of Turkish watermelon (*Citrullus lanatus*) accessions using RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57: 763-771.
- Tabiri, B., Agbenorhevi, J. K., Wireko-Manu, F. D., Elsa, I., and Ompouma, E. I., 2016. Watermelon seeds as food: Nutrient composition, phytochemicals and antioxidant activity. *International Journal of Nutrition and Food Sciences*, 5(2): 139-144.
- Tak, J., and Jain, S., 2016. Nutrient potential of watermelon (*Citrullus lanatus*) seeds and its incorporation in product preparation. *Food Science Research Journal*, 7(2): 202-206.
- Thongtha, S., Sawai, P., and Srisook, K., 2017. A comparative study on antioxidant and nitric oxide-inducing activity of some watermelon cultivars grown in Thailand. *Burapha Science Journal*, 22: 14-22.
- Uluturk, Z. I., Frary, A., and Doganlar, S., 2011. Determination of genetic diversity in water-melon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai] germplasm. *Australian Journal of Crop Science*, 5: 1832-1836.
- Yağcıoğlu, M., 2013. Bazı karpuz hatlarında önemli morfolojik karakterlerle ilişkili SRAP markrlarının geliştirilmesi. Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Kayseri, 153 s.
- Yağcıoğlu, M., Gülşen, O., Solmaz, İ., Yetişir, H., and Sari, N., 2016. Genetic analyses of Turkish watermelons based on SRAP markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 40: 4-15.
- Zhang, H., Fan, J., Guo, S., Ren, Y., Gong, G., and Zhang, J., 2016. Genetic diversity, population structure, and formation of a core collection of *Citrullus* accessions. *HortScience*, 51: 23-29.