

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**KENDİLEME YOLUYLA ELDE EDİLMİŞ HIYAR HATLARININ
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

İbrahim TUNCER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ŞUBAT 2020

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**KENDİLEME YOLUYLA ELDE EDİLMİŞ HIYAR HATLARININ
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

İbrahim TUNCER

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ŞUBAT 2020

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KENDİLEME YOLUYLA ELDE EDİLMİŞ HIYAR HATLARININ
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

**İbrahim TUNCER
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi
tarafından FYL-2019-4798 nolu proje ile desteklenmiştir.**

ŞUBAT 2020

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

KENDİLEME YOLUYLA ELDE EDİLMİŞ HIYAR HATLARININ
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

İbrahim TUNCER
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 28/02/2020 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Dr. Öğrt. Üyesi Hatice İKTEN (Danışman)

Prof. Dr. Taner AKAR

Prof. Dr. Fatma KOYUNCU

ÖZET

KENDİLEME YOLUYLA ELDE EDİLMİŞ HIYAR HATLARININ MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

İbrahim TUNCER

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Hatice İKTEN

Şubat 2020; 71 sayfa

Bu çalışmada 90 adet F₅-F₇ kademesindeki hıyar (*Cucumis sativus* L.) hattı ve 6 adet ticari çeşitin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Doksan adet hıyar hattının 52'si sofralık, 21'i dikenli, 10'u badem ve 7'si tarla tipi hıyardan oluşmaktadır. Morfolojik karakterizasyon için UPOV ve TTSM tarafından belirlenen kriterlerinden yararlanılarak 27 adet özellik değerlendirilmiştir. Seçilen hatların meyve boyu, meyve sayısı, bitki başına verim, meyve rengi, meyve eti sertliği gibi özellikleri incelenmiş ve bazı hatların kontrol olarak kullanılan ticari çeşitlerden daha iyi sonuçlar verdiği tespit edilmiştir. Moleküler çalışmalarda ise 15 adet SRAP primeri ile 112 toplam bant, 20 adet polimorfik bant ve 28 adet iPBS primeri ile 301 adet toplam bant ve 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Moleküler ve morfolojik çalışmalardan elde edilen veriler ile yapılan analizler sonucunda hatlar arasındaki genetik benzerlik ve farklılıklar ortaya konulmuştur.

ANAHTAR KELİMELER: Hıyar, iPBS, Moleküler Karakterizasyon, Morfolojik Karakterizasyon, SRAP.

JÜRİ: Dr. Öğr. Üyesi Hatice İKTEN

Prof. Dr. Taner AKAR

Prof. Dr. Fatma KOYUNCU

ABSTRACT

MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF CUCUMBER LINES OBTAINED BY SELECTION

İbrahim TUNCER

MSc Thesis in Agricultural Biotechnology

Supervisor: Assist. Prof. Dr. Hatice İKTEN

February 2020; 71 pages

In this study, morphologic and molecular characterization of 90 cucumber (*Cucumis sativus* L.) breeding lines at F₅-F₇ stages and 6 commercial varieties were carried out. The 90 cucumber lines consists of 52 Beit alpha, 21 barbed, 10 almond and 7 field types. For morphological characterization, 27 characters were evaluated based on the criteria determined by UPOV and TTSM. Fruit size, number of fruits for per plant, yield for per plant, fruit color, and fruit hardness were evaluated and some of the selected breeding lines showed better results than commercial varieties used as a control in the study. For molecular characterization a total of 301 bands were obtained with 28 iPBS primers and 123 of them were polymorphic and 15 SRAP primers produced a total of 112 bands and 20 of them were polymorphic. As a result of analyzes the molecular and morphologic data the genetic similarities or dissimilarities among the cucumber lines were determined.

KEYWORDS: Cucumber, iPBS, Molecular Characterization, Morphological Characterization, SRAP.

COMMITTEE: Assist. Prof. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Taner AKAR

Prof. Dr. Fatma KOYUNCU

ÖNSÖZ

Çalışmanın tez olarak planlanmasını yapan yürütülmesinde her türlü bilgi, birikim ve deneyimlerin esirgemeyen, her zaman yol gösterici olan ve desteğini eksik etmeyen, hep olumlu yaklaşımıyla çalışma isteğimi artıran danışman hocam Dr. Öğrt. Üyesi Hatice İKTEN’e saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmada kullanılan bitkisel materyali sağlayan, arazi çalışmaları için istasyonunun seralarını açan Detay Tarıma yöneticilerine ve arazi ölçümleri yapılması konusunda her türlü engin deneyimlerini paylaşan Zir. Müh. Ersin Çiğdem’e ölçümler sırasında yardım eden çalışma arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmaları süresince yardımlarını esirgemeyen Tarımsal Biyoteknoloji bölümü yüksek lisans ve doktora eğitimi alan değerli arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Hayatımın her döneminde maddi ve manevi hep yanımda olan babam Mehmet ve annem Hafize Tuncer’e, yüksek lisans öğrenimim boyunca beni destekleyen sevgili eşim Burcu Tuncer’e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
AKADEMİK BEYAN	v
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
3. MATERYAL VE METOT	8
3.1. Materyal.....	8
3.2. Metot	10
3.2.1. Morfolojik karakterizasyon.....	10
3.2.2. Moleküler karakterizasyon.....	14
3.2.2.1. DNA izolasyonu	14
3.2.2.2. SRAP analizleri	14
3.2.2.3. iPBS analizleri.....	16
3.2.2.4. PCR ürünlerinin görüntülenmesi.....	18
4. BULGULAR.....	19
4.1. Morfolojik Bulgular	19
4.1.1. Genotiplerden elde edilen verim değerleri	27
4.1.2. Morfolojik verilere ait kümeleme analizi ve temel bileşenler analizi.....	29
4.2. Moleküler Bulgular	32
4.2.1. SRAP analizleri.....	33
4.2.2. iPBS analizleri.....	37
4.3. SRAP ve iPBS Analizleri Sonucu Elde Edilen Verilerin Birlikte Değerlendirilmesi	43
4.4. Morfolojik ve Moleküler Analizleri Sonucu Elde Edilen Verilerin Birlikte Değerlendirilmesi	46
5. TARTIŞMA	50
6. SONUÇLAR.....	53
7. KAYNAKLAR	55
8. EKLER.....	60
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “Kendileme Yoluyla Elde Edilmiş Hıyar Hatlarının Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

28/02/2020

İbrahim TUNCER



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A : Adenin

bp-bç : Baz çifti

C : Sitozin

°C : Santigrat derece

cm : Santimetre

dk : dakika

G : Guanin

Ha : Hektar

gr : Gram

kg : Kilogram

m : Metre

ml : Mililitre

mm : Milimetre

mM : Milimolar

M : Molar

µl : Mikrolitre

T : Timin

UV : Ultraviyole

V : Volt

% : Yüzde oranı

Kısaltmalar

EDTA : Etilen Diamin Tetra Asetik Asit

FAO : Food and Agriculture Organization of the United Nations

ISSR : Inter Simple Sequence Repeat

İPBS : inter-Primer Binding Site

PCR : Polimeraz Chain Reaction

RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA

SRAP : Sequence-Related Amplified Polymorphism

SSR : Simple Sequence Repeat

TBE : Tris/Borik asit/EDTA Tampon çözeltisi

Tris : Tris(hydroxymethy)aminomethane)

TTSM : Tohum Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü

TÜİK : Türkiye İstatistik Kurumu

UPOV : International Union for the Protection of New Varieties of Plants

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. (a) Sofralık tipi genotip (b) Tarla tipi genotip (c) Badem tipi genotip (d) Dikenli tip genotip	9
Şekil 3.2. (a) Fidelerin viyol ekim desenleri (b) Dikim yapılan seradan genel görünüm (c) Meyve eti sertlik ölçümü (d) Meyve ağırlık tartımı (e) Serada bitki ölçümleri	13
Şekil 3.3. (a) DNA izolasyonu çalışmaları (b) PCR ürünlerinin agaroz jel yüklenmesi	18
Şekil 4.1. Genotiplerin morfolojik analizleri sonucu elde edilen veriler kullanılarak elde edilen dendrogram	30
Şekil 4.2. Genotiplerin morfolojik verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik	31
Şekil 4.3. Genotiplerin morfolojik verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik	31
Şekil 4.4. Araştırmada kullanılan genotiplerin DNA görüntüleri.....	32
Şekil 4.5. 96 adet hıyar genotipinin ME1EM5 SRAP primer çifti ile PCR sonucu	33
Şekil 4.6. 96 adet hıyar genotipinin ME1EM7 SRAP primer çifti ile PCR sonucu	34
Şekil 4.7. Çalışmada kullanılan 96 genotipin SRAP primeri kullanımıyla elde edilen genetik ilişkilerinin dendrogramı	35
Şekil 4.8. Genotiplerin SRAP verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik.....	36
Şekil 4.9. Genotiplerin SRAP verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik.....	36
Şekil 4.10. Karışım DNA ile iPBS primerlerinin taranması sonucu elde edilen jel görüntüsü.....	37
Şekil 4.11. 96 adet hıyar genotipinin iPBS 2074 primeri ile jel görüntüsü	39
Şekil 4.12. 96 adet hıyar genotipinin iPBS 2251 primeri ile jel görüntüsü	40
Şekil 4.13. Çalışmada kullanılan 96 genotipin iPBS primeri kullanımıyla elde edilen genetik ilişkilerinin dendrogramı	41
Şekil 4.14. Genotiplerin iPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik.....	42
Şekil 4.15. Genotiplerin iPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik.....	42

Şekil 4.16. SRAP ve iPBS analizlerinden elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesiyle elde edilen dendrogram	44
Şekil 4.17. SRAP ve iPBS verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 2 boyutlu grafik	45
Şekil 4.18. SRAP ve iPBS verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 3 boyutlu grafik	46
Şekil 4.19. Morfolojik ve moleküler analizlerinden elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesiyle elde edilen dendrogram	47
Şekil 4.20. Morfolojik ve moleküler verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 2 boyutlu grafik	48
Şekil 4.21. Morfolojik ve moleküler verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 3 boyutlu grafik	48

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Orta boy bir hıyar meyvesinin içerdği besin maddesi miktarı.....	2
Çizelge 3.1. Çalışmada bitkisel materyal olarak kullanılan hıyar genotipleri	8
Çizelge 3.2. CTAB solüsyonu içeriği	14
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan SRAP primerlerinin listesi	15
Çizelge 3.4. SRAP PCR bileşenleri	15
Çizelge 3.5. SRAP Temel döngü protokolü	16
Çizelge 3.6. iPBS PCR bileşenleri.....	16
Çizelge 3.7. iPBS Temel döngü protokolü	16
Çizelge 3.8. Çalışmada havuz (bulk) DNA ile yapılan PCR reaksiyonlarında kullanılan iPBS primerlerin listesi	17
Çizelge 3.9. Polimorfik olduğu belirlenerek 96 genotipte kullanılan iPBS primerlerinin listesi	18
Çizelge 4.1. Kullanılan genotiplerin meyve ölçümleri ve bitki verimi değerleri	19
Çizelge 4.2. Kullanılan genotiplerin bitki, yaprak ve çiçek ölçüm değerleri	21
Çizelge 4.3. Kullanılan genotiplerin meyve ve yaprak rengi değerleri	23
Çizelge 4.4. Kullanılan genotiplerin bitki, meyve ve çiçek özellikleri.....	25
Çizelge 4.5. Tüm hatlarda toplam 15 hasattan elde edilen verim değerleri.....	28

1.GİRİŞ

Hıyar (*Cucumis sativus* L.) tüm dünyada yaygın olarak yetiştiriciliği yapılan ve ekonomik açıdan önemli değere sahip olan Cucurbitaceae ailesinin üyelerinden biridir. Cucurbitaceae familyasına ait sebzeler içerisinde hıyar, karpuzdan sonra ikinci en yaygın yetiştirilen sebze türü ve Asya kıtasında ekonomik öneme sahip sebzeler sıralamasında domates, lahana ve soğandan sonra 4. sırada gelmektedir. 3000 yıldan uzun süredir Hindistan'da yetiştirilen Güney Asya'nın tropik bölgelerine özgü bir türdür. Dünyada hıyar meyveleri esas olarak taze salata ürünü ve turşu şeklinde tüketilmektedir (Sharma vd. 1996). Asya'da bitkinin genç sürgünleri yapraklı sebze olarak tüketilir; tohumları ise yağ kaynağı olarak kullanılır. Afrika'da olgunlaşmamış ham hıyar meyveleri bir hastalık olan ince bağırsak zarının iltihabına sebep ladin tedavisi için kullanılır. Çin'de ise ham meyveler çocuklarda dizanteri hastalığının tedavisinde yararlanılmaktadır (Aydemir 2009). Ayrıca kozmetik ürünlerinde, sabun sanayinde, krem ham maddesi olarak ve daha birçok alanda tüketilmektedir (Dhiman ve Parkash 2005).

Hıyar tüm dünya genelinde 2.271.260 ha üretim alanına sahip olup bu alanlarda toplam 83.753.861 ton ürün elde edilmektedir. Ülkemizde ise yetiştiriciliği yoğun olarak yapılan sebze türlerinin başında gelmektedir. Yaz aylarında ülkemizin her bölgesinde açık alanda, kış aylarında ise örtü altında Akdeniz bölgesinde ve Ege kıyılarında üretimi yapılmaktadır. Ülkemizde toplam 37.695 ha alanda üretimi yapılmakta ve bu alandan elde edilen toplam ürün miktarı 1.827.782 ton'dur (FAO 2016). Bu üretimin 1.121.625 tonu örtü altı üretiminden elde edilmektedir. Ülkemizdeki toplam hıyar üretiminin 1.687.927 tonu sofralık, 139.855 tonu turşuluk ve 41.863 tonu ise acur üretiminden oluşmaktadır (Anonim 2017).

Hıyar bitkisi yetiştiriciliği ılıman iklim yapısı istemekte olup tropik ve subtropik ülkelerde yetiştiriciliği de mümkündür. Soğuk ülkelerde yaz aylarında sıcak günlerde açıkta veya örtü altında yetiştirilir. İdeal gündüz sıcaklığı 30 °C, gece sıcaklığı ise 18-21 °C arasındadır. İdeal verim gelişimi için minimum sıcaklık 15 °C'dir. Bu sıcaklıklarda optimum verim elde etmek mümkündür. Düşük sıcaklıklarda bitki kök yapısı çabucak etkilenir ve bitki gelişimi durur bu da verimi büyük ölçüde etkiler. Düşük nem geniş yapraklı bitki olduğu için yüksek oranda su kaybına neden olur. Yüksek nem ise fungal hastalıklara sebep olur. Organik maddece zengin iyi direne edilmiş pH 6.0-7.0 olan topraklar bitki gelişimi için uygundur (Lim 2012).

Besin değerleri bakımından düşük kaloriye sahiptir. Orta boy bir hıyar meyvesinde 36 kalori mevcuttur. Beslenme açısından hıyar içerdikleri bileşenler ile sağlıklı tüketime uygun bir besin maddesidir. Hıyarın besin değerleri Çizelge 1.1.'de verilmiştir.

Çizelge 1.1. Orta boy bir hıyar meyvesinin içerdiği besin maddesi miktarı (Bayram 2019)

Bileşenler	Miktarı	Bileşenler	Miktarı
Kalori	36	Vitamin C	16 mg
Toplam yağ	0.4 g	Vitamin A	647 mg
Kolesterol	0 mg	Vitamin B6	0.13 mg
Protein	2.1 g	Vitamin B12	0 mcg
Sodyum	6 mg	Thiamin B1	0.07 mg
Potasyum	433 mg	Riboflavin B2	0.07 mg
Kalsiyum	42 mg	Folacin	39.1 mcg
Demir	0.8 mg	Niacin	0.7 mg
Çinko	0.6 mg	Kafein	0 mg
Karbohidrat	8.3 g	Alkol	0 g

Dünyada sebze üretimi büyük alanlara ve önemli ekonomik değerlere ulaşmıştır. Tarımsal üretimin temel girdilerin başında tohum maliyeti gelmektedir. Her yıl uluslararası alanda büyük ithalat ve ihracat rakamlarına ulaşmaktadır. 2016 yılı verilerine göre uluslararası tohum ticareti yaklaşık olarak 12 milyar USD'ye ulaşmıştır. Ülkemiz sertifikalı tohum üretimi ise 2018 yılında 1.059.316 ton, tohum ihracatı 151.7 milyon USD tohum ithalatı ise 178.8 milyon USD'dir (Anonim 2018). Bu ticaretin başında gelen ülkeler sırasıyla Hollanda, Fransa, ABD ve Almanya'dır. Ülkemiz dünya tohum pazarında ancak 10. sırada yer alabilmektedir (Anonim 2018). Dünya tohum pazarında daha çok söz sahibi olabilmek için ıslah çalışmalarına artırmak ve hız vermek gerekmektedir. Ülkemizdeki yerli firmaların yabancı ıslah firmalarıyla rekabet edebilmesi ve daha kaliteli çeşitler geliştirebilmeleri için geleneksel ıslah yöntemlerinin moleküler ıslah yöntemleri bütünleştirilmesi gerekmektedir.

Hıyar ıslah çalışmaları ülkemizde domatesin ardından ikinci sırada gelen yerli firmaların yoğun olarak çalıştığı türlerin başında gelmektedir. Yüksek kaliteli ve verimli yeni çeşitler geliştirebilmek için hıyar genetik kaynaklarının genetik çeşitlilik analizlerinin yapılması son derece önemlidir. Morfolojik karakterizasyon genotiplerin tanımlanmasında temel adımı oluşturmakta, moleküler karakterizasyon ise genotipler arasındaki yakınlığı/uzaklığı DNA seviyesinde ortaya koymaktadır. Bu çalışmada ülkemizde geleneksel ıslah yöntemiyle geliştirilen hıyar hatlarının morfolojik ve moleküler olarak tanımlanması amaçlanmıştır.

Morfolojik tanımlamada bitkinin yaprak rengi, meyve şekli, meyve uzunluğu, meyve kabuk rengi, bitki boyu gibi birçok özelliklere bakılarak gruplara ayırmak mümkündür. Ancak bu tip sınıflandırmalar genetik olarak daha uzak kabul edilen bitki grupları için daha uygun olup yakın akraba bitki gruplarında her zaman yeterli varyasyon bulunmaya bilir. Diğer sebze türlerinde olduğu gibi hıyarda da (*Cucumis sativus* L.) karakterlerin oluşumunda çevresel etkenler etkili olabilmektedir (Gülşen ve Mutlu 2005).

Moleküler tanımlama daha net ve kesin bilgiler verebildiği için son yıllarda ön plana çıkmaya başlamıştır. Islah çalışmalarında moleküler markörler hatların tanımlanmasında başarılı bir şekilde uygulanmaktadır (Güleç vd. 2010). iPBS ve SRAP moleküler markör teknikleri moleküler karakterizasyon çalışmalarında yoğun olarak

kullanılan polimorfizm oranı yüksek, uygulanması basit ve nispeten ucuz tekniklerdir (Filiz ve Koçak 2011).

Bu çalışmada çeşit adayları ve hatların önemli bitki, meyve, verim olgusu gibi (erkencilik/geçcılık) morfolojik özelliklerini tanımlamak; SRAP ve iPBS markörleri ile genetik çeşitliliği belirleyerek hatların ıslah programlarında kullanım potansiyelinin ortaya konulması amaçlanmıştır.



2.KAYNAK TARAMASI

Hıyar (*Cucumis sativus* L.) dünya çapında ekonomik değere sahip yaklaşık olarak 960 türden oluşan Cucurbitacea familyasının *Cucumis* cinsine ait önemli bir sebze türüdür (Valcárcel vd. 2018). Cucurbitaceae familyasında karpuz (*Citrullus lanatus* L.), hıyar (*Cucumis sativus* L.) ve kavun (*Cucumis melo* L.) ekonomik öneme sahip türleridir. *Cucumis* ($2n=14$) diploit bir türdür olup genom büyüklüğü ise 367 Mb'lık haploid küçük bir yapıya sahiptir (Ren vd. 2009). Hıyar'da 4 botanik varyete tanımlanmıştır. Kültür çeşiti olan (*C. s. var. Sativus*), yarı yabani tür olan Xishuangbanna (*C. s. var. Xishuangbannanensis*), Sikkim hıyar, (*C. s. var. Sikkimensis*) ve yabani tür olan (*C. s. var. Hardwickii*) (Wang 2017).

Hıyar tropik ve subtropik bölgelerde yetiştiriciliği yapılan en eski kültür bitkilerinden biridir. Anavatanının Asya olduğu ve MÖ. 1500 yıllarında kültüre alındığı belirtilmektedir (Whitaker ve Davis 1962; Sebastian vd. 2010). Asya ve Afrika'da 30 *Cucumis* türü bulunmaktadır. İlk olarak Himalaya Dağının eteklerinde kuzey Hindistan'da yerel halk tarafında ürün olarak kullanılmıştır ve tarihte 3.000 yıldan fazla süredir bilindiği tahmin edilmektedir. Hıyar ekimi Hindistan'da en az 3000 yıl Çin'de ise 2000 yıl öncesine kadar uzanmaktadır (Veena vd. 2012). Birincil derecede genetik çeşitlilik merkezi Hindistan ikincisi ise Güneydoğu Asya olarak kabul edilmiştir (McCreight vd. 2013; Naegele vd. 2016). Türkiye hıyar gen merkezi olmadığından yüksek genetik çeşitlilik yoktur (Sarı vd. 2008).

Hıyar değişik pazar ihtiyaçlarına göre belli başlı ticari tipler ayrılmıştır. Meyve büyüklüğü ve rengi, meyve sığilleri, donuk ve homojen renk gibi meyve kabuğu özellikleri, meyve boyut ve şekilleri ticari tipleri belirleyen dış kalite özelliklerinden bazılarıdır (Valcárcel vd. 2018). Dünya'da çeşitli tüketim ve tercihe göre farklı pazar tipleri bulunmaktadır. Bunlar; Kuzey Amerika sofralık tip (North American slicing type), Kuzey Amerika turşuluk tip (North American processing type), Avrupa sera tipi (European greenhouse type) ve Kuzey Çin sofralık tip (Northern China fresh market type) olarak belirlenmiştir (Yağcıoğlu 2018).

Hıyar üretiminin önemli bir kısmı Kuzey Amerika ve Avrupa olarak kabul edilse de dünya hıyar üretiminin yarısı Asya'da gerçekleşmektedir. Dünya hıyar üretimi 2011 yılı için 65.3 milyon ton olarak bildirilmiş ve bu üretimin %72'si Çin'de gerçekleşmiştir (FAO 2013). Çin, Türkiye, İran, Özbekistan ve Japonya önemli hıyar üretici ülkeler arasında yer almaktadır.

Hıyarın birincil derecede gen havuzunu kültürü yapılan *C. sativus var. sativus* L ve yabani tip *C. sativus var. hardwickii* (Royle) Alef., oluşturmuştur (Cavagnaro vd. 2010). Kültürü yapılan hıyar (*C. s. var. sativus*) genetik analizler sonucu dört coğrafik gruba ayrılmıştır. Hindistan, Avrasya, Doğu Asya- Çin ve Xishuangbanna (Güney batı Çin) (Lv vd. 2012; Qi vd. 2013). Hindistan gen merkezini oluşturmakta ve yabani hıyar *C. s. var. hardwickii, a feral form of var. sativus*'da dahil olmak üzere genetik çeşitliliğin büyük bir kısmını barındırmaktadır (Lv vd. 2012; Yang vd. 2012).

Günümüzde insan nüfusu hızla artarken insan ihtiyaçları da aynı oranda artmaktadır. Dünya kaynakları ise giderek azalmaktadır. Artan ihtiyaçları karşılamak için elde bulunan kaynaklardan daha yüksek verim elde etmek gerekmektedir. Bitki

ıslahının da temel amacı budur. Yapılacak olan seleksiyonlarla verimi yüksek, kaliteli, uzun raf ömürlü, hastalık ve zararlılara toleransı olan adaptasyon yeteneği yüksek yeni çeşitler elde etmek amaçlanmaktadır. (Yorgancılar vd. 2015). Geleneksel ıslah yöntemleri ile yeni çeşit geliştirmek uzun yıllar alan, zahmetli, maliyeti yüksek işlemlerdir. Genetik mühendisliği ve biyoteknoloji yeni çeşitler geliştirmek için gereken zamanı kısaltarak bitki ıslahına büyük katkı sağlamıştır. (Mohan vd. 1997).

Moleküler markörler, genomun belirli yerlerinde bulunan ve bir nesilden diğerine kalıtsal olarak aktarılan ıslah programları için değerli bilgiler sağlayan DNA dizileridir (Aneja vd. 2012). Moleküler markörler kullanılarak arzu edilen genlerin çeşitler arasındaki transferi hızlanacak ve yabancı türlerden gen aktarımı daha kolay olacaktır. Geleneksel ıslah yöntemleri ile analiz edilmesi çok zor olan poligenetik karakterler moleküler markörler kullanılarak daha kolay takip edilecektir (Mohan vd. 1997). İdeal moleküler markör tekniklerinde bulunması istenen özellikler genellikle şunlardır; polimorfizm oranı yüksek olmalı, az miktardaki DNA ile çalışabilmeli, uygulaması kolay, düşük maliyetli, hızlı olmalı ve farklı genomlarda çalışabilmelidir (Filiz ve Koçak 2011).

SRAP (Sequence-Related Amplified Polymorphism); Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilen, PCR bazlı bir moleküler markör tekniğidir (Aneja vd. 2012). Bu markör sisteminde, amplifikasyon için iki primer (ileri ve ters) kullanılarak açık okuma bölgelerinin (ORF) amplifikasyonu amaçlanmaktadır. İleri primerler 17 bp, ters primerler 18 bp uzunluğundaki primerlerden meydana gelir. Bu primerlerin 5' ucunda 13 veya 14 bp uzunluğunda meydana gelen nükleotit dizinin sonuna eklenmiş ileri primerlerde CCGG, ters primerlerde ise AATT dizileri gelmektedir. İleri ve ters primerlerinde 3' ucunda ise üç seçici nükleotit dizisi bulunmaktadır. Bu primerler gen bölgelerini hedef alır (Gülşen ve Mutlu 2005).

iPBS (inter-Primer Binding Site) Kalendar vd. (2010) tarafından geliştirilmiş iPBS primerleri transpozon temelli moleküler markör tekniğidir. Retrotranspozonlar herhangi bir bitki genomunda çok sayıda kopya halinde bulunurlar (Kalendar vd. 2019). Retrotranspozonlar iki gruba ayrılabilir: LTR (uzun terminal tekrarı) ve LTR olmayan retrotranspozonlar. LTR retrotranspozonları bitki genomunda baskın olarak bulunurlar (Andeden vd 2013). LTR retrotranspozonları 5' ucu primer bağlanma bölgelerine sahiptir. tRNA'nın 3' ucu PBS'ye bağlanır ve retrotranspozonun mRNA'sının sentezini başlatır. iPBS metodunda iki LTR retrotranspozon arasındaki amplifikasyon olacak kadar yakın bölgelere bağlanır zıt yönde çoğaltmaya başlar (Koçak ve İnan 2017).

SRAP tekniği PCR esaslı olup ucuz, az işçilik gerektiren, polimorfizm oranı yüksek ve tutarlı sonuçlar veren bir markör sistemidir (Li ve Quiros 2001). iPBS tekniği ise genomda çok fazla kopya sayıları nedeniyle, yüksek oranda bant üretir (Koçak ve İnan 2017).

Dünyada bulunan hıyar genetik kaynaklarının karakterizasyonu ile ilgili morfolojik ve moleküler çalışmalar yürütülmektedir. Hindistan'da yapılan çalışmada 78 hıyar genotipinin bitki ve meyve özellikleri incelenerek genetik çeşitlilik belirlenmiştir (Kumar vd. 2018). İspanya'da yürütülen çalışmalarda 206 hıyar genetik kaynağının morfolojik karakterizasyonu ve 131 genotipin 23 SSR markör ile moleküler karakterizasyonu tamamlanmıştır (Valcárcel vd. 2018).

Amerika Birleşik Devletleri'nde yapılan moleküler karakterizasyon çalışmalarında ise 757 genotip 7 izoenzim lokusu ile (Meglic vd. 1996), 118 genotip 71 RAPD (Horejsi ve Staub 1999) primeri ile Çin, Almanya ve Amerika Birleşik Devletlerinden toplanan 3342 hıyar genotipini içeren koleksiyon 23 SSR markör ile (Lv vd. 2012) analiz edilerek genetik çeşitlilik belirlenmeye çalışılmıştır.

Uman, Pakistan ve Hindistan'da yapılan çalışmalarda farklı kaynaklardan elde edilmiş hıyar genotiplerinin morfolojik özellikleri tanımlanarak genetik farklılıkları/benzerlikleri belirlenmiştir (Al-Rawahi vd. 2011; Khan vd. 2015; Ene vd. 2016; Pal vd. 2018).

Tayland'da yapılan bir çalışmada 38 hıyar genotipi arasındaki genetik çeşitlilik 8 agronomik özellik (verim, meyve ağırlığı, meyve eni, meyve boyu, çekirdek evi eni, çekirdek evi boyu, hasat periyodu, bitki başına meyve sayısı, meyve rengi) ve 20 SSR markör ile belirlenmiştir (Innark vd. 2013). Golabadi vd. (2012), İran'ın farklı coğrafik lokasyonlardan toplanmış 20 hıyar genotipi morfolojik özellikler ve verim açısından değerlendirilmiştir.

Meng vd. (2012) hıyarda meyve şeklini belirleyen genlerin tespiti için yapılan çalışmada 130 adet F₂ bitkisinin 380 SRAP primer kombinasyonları ile taranmış ve 34 primer çiftinde polimorfik bant elde etmiştir. Tayland'da, Panyanitikoon vd. (2018) tarafından yürütülen çalışmada 26 RAPD primeri ile 38 hıyar genotipi arasındaki genetik çeşitlilik belirlenmiştir.

Yeboah vd. (2007) hıyarda haritalama çalışmasında 112 F₂ genotip içeren popülasyonda 50 ISSR primeri ve 132 SRAP primer çiftleri kullanılarak genetik bağlantı haritalama çalışılmıştır. Hindistan'da yapılan bir çalışmada 40 hıyar genotip morfolojik özellikler (meyve ağırlığı, dişi çiçek oranı, sap uzunluğu, meyve su içeriği) ve 21 EST-SSR primerleri ile genetik varyasyon belirlenmeye çalışılmıştır (Pandey vd. 2017).

Çin'de yapılan hıyar meyvesine siğil oluşturan geni belirleme çalışmasında 247 genotip 9 SRAP primer çifti ve 6 SSR primerleri ile çalışılmıştır (Zhang vd. 2009). Yuan vd. (2008), 130 hıyar genotipinde 9 morfolojik meyve özelliği (meyve ağırlık, meyve uzunluk, meyve çapı, meyve kalınlığı, tohum boşluğu, meyve sap uzunluğu, meyve pedikal uzunluğu, meyve uzunluk/çap ve meyve uzunluk/sap oranı) çalışmış ayrıca 113 SRAP, 33 RAPD, 11 SSR, 9 SCAR, 3 ISSR, 1 STS markör ile genetik çeşitlilik belirlenmiştir.

Yapılan literatür taramalarında ülkemizde hıyar genetik kaynaklarının tanımlanması ile ilgili sınırlı sayıda çalışma yapıldığı görülmüştür. (Gözen 2008) tarafından yürütülen çalışmada F₅-F₆ kademesindeki 141 genotipin morfolojik karakterizasyonu yapılmıştır. Aydemir (2009) ise 96 hıyar genotipinin moleküler karakterizasyonunu SRAP primerleri ile gerçekleştirmiştir. Devran vd. (2011) kök-ur nemotoduna dayanıklılık geninin 100 AFLP ve 112 SRAP primeri ile belirlemiştir.

Üstün özelliklere sahip hibrit çeşitlerin elde edilmesi için genetik çeşitliliğinin yüksek olduğu morfolojik özelliklerin tanımlandığı gen havuzlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Meng vd. (2012) tarafından yayınlanan raporda hıyarın çok dar bir gen

havuzunun olduđu ve melezleme yoluyla yeni eřitler geliřtirme alıřmalarının sınırlı kaldıđı belirtilmektedir. Dar bir genetik tabana sahip olan hıyarda genetik eřitlilik alıřmaları diđer *Cucumis* trlerine kıyasla daha az yapılmıřtır. Yksek kaliteli verimli yeni eřitler geliřtirebilmek iin hıyar genetik kaynaklarının genetik eřitlilik analizlerinin yapılması son derece nemlidir (Innark vd. 2013). Hıyarda yapılacak karakterizasyon alıřmaları gelecekte yapılacak ıřlah alıřmaları iin byk nem tařımaktadır. Morfolojik karakterizasyon genetik olarak genotiplerin tanımlanmasında temel adımı oluřturmakta, molekler karakterizasyon ise genotipler arasındaki yakınlıđı/uzaklıđı DNA seviyesinde ortaya koymaktadır.



3.MATERYAL VE METOT

Bu çalışmada morfolojik analizler 2017 yılı güz ekim periyodu döneminde Detay Tarıma ait Aksu ilçesinin Kurşunlu mahallesi Yazır sokakta bulunan ARGE istasyonunda; moleküler analizler ise Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji bölümü laboratuvarlarında yapılmıştır.

3.1. Materyal

Çalışmada bitkisel materyal Detay Tarımın gen havuzunda bulunan kendileme yoluyla elde edilmiş F₅ kademesi ve üzerindeki doksan adet hıyar hattı ve 6 adet ticari çeşit kontrol olarak kullanılmıştır (Çizelge 3.1.). Doksan adet hıyar hatlarının 52'si sofralık, 21'i dikenli, 10'u badem ve 7'si tarla tipi hıyarından oluşmaktadır. Kontrol amaçlı kullanılan ticari çeşitlerin 2'si sofralık, 2'si dikenli ve 2'si badem tipi hıyar olarak belirlenmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada bitkisel materyal olarak kullanılan hıyar genotipleri

HAT NO	GENOTİPLER	HAT NO	GENOTİPLER	HAT NO	GENOTİPLER	HAT NO	GENOTİPLER
1	Sofralık	25	Sofralık	49	Dikenli	73	Dikenli
2	Dikenli	26	Sofralık	50	Dikenli	74	Sofralık
3	Dikenli	27	Sofralık	51	Dikenli	75	Sofralık
4	Dikenli	28	Sofralık	52	Dikenli	76	Sofralık
5	Sofralık	29	Sofralık	53	Dikenli	77	Sofralık
6	Sofralık	30	Sofralık	54	Dikenli	78	Sofralık
7	Dikenli	31	Sofralık	55	Sofralık	79	Badem
8	Badem	32	Sofralık	56	Sofralık	80	Badem
9	Sofralık	33	Sofralık	57	Sofralık	81	Sofralık
10	Sofralık	34	Badem	58	Sofralık	82	Sofralık
11	Sofralık	35	Badem	59	Sofralık	83	Sofralık
12	Sofralık	36	Badem	60	Sofralık	84	Sofralık
13	Sofralık	37	Badem	61	Badem	85	Sofralık
14	Sofralık	38	Badem	62	Badem	86	Sofralık
15	Sofralık	39	Sofralık	63	Sofralık	87	Sofralık
16	Dikenli	40	Sofralık	64	Sofralık	88	Sofralık
17	Tarla	41	Sofralık	65	Sofralık	89	Sofralık
18	Tarla	43	Sofralık	66	Sofralık	90	Sofralık
19	Tarla	43	Sofralık	67	Sofralık	91	Seleste F ₁ (Sofralık)
20	Tarla	44	Dikenli	68	Sofralık	92	Cemre F ₁ (Sofralık)
21	Tarla	45	Dikenli	69	Dikenli	93	Ptk 40 F ₁ (Badem)
22	Tarla	46	Dikenli	70	Dikenli	94	Gurme F ₁ (Badem)
23	Tarla	47	Dikenli	71	Dikenli	95	Mozaik F ₁ (Dikenli)
24	Sofralık	48	Dikenli	72	Dikenli	96	Espina F ₁ (Dikenli)



(a)



(b)



(b)



(d)

Şekil 3.1. (a) Sofralık tipi genotip (b) Tarla tipi genotip (c) Badem tipi genotip (d) Dikenli tip genotip

3.2. Metot

3.2.1. Morfolojik karakterizasyon

Kullanılan hatların morfolojik karakterizasyonu için UPOV'un (Uluslararası Yeni Bitki Çeşitleri Koruma Birliği) belirlemiş olduğu ve TTSM (Tohum Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü) tarafından yayınlanmış olan 'Hıyar Özellik Belgesi' kriterlerinden yararlanılmıştır. Bunlar arasından 27 adet özellik baz alınarak ölçümler yapılmıştır.

Çalışmada incelenen morfolojik karakterler:

Meyve eti sertliği: Her genotipin 3 meyve örneğinden meyvelerin tümünü temsil edecek şekilde kabuğu soyularak meyvenin üç bölgesinden meyve başı, ortası ve ucundan olacak şekilde FRUIT TESTER FT 011 marka bir el penetrometresi yardımıyla ölçülmüştür. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin meyve eti sertliği değeri olarak belirlenmiştir.

Suda çözünabilir kuru madde miktarı: Meyveler ilk olarak kabuklarıyla birlikte bir mutfak robotu yardımıyla parçalanarak püre (pulp) haline getirildi. Daha sonra bu püre refraktometre ölçüm bölgesine bırakıldı ve digital HANNA HI 96801 marka bir refraktometre yardımıyla ölçümler yapıldı. Her genotipten 3 meyvede ölçümler yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin suda çözünabilir kuru madde miktarı değeri olarak belirlenmiştir.

Meyve uzunluğu: 1 mm hassasiyetindeki cetvel yardımıyla her genotipten 3 meyve örneği alınarak ölçümler yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin meyve uzunluğu değeri olarak belirlenmiştir.

Meyve çapı: 1 mm hassasiyetindeki kumpas yardımıyla her genotipten meyvelerin tümünü temsil edecek şekilde 3 meyve seçilerek, meyvenin orta kısmından ölçümler yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin meyve çapı değeri olarak belirlenmiştir.

Meyve uzunluk/çap oranı: Meyve uzunluğunu çapına oranlayarak bir genotipin meyve uzunluk/çap oranı olarak belirlenmiştir.

Bitki başına verim: Her hasatta hatların tüm bitkilerinden hasat edilen meyveler bir el kantarıyla kg cinsinden tartıldı. Yapılan hasatlarda elde edilen değerler bir genotipin bir hasattaki verim değeri olarak kabul edildi. 15 hasat boyunca elde edilen toplam değerlerin ortalaması bitki başına toplam verim olarak belirlenmiştir.

Meyve sayısı: Her hasatta hatların tüm bitkilerinden elde edilen meyveler sayıldı. Yapılan hasatlarda elde edilen değerler bir genotipin bir hasattaki meyve sayısı değeri olarak kabul edildi. 15 hasat boyunca elde edilen toplam değerlerin ortalaması bitki başına toplam meyve sayısı olarak belirlenmiştir.

Bitki boyu: Bitkinin ilk 20 boğum arası 1 mm hassasiyetindeki metre yardımıyla her genotipin tüm bitkileri ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin bitki boyu değeri olarak belirlenmiştir.

Bitki boğum arası uzunluğu: Bitkinin 1 ile 1.5 m arasındaki boğumlar 1 mm hassasiyetindeki cetvel yardımıyla her hattın tüm bitkileri ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin bitki boğum arası uzunluğu değeri olarak belirlenmiştir.

Yaprak eni: Yaprak ayası eni 1 mm hassasiyetindeki cetvel yardımıyla her hattın tüm bitkileri ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin bitki yaprak eni değeri olarak belirlenmiştir.

Yaprak boyu: Yaprak ayası boyu 1 mm hassasiyetindeki cetvel yardımıyla her hattın tüm bitkilerinin yaprakları ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin bitki yaprak boyu değeri olarak belirlenmiştir.

Bitki gövde çapı: Bitkinin 1 m yüksekliğinden 1 mm hassasiyetindeki kumpas yardımıyla her hattın tüm bitkilerinin gövde çapı ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin bitki gövde çapı değeri olarak belirlenmiştir.

Çiçek sapı kalınlığı: 1 mm hassasiyetindeki kumpas yardımıyla her hattın tüm bitkilerinin çiçek sapları çapı ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin çiçek sapı kalınlığı değeri olarak belirlenmiştir.

Çiçek sapı uzunluğu: 1 mm hassasiyetindeki cetvel yardımıyla her hattın tüm bitkilerinin çiçek sapları uzunluğu ölçülerek yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin çiçek sapı uzunluğu değeri olarak belirlenmiştir.

Yaprak rengi: Yaprak ayasının orta kısmından MİNOLTA CR 200 (MİNOLTA Camera Co, LTD Ramsey, NJ) marka renk ölçme cihazı yardımıyla ölçümler yapılmıştır. Her genotipten yaprağın orta kısmından tüm yaprağı temsil edecek şekilde ölçümler yapılmıştır. Yapılan ölçümlerden elde edilen değerlerin ortalaması bir genotipin yaprak renk değeri olarak belirlenmiştir. Minolta her okumasında rengin ifadesinde kullanılan (L, a*, b*) üç farklı değer vermektedir. 'L' değeri parlaklığı ifade etmekte ve 0 ile 100 arasında değer almaktadır. Sıfır değerini yansımanın olmadığı siyah renkte almakta, 100 değeri beyaz renkte yansımanın olduğu durumda almaktadır. Pozitif 'a*' değeri kırmızılığı, negaif 'a*' değeri yeşil rengi temsil etmektedir. Pozitif 'b*' değeri sarılığı, negatif 'b*' değeri ise maviliği temsil etmektedir.

Meyve kabuk rengi: Örneklerin meyve kabuk rengi MİNOLTA CR 200 (MİNOLTA Camera Co, LTD Ramsey, NJ) marka renk ölçme cihazı yardımıyla ölçümler yapılmıştır. Her genotipte 3 meyve örneğinden meyvelerin tümünü temsil edecek şekilde meyve uzunluğunun orta kısmından ölçümler yapılmıştır.

Meyvede eğrilik: Var, yok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyve ucu şekli: Dar, geniş skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede damar varlığı: Var, yok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede dikenlilik: Var, yok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede dikenlilik yoğunluğu: Az, orta ve çok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede tüylülük: Var, yok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede tüylülük yoğunluğu: Sık ve seyrek skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Bitki boğumundaki dişi çiçek sayısı: Bir boğumdaki dişi çiçekler sayılarak 1-3 arası ve 3'den fazla skalaları kullanılarak her genotipin tüm bitkilerinin bir boğumundaki dişi çiçek sayısı sayılarak tespit edilmiştir.

Bitki büyüme gücü: Kuvvetli, orta ve zayıf skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkileri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Meyvede partenokarpi: Var, yok skalaları ele alınarak her genotipin tüm bitkilerinin meyveleri incelenerek gözlem yolu ile belirlenmiştir.

Dişi çiçek gelişme zamanı: Bitkilerde ilk dişi çiçekler (Bitkilerin %80'inde en az bir dişi çiçek olduğunda) görülmeye başlandığı tarihler kayıt altına alındı. Bu tarihlere göre de erkenci, orta ve geççi skalaları ele alınarak belirlendi.



(a)



(b)



(b)



(d)



(e)

Şekil 3.2. (a) Fidelerin viyol ekim desenleri (b) Dikim yapılan seradan genel görünüm (c) Meyve eti sertlik ölçümü (d) Meyve ağırlık tartımı (e) Serada bitki ölçümleri

3.2.2. Moleküler karakterizasyon

Yürütülen bu çalışmada 96 hıyar genotipinin PCR esaslı 15 adet SRAP (Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm) ve 28 adet iPBS (Primer Arası Bağlanma Yeri) kombinasyonu ile moleküler karakterizasyonu yapılmıştır.

3.2.2.1. DNA izolasyonu

Çalışmada kullanılan her genotipin genç yapraklarından örnekler alınıp ayrı ayrı kilitli torbalara konularak seradan laboratuvar ortamına getirilmiştir. DNA izolasyonu modifiye edilmiş CTAB protokolü (Doyle ve Doyle 1990) kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Örnekler içerisinde metal bilyeler bulunan 8'li striplere konulup üzerine 100 µl CTAB solüsyonu eklenip parçalayıcı (tissuelyser) yardımıyla ezilmiştir. Üzerine 400 µl daha CTAB solüsyonu eklenerek 65 °C'de 90 dakika sıcak su banyosunda bekletildikten sonra 500 µl kloroform-izoamil alkol eklenip alt üst edilerek karıştırılmıştır. 13000 rpm'de 20 dakika santrifüj yapılarak üst faz temiz striplere aktarılmıştır. Kloroform basamağı tekrar edilmiş ve üst faz temiz striplere alınarak üzerine 400 µl izopropanol ekleyip -20 °C 1 gece bekletilmiş ve ertesi gün yeniden 13000 rpm'de 20 dakika santrifüj yapılarak sıvı kısım boşaltılmış ve elde edilen çökeltinin üzerine 400 µl yıkama solüsyonu (%70'lik etanol ve 10 mM amonyum asetat) eklenerek yıkama işlemi gerçekleştirilmiştir. Oda sıcaklığında 20 dakika kurumaya bırakılan DNA'ların üzerine 100 µl TE (10 mM Tris ve 0.1 mM EDTA) eklenip muhafaza için -20 °C'ye kaldırılmıştır.

Çizelge 3.2. CTAB solüsyonu içeriği

Bileşenler	Konsantrasyonu	Miktarı
CTAB	%2	20 g
Beta-merkaptoetanol	%0.2	2 ml
NACL	1.4 M	280 ml
EDTA PH:8	20 mM	40 ml
Tris-HCL PH:	1000 mM	280 ml
Toplam		1000 ml

3.2.2.2. SRAP analizleri

Çalışmada Aydemir (2009) tarafından polimorfik oldukları tespit edilmiş olan 15 adet SRAP primer kombinasyonu kullanılmıştır (Çizelge 3.3.). SRAP PCR bileşenleri ve döngü protokolü sırasıyla çizelge 3.5. ve 3.6.'da verilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan SRAP primerlerinin listesi

Primer No	Primer Kodu	Primer dizilimi (5'-3')
1	ME1	TGAGTCCAAACCGGATA
	EM3	GACTGCGTACGAATTGAC
2	ME1	TGAGTCCAAACCGGATA
	EM5	GACTGCGTACGAATTAAC
3	ME1	TGAGTCCAAACCGGATA
	EM7	GACTGCGTACGAATTCAA
4	ME3	TGAGTCCAAACCGGAAT
	EM5	GACTGCGTACGAATTAAC
5	ME4	TGAGTCCAAACCGGACC
	EM3	GACTGCGTACGAATTGAC
6	ME4	TGAGTCCAAACCGGACC
	EM5	GACTGCGTACGAATTAAC
7	ME6	TGAGTCCTTTCCGGTAA
	EM3	GACTGCGTACGAATTGAC
8	ME9	TGAGTCCAAACCGGAGG
	EM9	GACTGCGTACGAATTGAT
9	ME10	TGAGTCCAAACCGGAAA
	EM4	GACTGCGTACGAATTTGA
10	ME10	TGAGTCCAAACCGGAAA
	EM5	GACTGCGTACGAATTAAC
11	ME11	TGAGTCCAAACCGGAAC
	EM8	GACTGCGTACGAATTCTG
12	ME11	TGAGTCCAAACCGGAAC
	EM10	GACTGCGTACGAATTCAT
13	ME12	TGAGTCCAAACCGGTAG
	EM6	GACTGCGTACGAATTGCA
14	ME12	TGAGTCCAAACCGGTAG
	EM8	GACTGCGTACGAATTCTG
15	ME13	TGAGTCCAAACCGGCAT
	EM8	GACTGCGTACGAATTCTG

Çizelge 3.4. SRAP PCR bileşenleri

Bileşenler	Miktar
DNA (20ng/ µl)	2 µl
Taq buffer (10X)	1.5 µl
MgCl (25 mM)	1.5 µl
dNTP (2 mM)	1.5 µl
Primer (Forward) (10 pmol)	1 µl
Primer (Reverse) (10 pmol)	1 µl
Taq polimeraz (5 u/ µl)	0.2 µl
H ₂ O	6.3 µl
Toplam Hacim	15 µl

Çizelge 3.5. SRAP Temel döngü protokolü

Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
94 °C	5 dk	1
94 °C	1 dk	5
35 °C	1 dk	5
72 °C	1 dk	5
94 °C	1 dk	35
50 °C	1 dk	35
72 °C	1 dk	35
72 °C	5 dk	1

3.2.2.3. iPBS analizleri

Öncelikle polimorfik primerlerin belirlenmesi amacı ile rastgele seçilmiş 8 genotipin DNA örneklerinden eşit miktarda alınarak (10 µl) karıştırılmış ve havuz (bulk) DNA oluşturulmuştur. Kalendar (2010) tarafından geliştirilen iPBS primerleri (Çizelge 3.8.) havuz DNA ile taranarak polimorfizim oranı yüksek olan iPBS primerleri tespit edilmiştir. Daha sonra 96 genotiple polimorfik olduğu tespit edilen primerler kullanarak PCR analizleri yapılmıştır (Çizelge 3.9.). iPBS PCR bileşenleri ve temel döngü protokolü sırasıyla Çizelge 3.6. ve 3.7.'de verilmiştir.

Çizelge 3.6. iPBS PCR bileşenleri

Bileşenler	Miktar
DNA (20ng/ µl)	2 µl
Taq buffer (10X)	1.5 µl
MgCl (25 mM)	1.5 µl
dNTP (2 mM)	1 µl
Primer (10 pmol)	2 µl
Taq polimeraz (5 u/ µl)	0.2 µl
H ₂ O	1.8 µl
Toplam	10 µl

Çizelge 3.7. iPBS Temel döngü protokolü

Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
95 °C	02:30 dk	1
95 °C	01:00 dk	35
50 °C	01:00 dk	35
72 °C	01:00 dk	35
72 °C	10:00 dk	1

Çizelge 3.8. Çalışmada havuz (bulk) DNA ile yapılan PCR reaksiyonlarında kullanılan iPBS primerlerin listesi

Primer No	Primer Kodu	Primer Dizilimi (5'-3')	Primer No	Primer Kodu	Primer Dizilimi (5'-3')
1	2074	GCTCTGATACCA	32	2225	AGCATAGCTTTGATACCA
2	2078	GCGGAGTCGCCA	33	2230	TCTAGGCGTCTGATACCA
3	2079	AGGTGGGCGCCA	34	2231	ACTTGGATGCTGATACCA
4	2087	GCAATGGAACCA	35	2232	AGAGAGGCTCGGATACCA
5	2221	ACCTAGCTCACGATGCCA	36	2255	GCGTGTGCTCTCATACCA
6	2228	CATTGGCTCTTGATACCA	37	2257	CTCTCAATGAAAGCACCA
7	2241	ACCTAGCTCATCATGCCA	38	2271	GGCTCGGATGCCA
8	2242	GCCCCATGGTGGGCGCCA	39	2379	TCCAGAGATCCA
9	2243	AGTCAGGCTCTGTTACCA	40	2380	CAACCTGATCCA
10	2246	ACTAGGCTCTGTATACCA	41	2381	GTCCATCTTCCA
11	2249	AACCGACCTCTGATACCA	42	2385	CCATTGGGTCCA
12	2270	ACCTGGCGTGCCA	43	2387	GCGCAATACCCA
13	2272	GGCTCAGATGCCA	44	2398	GAACCCTTGCCGATACCA
14	2273	GCTCATCATGCCA	45	2400	CCCCCTCTTCTAGCGCCA
15	2277	GGCGATGATACCA	46	2401	AGTTAAGCTTTGATACCA
16	2278	GTCATGATACCA	47	2402	TCTAAGCTCTTGATACCA
17	2376	TAGATGGCACCA	48	2415	CATCGTAGGTGGGCGCCA
18	2377	ACGAAGGGACCA	49	2075	CTCATGATGCCA
19	2378	GGTCCCTATCCA	50	2080	GAGACGGCGCCA
20	2382	TGTTGGCTTCCA	51	2081	GCAACGGCGCCA
21	2383	GCATGGCCTCCA	52	2085	ATGCCGATACCA
22	2386	CTGATCAACCCA	53	2095	GCTCGGATACCA
23	2388	TTGGAAGACCCA	54	2217	ACTTGGATGTGCGATACCA
24	2390	GCAACAACCCCA	55	2219	GAACCTATGCCGATACCA
25	2076	GCTCCGATGCCA	56	2226	CGGTGACCTTTGATACCA
26	2077	CTCACGATGCCA	57	2229	CGACCTGTTCTGATACCA
27	2083	CTTCTAGCGCCA	58	2237	CCCCTACCTGGCGTGCCA
28	2218	CTCCAGCTCCGATTACCA	59	2238	ACCTAGCTCATGATGCCA
29	2220	ACCTGGCTCATGATGCCA	60	2239	ACCTAGGCTCGGATGCCA
30	2222	ACTTGGATGCCGATACCA	61	2240	AACCTGGCTCAGATGCCA
31	2224	ATCCTGGCAATGGAACCA	62	2244	GGAAGGCTCTGATTACCA
63	2245	GAGGTGGCTCTTATACCA	74	2374	CCCAGCAAACCA
64	2251	GAACAGGCGATGATACCA	75	2375	TCGCATCAACCA
65	2252	TCATGGCTCATGATACCA	76	2384	GTAATGGGTCCA
66	2253	TCGAGGCTCTAGATACCA	77	2389	ACATCCTTCCCA
67	2256	GACCTAGCTCTAATACCA	78	2391	ATCTGTGAGCCA
68	2274	ATGGTGGGCGCCA	79	2392	TAGATGGTGCCA
69	2276	ACCTCTGATACCA	80	2393	TACGGTACGCCA
70	2279	AATGAAAGCACCA	81	2394	GAGCCTAGGCCA
71	2295	AGAACGGCTCTGATACCA	82	2395	TCCCCAGCGGAGTCGCCA
72	2298	AGAAGAGCTCTGATACCA	83	2399	AAACTGGCAACGGCGCCA
73	2373	GAACCTGCTCCGATGCCA			

Çizelge 3.9. Polimorfik olduğu belirlenerek 96 genotipte kullanılan iPBS primerlerinin listesi

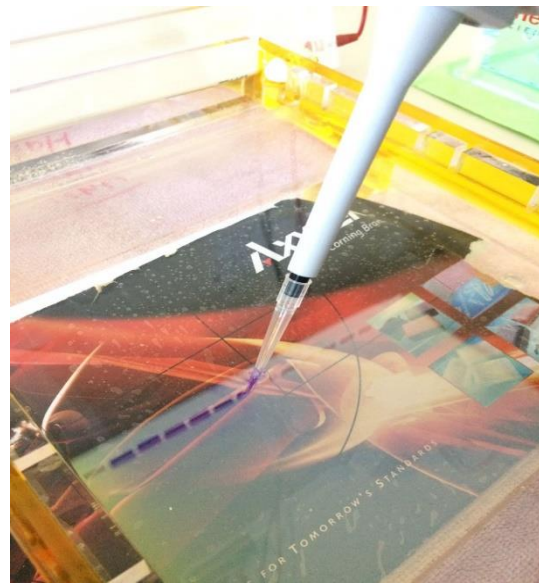
Primer No	Primer Kodu	Primer dizilimi (5'-3')
1	2074	GCTCTGATACCA
2	2075	CTCATGATGCCA
3	2076	GCTCCGATGCCA
4	2077	CTCACGATGCCA
5	2078	GCGGAGTCGCCA
6	2079	AGGTGGGCGCCA
7	2080	CAGACGGCGCCA
8	2081	GCAACGGCGCCA
9	2083	CTCTAGCGCCA
10	2085	ATGCCGATACCA
11	2095	GCTCGGATACCA
12	2225	AGCATAGCTTTGATACCA
13	2228	CATTGGCTCTTGATACCA
14	2230	TCTAGGCGTCTGATACCA
15	2232	AGAGAGGCTCGGATACCA
16	2240	AACCTGGCTCAGATGCCA
17	2249	AACCGACCTCTGATACCA
18	2251	GAACAGGCGATGATACCA
19	2274	ATGGTGGGCGCCA
20	2279	AATGAAAAGCACCA
21	2298	GAACCCTTGCCGATACCA
22	2374	CCCAGCAAACCA
23	2375	TCGCATCAACCA
24	2381	GTCCATCTTCCA
25	2389	ACATCCTTCCA
26	2391	ATCTGTCAGCCA
27	2392	TAGATGGTGCCA
28	2415	CATCGTAGGTGGGCGCCA

3.2.2.4. PCR ürünlerinin görüntülenmesi

Elde edilen SRAP ve iPBS PCR ürünleri %1.7'lik 10XTAE (Trizma Base, Glacial Asetic Acid, EDTA) agaroz jelde 2 µl yükleme boyası ile birlikte 120 V akımda 3.5-4 saat arası yürütülerek elde edilen bantlar UV ışık altında görüntülenmiştir.



(a)



(b)

Şekil 3.3. (a) DNA izolasyonu çalışmaları (b) PCR ürünlerinin agaroz jel yüklenmesi

4.BULGULAR

Çalışmada kullanılan 90 hıyar hattının ve 6 ticari çeşidin morfolojik ve moleküler karakterizasyonları yapılmıştır.

4.1. Morfolojik Bulgular

2017 yılı güz üretim döneminde ekimi yapılan hıyar genotiplerinin belirlenen 27 morfolojik karakteri incelenerek ölçümler ve gözlemler yapılmıştır. Morfolojik verilerden elde edilen bulgular aşağıda verilmiştir.

Çizelge 4.1. Kullanılan genotiplerin meyve ölçümleri ve bitki verimi değerleri

HAT NO	MS	KM	MU	MÇ	MU/MÇ	BV	MA	HAT NO	MS	KM	MU	MÇ	MU/MÇ	BV	MA
1	1.32	3.6	16.1	35.90	4.6	3.90	19.5	49	1.49	3.8	17.3	37.11	4.6	2.96	20
2	1.68	3.8	14.0	35.56	4	2.90	26.6	50	1.42	3.4	11.3	33.07	3.4	3.14	25.1
3	1.5	3.5	12.6	36.12	3.5	3.81	40.8	51	1.56	3.2	10.3	32.94	3.2	2.49	29
4	1.71	3.3	15.0	34.93	4.4	3.51	30.7	52	1.78	3.2	10.5	33.53	3.1	2.53	31.1
5	1.44	3	12.8	33.87	3.8	3.10	27.4	53	1.46	3.9	13.5	35.63	3.8	2.13	17.5
6	1.40	3.8	10.1	33.09	3.0	3.23	38.7	54	1.51	2.7	10.5	35.10	3.0	2.78	25.8
7	1.56	3.3	8.8	29.96	3.0	3.91	66	55	1.24	3.4	14.5	35.70	4.1	3.72	28.2
8	1.63	3.3	15.3	35.08	4.3	4.16	37.2	56	1.46	3.6	11.3	33.58	3.4	2.96	36.8
9	1.47	3.0	18.0	34.10	5.2	3.54	26.2	57	1.53	3.2	15.3	33.81	4.6	2.57	22.8
10	1.38	3.3	15.8	37	4.2	3.13	25	58	1.45	3.3	16.1	34.77	4.7	2.46	19.5
11	1.38	3.0	20.3	36.20	5.6	4.04	28.2	59	1.52	3.1	12.6	32.25	3.9	3.08	37.8
12	1.63	4.2	12.3	34.08	3.6	3.80	39.7	60	1.30	3	13.8	32.25	4.3	3.55	24.1
13	1.44	3.3	18.3	35.83	5.2	3.98	26.1	61	1.37	3.3	15	32.29	4.6	2.99	24.1
14	1.51	3.5	15.8	33.24	4.7	4.25	35.7	62	1.66	3.1	12.8	34.58	3.7	3.30	30.4
15	1.63	2.8	10.8	34.46	3.1	4.17	40	63	1.57	2.8	14.1	34.27	4.1	3.23	25.7
16	1.42	3.3	14.0	34.84	4.1	2.91	25.4	64	1.46	2.8	17.1	32.98	5.3	2.86	19.2
17	1.34	3.5	14.6	36.07	4.0	2.47	18.5	65	1.45	3.5	13.5	35.70	3.8	2.38	21.8
18	1.41	3.2	14.5	36.34	4.0	2.69	22.8	66	1.50	3	13	33.35	3.9	3.57	40.8
19	1.46	3.2	15.8	36.83	4.3	2.63	18.7	67	1.35	3.3	11.1	32.85	3.4	3.01	33.4
20	1.3	3.3	16.1	36.68	4.4	3.20	20	68	1.41	3.1	14.8	33.29	4.4	2.85	25.8
21	1.41	3.8	15	36.68	4.1	2.75	17.7	69	1.51	3.4	15.2	35.71	4.3	2.48	17.4
22	1.35	2.9	13.1	33.75	3.9	1.89	14.2	70	1.47	3.0	13.1	30.35	4.3	1.68	13.8
23	1.62	3.7	16.6	36.28	4.6	2.81	19	71	1.45	3.0	13.3	34.30	3.9	2.49	22.6
24	1.25	3.4	14.1	34.92	4.1	3.77	33.4	72	1.38	3.4	14.5	37.01	3.9	3.31	23.7
25	1.45	3.5	15.1	35.25	4.3	3.61	27.2	73	1.54	3.4	13.1	36.29	3.6	2.62	21.2
26	1.58	3.5	16.6	34.58	4.8	3.66	22.6	74	1.31	3.1	12.6	36.40	3.6	3.22	36.5
27	1.42	3.2	18.8	34.01	5.5	3.88	24.2	75	1.53	2.5	17.5	34.46	5.1	3.28	26.4
28	1.37	2.9	17.8	36.28	4.9	3.40	25	76	1.57	3.9	12.5	37.06	3.3	3.01	31.8
29	1.42	2.5	13.5	34.35	3.9	3.55	31	77	1.40	2.8	13.6	33.76	4.1	3.53	30.7
30	1.39	2.8	15.8	35.39	4.5	4.20	29.1	78	1.44	3.5	15.6	36.02	4.3	2.86	21.8
31	1.41	3.4	16.6	35.55	4.7	3.62	25.1	79	1.52	2.8	9.6	32.73	3.0	2.16	45.4
32	1.49	3.3	19	35.26	5.4	3.71	24.8	80	1.57	2.8	15.6	35.49	4.4	2.50	20.8
33	1.4	3.5	17	33.52	5.1	3.63	24.8	81	1.42	3.4	15.8	36.65	4.3	2.89	24.3
34	1.5	3.2	6.8	29.60	2.3	2.21	78.8	82	1.38	3.2	18.5	34.46	5.4	3.22	20.7
35	1.6	3.6	10.6	32.44	3.2	3.28	47.5	83	1.55	3.0	17	34.24	5.0	3.11	23.2
36	1.34	3.4	13.1	35.80	3.7	2.96	25.4	84	1.21	3.0	17.5	34.31	5.1	2.59	18.8
37	1.48	3.2	17	36.20	4.7	2.12	17.4	85	1.61	3.1	13.3	33.59	4.0	3.61	36.1
38	1.59	3.5	15.1	34.65	4.4	2.70	18.5	86	1.41	3.3	14.8	36.20	4.1	2.96	26.7
39	1.50	3.1	11.6	33.66	3.5	3.58	40	87	1.48	3.2	18.5	36.78	5.1	3.72	26.6
40	1.45	3.3	15.8	34.53	4.6	3.88	29.8	88	1.38	3	15	35.45	4.2	3.32	31.5
41	1.51	3.1	15.8	36.80	4.3	4.05	33.8	89	1.57	3.6	16.8	36.32	4.6	2.69	18.4

Çizelge 4.1'in devamı

HAT NO	MS	KM	MU	MÇ	MU/MÇ	BV	MA	HAT NO	MS	KM	MU	MÇ	MU/MÇ	BV	MA
42	1.44	3.0	13.8	33.79	4.1	4.27	38.8	90	1.37	3.0	17.5	36.80	4.8	2.96	21
43	1.47	3.3	16.6	32.68	5.1	2.92	20.5	91	1.27	3.3	18	35.59	5.1	3.09	23.4
44	1.37	3.4	12.3	32.02	3.8	2.81	24.4	92	1.46	3.1	16.6	35.14	4.7	3.01	20.8
45	1.58	3.7	13.8	34.06	4.0	2.84	19.5	93	1.43	3.4	10.8	34.16	3.1	2.42	43
46	1.64	3.8	12	34.61	3.5	2.79	23.7	94	1.41	3.4	12.3	35.14	3.5	2.94	31
47	1.45	3.6	11.6	34.01	3.4	2.90	22.8	95	1.78	3.4	12.8	35.22	3.6	2.67	34.5
48	1.56	3.4	8.8	32.65	2.7	2.31	20.8	96	1.48	3.2	12.3	32.86	3.8	2.81	25.1
OR	1.46	3.2	14.3	34.30	4.1	3.10	27.8	OR	1.46	3.2	14.3	34.30	4.1	3.10	27.8

(MS: meyve eti sertliği, KM: suda çözünebilir kuru madde miktarı, MU: meyve uzunluğu, MÇ: meyve çapı MA: meyve sayısı, MU/MÇ: meyve uzunluğunun meyve çapına oranı BV: bitki başına verim, OR: ortalama değer)

Meyve eti sertliği: Çalışmada kullanılan örneklerde meyve sertliği en yüksek 1.78 kg/cm² ile 52 nolu hat ve 95 nolu F₁ çeşidi (dikenli tipi genotip) olmuştur. En düşük meyve eti sertliği 1.21 kg/cm² ile 84 nolu hatta (sofralık tipi genotip), genotiplerde ortalama meyve eti sertliği 1.46 kg/cm² elde edilmiştir (Çizelge 4.1.). Ayrıca en yüksek 4 değer hepsinin dikenli genotip, en düşük 4 değere sahip genotiplerin ise sofralık tipi genotip olduğu görülmüştür. Genellikle dikenli tiplerin meyve eti sertlik değerinin yüksek olduğu tespit edilmiştir.

Suda çözünebilir kuru madde miktarı: Örneklerde suda çözünebilir kuru madde miktarı olarak en yüksek değer %4.2 ile 12 nolu hat (sofralık tipi genotip) en düşük değer %2.5 ile 29 ve 75 nolu hatlarda (sofralık tipi genotip) ölçülmüştür. Genotiplerde ortalama suda çözünebilir kuru madde miktarı %3.2 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.).

Meyve uzunluğu: Ölçümlerde elde edilen en yüksek meyve uzunluğu değeri 20.3 cm ile 11 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer ise 6.8 cm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip), ortalama meyve uzunluğu değeri ise 14.3 cm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.). Beklenildiği gibi sofralık ve tarla tipi hıyarların meyve boylarının badem ve dikenli tip hıyarlara göre daha uzun olduğu görülmüştür.

Meyve çapı: Örneklerde meyve çapı için en yüksek değer 37.06 mm ile 76 nolu hat (sofralık tipi genotip), en düşük değer ise 29.60 mm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip) ölçülmüştür. Ortalama meyve çapı değeri ise 34.30 mm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.).

Meyve sayısı: En fazla meyveyi sayısı 78.8 adetle 34 nolu hat (badem tipi genotip), en az meyveyi ise 13.8 adetle 70 nolu hat (dikenli tipi genotip) üretmiştir. Ortalama meyve sayısı 27.8 adet olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.). Genel olarak badem ve dikenli tiplerde, tarla ve sofralık tiplerine göre daha fazla sayıda meyve oluştuğu tespit edilmiştir.

Bitki Başına Verim: Tartımlarda elde edilen en yüksek verim 4.27 kg ile 42 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük verim 1.68 kg ile 70 nolu hatta (dikenli tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama bitki başına meyve verimi ise 3.10 kg olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.). Tarla tipi genotiplerin genellikle düşük verimli, sofralık tipi genotiplerin ise yüksek verimli olduğu tespit edilmiştir.

Meyve uzunluk/çap oranı: Meyve uzunluğu değerleri meyve çapı değerlerine oranlandığında en yüksek değer 5.6 cm ile 11 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer 2.3 cm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama uzunluk/çap oranı ise 4.1 cm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1.).

Çizelge 4.2. Kullanılan genotiplerin bitki, yaprak ve çiçek ölçüm değerleri

HAT NO	BB	BA	YE	YB	GÇ	ÇSC	ÇSU	HAT NO	BB	BA	YE	YB	GÇ	ÇSC	ÇSU
1	1.20	6.5	27	21.1	8.87	3.95	2.5	49	1.76	10	32.1	25.3	9.06	2.70	1.1
2	1.53	8.3	29.3	21	9.98	4.01	1.5	50	1.69	10.8	32	23.8	8.21	3.06	1.0
3	1.66	9.4	26.5	20.8	7.39	2.45	0.7	51	1.43	8.3	32.3	25.5	8.07	3.23	1.4
4	1.82	9.4	27.1	19.8	7.75	2.76	0.7	52	1.45	8.3	32.5	25	8.37	2.95	1.5
5	1.62	8.9	30.1	22.8	8.51	3.65	3.2	53	1.60	9.4	31	22.1	9.57	3.01	0.9
6	1.47	7.5	26.3	21	6.82	3.33	2.5	54	1.55	10	32.3	26.1	9.68	3.43	2.2
7	1.38	8.3	29.6	21.1	7.98	2.45	1.4	55	1.15	7.9	31.5	28	8.58	2.28	2.8
8	1.47	8.3	32	25.3	8.05	2.75	1.7	56	1.16	7.5	29.8	26.5	7.92	2.22	2.3
9	1.31	7.9	25.6	21	8.15	2.63	1.8	57	1.11	7.9	30.3	27.1	7.82	2.86	2.7
10	1.36	8.9	31	24.6	8.35	2.57	1.2	58	1.33	10	25.3	23.5	7.82	2.94	2.0
11	1.34	8.9	27.3	24.1	7.89	2.72	1.3	59	1.23	7.1	26.6	22.8	6.98	2.54	1.1
12	1.54	8.3	27.6	22.8	8.49	2.71	0.8	60	1.37	8.9	31.3	28	8.81	2.80	3.0
13	1.42	9.4	32	27.8	8.41	3	1.4	61	1.53	11.6	31.3	29.5	8.58	2.79	1.9
14	1.53	8.9	32	27.6	9.24	2.55	2.1	62	1.52	10.8	32.6	28.3	9.14	2.61	2.1
15	1.61	10.8	28.6	23.8	7.65	3.09	2.3	63	1.54	9.4	31.1	26.3	8.37	2.85	3.5
16	1.68	10	29.5	22.3	9.03	3.51	0.6	64	1.52	10	30.5	27.1	8.56	2.53	4.8
17	1.30	9.4	28.6	22.5	8.68	2.94	0.7	65	1.56	10	32.3	29	8.79	2.94	1.8
18	1.24	8.3	30	22.6	8.73	2.34	1.3	66	1.41	9.4	30.8	27	8.01	3.01	1.3
19	1.19	8.3	27.3	23.3	8.28	2.45	0.7	67	1.52	9.4	32.6	30.3	9.71	2.80	2.6
20	1.20	7.5	29	24.5	9.97	2.56	0.5	68	1.48	9.4	32.1	30	9.31	2.73	2.2
21	1.20	8.3	28.5	28.8	9.47	2.93	1.5	69	1.74	9.4	32.8	25.6	9.78	3.20	1.1
22	1.07	7.9	25.1	22.8	9.73	2.64	1.7	70	2.09	11.6	28.5	21.5	8.14	3.73	1.4
23	1.25	10	26.6	23	9.33	2.85	1.4	71	2.00	11.6	26.5	20.1	7.98	3.45	0.7
24	1.27	8.3	28.8	24.8	8.15	2.60	2.5	72	1.71	10	32	24.3	9.49	3.47	1.9
25	1.42	8.9	31.3	26.8	8.42	3.16	1.5	73	1.71	10	30.8	24.3	8.85	3.62	0.8
26	1.36	8.9	30.8	25.6	7.95	3.16	2.6	74	1.48	10	30.1	27.3	8.35	2.78	2.1
27	1.37	10	31.6	26.3	8.61	3.12	3.0	75	1.44	8.9	28.5	25.1	8.55	2.83	2.1
28	1.18	8.4	26.5	24.1	7.68	3.36	2.3	76	1.43	8.9	28.8	25.8	9.22	3.59	1.5
29	1.33	7.9	27.5	22.6	7.79	2.64	1.5	77	1.41	8.3	31.5	27.8	9.75	3.14	2.0
30	1.53	10.8	29.8	25.8	8.60	2.81	2.0	78	1.34	8.9	30.1	25	8.67	2.46	3.2
31	1.07	7.5	28.3	22.5	9.74	2.51	2.2	79	0.82	8.9	19.3	15.1	8.05	2.07	2.8
32	1.39	8.9	26.3	22.5	8.08	3.22	1.3	80	1.35	8.9	32.1	29	8.25	2.93	2.7
33	1.28	7.9	29.5	23.3	8.61	2.56	2.1	81	1.54	9.4	31.5	27.5	7.70	2.88	1.5
34	0.54	6	18	15.3	7.08	1.67	2.6	82	1.42	9.4	26.1	23	7.68	2.94	1.4
35	1.07	7.5	29	25.3	8.52	2.24	2.2	83	1.48	10	29.1	24.6	8.19	2.92	0.7
36	1.27	9.4	28.1	25	8.59	3.02	2.4	84	1.33	9.4	30.3	26.5	9.07	3.74	1.8
37	1.38	10	27.1	22.1	6.91	2.72	2.1	85	1.27	8.3	31.8	28.3	9.05	3.41	2.7
38	1.61	10	32.5	27.8	8.87	3.00	2.7	86	1.26	8.3	26.3	24	8.05	2.55	1.8
39	1.16	8.3	28.8	25.3	7.05	2.05	2.6	87	1.42	10	29.6	26.5	8.55	3.13	2.1
40	1.39	8.9	30.5	27.8	8.36	2.95	2.5	88	1.08	8.3	27	24.5	8.06	2.50	1.6
41	1.29	9.4	28	28.8	7.72	2.68	3.4	89	1.63	10.8	33.6	27.6	8.48	2.96	1.2
42	1.30	9.4	27.5	24.5	7.50	2.44	2.3	90	1.48	10	32.3	29.1	7.80	3.50	2.6
43	1.44	8.3	31.1	29.3	8.85	3.23	1.0	91	1.42	9.4	31.8	27.5	8.38	3.46	2.2
44	1.51	10	30.5	23.6	9.94	2.28	1.3	92	1.63	10.8	31	26.5	8.00	3.22	1.5
45	1.74	11.6	30.6	25.3	10.03	2.88	1.2	93	1.18	9.4	30	27	7.98	2.42	3.2
46	1.48	10	33.6	25.8	9.57	3.07	1.0	94	1.40	8.9	32.1	29.6	8.32	2.63	1.7
47	1.72	10	31.3	22.5	10.10	3.88	1.0	95	1.54	10	29.6	21.5	8.38	3.46	0.7
48	1.65	10.8	34	24.1	9.96	3.54	0.9	96	1.69	10	32.1	27.1	9.32	3.47	1.1
OR	1.42	9.1	29.6	24.9	8.51	2.92	1.8	OR	1.42	9.1	29.6	24.9	8.51	2.92	1.8

(BB: bitki boyu, BA: bitki boğum arası uzunluğu, YE: yaprak eni, YB: yaprak boyu, ÇSC: çiçek sapı kalınlığı, GÇ: gövde çapı, ÇSU: çiçek sapı uzunluğu, OR: ortalama değer)

Bitki boyu: Ölçümlerde elde edilen en yüksek bitki boyu değeri 2.09 m ile 70 nolu hatta (dikenli tipi genotip), en düşük ise 0.54 m ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip)

ölçülmüştür. Ortalama bitki boyu ise 1.42 cm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2.). Dikenli tipli genotiplerin genellikle daha uzun bitki boyuna, badem tiplerinde daha kısa bitki boyuna sahip olduğu tespit edilmiştir.

Bitki boğum arası uzunluğu: Örneklerde en uzun boğum arası değeri 11.6 cm ile 45 nolu hatta (dikenli tipi genotip), 61 nolu hatta (badem tipi genotip) ve 70, 71 nolu hatta (dikenli tipi genotip), en düşük değer ise 6 cm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip) elde edilmiştir (Çizelge 4.2.). Ortalama boğum arası uzunluğu 9.1 cm olarak bulunmuştur. Ölçümlerde dikenli tip genotiplerin genelinde boğum arası uzunluğu yüksek çıkmıştır. Bu bilgiden yola çıkılarak dikenli genotiplerin uzama hızının diğer genotiplere göre daha yüksek olduğu düşünülmektedir.

Yaprak eni: Ölçümlerde en yüksek yaprak eni değeri 33.6 cm ile 46 nolu hat (dikenli tipi genotip) ve 89 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer ise 18 cm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip) ölçülmüştür. Ortalama yaprak eni değeri 29.6 cm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2.).

Yaprak boyu: En uzun yaprak boyu 30.3 cm ile 67 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük ise 15.1 cm 79 nolu hatta (badem tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama yaprak boyu değeri 24.9 cm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2.).

Bitki gövde çapı: Yapılan ölçümlerde bitki gövde çapı için elde edilen en yüksek değer 10.10 mm ile 47 nolu hat (dikenli tipi genotip), en düşük değer 6.82 mm ile 6 nolu hatta (sofralık tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama gövde çapı değeri 8.51 mm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2.). Tarla tipi genotip ve dikenli tip genotiplerin genelinde bitki gövde çapı değerinin yüksek çıktığı ve gövde çaplarının kalın olduğu anlaşılmıştır.

Çiçek sapı kalınlığı: Çiçek sapı kalınlığı için en yüksek değer 4.01 mm ile 2 nolu hatta (dikenli tipi genotip), en düşük değer 1.67 mm ile 34 nolu hatta (sofralık tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama çiçek sapı kalınlığı değeri 2.92 mm olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.2.).

Çiçek sapı uzunluğu: Çalışmada elde edilen en yüksek çiçek sapı uzunluğu değeri 4.8 cm ile 64 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer 0.5 cm ile 20 nolu hatta (tarla tipi genotip) elde edilmiştir. Ortalama çiçek sapı uzunluğu değeri 1.8 cm olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.2.). Tarla tipi genotiplerde genellikle çiçek sapı uzunluğunun düşük olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.3. Kullanılan genotiplerin meyve ve yaprak rengi değerleri

HAT NO	YRG	MRG	HAT NO	YRG	MRG	HAT NO	YRG	MRG
1	L:38.12 a:-11.45 b:13.98	L:31.42 a:-09.23 b:11.64	33	L:34.74 a:-11.18 b:12.86	L:33.13 a:-09.94 b:12.53	65	L:34.20 a:-11.25 b:12.37	L:35.23 a:-12.98 b:16.86
2	L:38.44 a:-12.24 b:15.16	L:27.02 a:-07.03 b:09.34	34	L:33.22 a:-08.06 b:09.43	L:40.43 a:-15.77 b:23.34	66	L:35.55 a:-12.04 b:14.00	L:33.76 a:-11.91 b:15.38
3	L:32.78 a:-08.20 b:08.44	L:31.07 a:-09.43 b:12.56	35	L:34.68 a:-08.17 b:08.46	L:39.39 a:-14.67 b:22.13	67	L:33.62 a:-08.99 b:09.47	L:33.73 a:-11.83 b:15.35
4	L:33.35 a:-08.54 b:08.92	L:29.27 a:-08.15 b:10.78	36	L:34.43 a:-10.16 b:11.31	L:36.78 a:-13.70 b:21.61	68	L:33.68 a:-08.40 b:08.75	L:35.68 a:-12.35 b:16.63
5	L:39.45 a:-13.41 b:16.33	L:33.74 a:-10.88 b:14.70	37	L:34.43 a:-08.04 b:08.20	L:34.22 a:-09.81 b:11.79	69	L:34.84 a:-08.56 b:09.31	L:28.15 a:-06.36 b:07.42
6	L:35.41 a:-09.92 b:10.77	L:32.04 a:-09.74 b:12.15	38	L:33.06 a:-10.45 b:11.30	L:33.21 a:-10.35 b:14.89	70	L:33.57 a:-06.41 b:06.49	L:24.46 a:-05.77 b:07.52
7	L:33.34 a:-08.18 b:08.46	L:37.40 a:-14.43 b:23.33	39	L:34.74 a:-09.86 b:11.51	L:44.74 a:-17.92 b:28.87	71	L:34.23 a:-07.34 b:07.60	L:24.68 a:-06.85 b:09.01
8	L:36.40 a:-12.65 b:14.97	L:43.59 a:-15.49 b:24.43	40	L:34.20 a:-09.71 b:10.47	L:33.78 a:-11.36 b:14.64	72	L:35.36 a:-09.15 b:09.67	L:26.75 a:-05.37 b:06.63
9	L:37.89 a:-11.87 b:13.62	L:32.62 a:-11.87 b:10.72	41	L:33.98 a:-10.28 b:11.79	L:36.24 a:-11.59 b:15.56	73	L:36.30 a:-10.20 b:11.61	L:27.52 a:-06.64 b:08.72
10	L:336.52 a:-12.08 b:14.06	L:35.70 a:-11.03 b:14.58	42	L:34.51 a:-10.20 b:11.50	L:34.72 a:-11.15 b:14.75	74	L:34.80 a:-10.92 b:12.23	L:41.75 a:-18.12 b:28.87
11	L:35.80 a:-12.05 b:14.05	L:32.30 a:-10.30 b:13.59	43	L:34.09 a:-12.48 b:14.73	L:35.54 a:-13.65 b:19.03	75	L:36.34 a:-12.68 b:14.82	L:34.56 a:-11.72 b:15.28
12	L:36.84 a:-09.14 b:10.48	L:33.73 a:-10.84 b:13.87	44	L:32.64 a:-09.03 b:10.00	L:29.73 a:-08.89 b:12.06	76	L:33.54 a:-08.50 b:08.95	L:34.27 a:-12.06 b:16.37
13	L:35.99 a:-12.26 b:14.92	L:33.55 a:-09.73 b:12.64	45	L:36.04 a:-08.57 b:09.50	L:30.48 a:-08.40 b:10.95	77	L:35.54 a:-13.17 b:16.37	L:34.67 a:-11.62 b:15.25
14	L:36.77 a:-11.91 b:14.63	L:30.56 a:-08.68 b:10.65	46	L:34.02 a:-08.88 b:09.54	L:29.05 a:-06.65 b:08.83	78	L:34.17 a:-10.08 b:11.31	L:32.31 a:-09.72 b:11.75
15	L:36.10 a:-10.79 b:12.41	L:35.84 a:-10.73 b:14.57	47	L:37.71 a:-07.39 b:08.27	L:29.49 a:-06.92 b:08.94	79	L:35.24 a:-10.84 b:12.67	L:40.71 a:-14.07 b:21.43
16	L:32.74 a:-08.48 b:09.16	L:28.41 a:-06.46 b:08.27	48	L:34.17 a:-08.41 b:09.04	L:29.18 a:-10.37 b:13.10	80	L:34.86 a:-08.23 b:08.56	L:35.26 a:-11.16 b:14.54
17	L:32.24 a:-06.84 b:07.33	L:36.15 a:-12.74 b:18.20	49	L:33.46 a:-08.79 b:10.12	L:27.86 a:-04.89 b:05.82	81	L:36.96 a:-13.77 b:16.34	L:34.07 a:-13.28 b:17.63
18	L:35.61 a:-08.10 b:09.46	L:34.20 a:-10.57 b:13.24	50	L:33.34 a:-08.51 b:09.34	L:26.63 a:-07.85 b:09.70	82	L:36.26 a:-10.52 b:12.28	L:32.78 a:-09.05 b:11.41
19	L:34.35 a:-07.20 b:08.39	L:36.23 a:-12.01 b:12.96	51	L:32.21 a:-07.85 b:08.10	L:30.27 a:-09.77 b:13.04	83	L:37.01 a:-11.93 b:14.06	L:35.55 a:-11.94 b:15.81
20	L:33.99 a:-05.52 b:06.24	L:31.83 a:-10.03 b:12.63	52	L:32.38 a:-07.87 b:08.20	L:29.00 a:-09.79 b:13.85	84	L:37.03 a:-12.91 b:15.81	L:33.82 a:-12.59 b:17.12
21	L:33.23 a:-07.18 b:08.12	L:31.15 a:-07.81 b:10.01	53	L:33.29 a:-09.11 b:10.17	L:28.15 a:-07.67 b:09.65	85	L:35.87 a:-11.14 b:12.57	L:32.76 a:-10.93 b:13.98

Çizelge 4.3'ün devamı

HAT NO	YRG	MRG	HAT NO	YRG	MRG	HAT NO	YRG	MRG
22	L:32.38 a:-07.40 b:08.06	L:36.72 a:-10.99 b:15.61	54	L:33.24 a:-07.72 b:07.73	L:26.74 a:-10.67 b:14.31	86	L:34.57 a:-11.03 b:12.75	L:33.46 a:-10.34 b:12.64
23	L:32.08 a:-07.72 b:08.20	L:36.24 a:-11.54 b:16.76	55	L:34.17 a:-10.96 b:13.10	L:36.22 a:-14.83 b:21.18	87	L:37.04 a:-11.70 b:13.33	L:33.46 a:-12.28 b:16.23
24	L:37.14 a:-11.93 b:14.20	L:33.57 a:-10.19 b:13.23	56	L:36.52 a:-10.70 b:12.41	L:32.90 a:-11.17 b:14.85	88	L:35.85 a:-11.61 b:14.13	L:35.51 a:-11.67 b:15.27
25	L:37.89 a:-12.54 b:15.42	L:32.36 a:-09.91 b:13.17	57	L:35.87 a:-10.51 b:11.95	L:32.35 a:-12.23 b:16.30	89	L:36.40 a:-11.81 b:13.91	L:41.98 a:-17.87 b:27.33
26	L:37.50 a:-12.06 b:14.14	L:34.66 a:-10.85 b:14.23	58	L:38.60 a:-11.42 b:13.53	L:33.42 a:-10.75 b:14.17	90	L:35.22 a:-11.81 b:13.52	L:37.48 a:-13.82 b:19.65
27	L:38.19 a:-13.09 b:15.67	L:35.28 a:-11.59 b:15.10	59	L:37.81 a:-12.06 b:14.54	L:33.23 a:-10.10 b:12.96	91	L:33.57 a:-09.94 b:10.88	L:33.27 a:-10.64 b:13.19
28	L:36.67 a:-11.70 b:13.66	L:37.35 a:-13.34 b:18.48	60	L:38.59 a:-13.51 b:16.61	L:34.92 a:-10.88 b:14.25	92	L:36.46 a:-12.54 b:14.82	L:34.20 a:-13.31 b:17.91
29	L:37.22 a:-13.01 b:15.80	L:34.25 a:-10.65 b:14.55	61	L:35.45 a:-11.08 b:12.30	L:39.90 a:-14.14 b:20.86	93	L:34.38 a:-10.59 b:13.07	L:38.35 a:-12.72 b:17.76
30	L:36.91 a:-12.98 b:13.29	L:36.67 a:-12.88 b:17.70	62	L:35.55 a:-12.38 b:14.53	L:39.06 a:-14.05 b:20.61	94	L:36.36 a:-11.66 b:13.10	L:38.47 a:-13.29 b:19.52
31	L:35.61 a:-10.73 b:12.31	L:35.04 a:-12.04 b:15.83	63	L:35.21 a:-10.16 b:11.31	L:33.79 a:-12.15 b:15.48	95	L:38.94 a:-13.43 b:16.88	L:27.01 a:-05.70 b:07.04
32	L:34.28 a:-10.97 b:12.73	L:33.24 a:-09.43 b:11.89	64	L:36.34 a:-10.69 b:12.36	L:32.80 a:-09.74 b:12.55	96	L:34.91 a:-08.41 b:08.98	L:29.33 a:-08.18 b:10.20

(YRG: yaprak rengi, MRG: meyve kabuk rengi)

Yaprak rengi: Ölçümlerde elde edilen yaprak rengindeki canlılık en yüksek değer L:39.45 ile 5 nolu hatta (sofralık tipi genotip), yaprak rengindeki matlık en düşük değer L:32.08 ile 23 nolu hatta (tarla tipi genotip) ölçülmüştür. Yaprak yeşil renk koyuluğu en yüksek a*:-13.77 ile 81 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer a*:-5.52 ile 20 nolu hatta (tarla tipi genotip) ölçülmüştür (Çizelge 4.3.). Tarla tipi genotiplerin genellikle yaprak renk yoğunluğunun düşük olduğu görülmektedir.

Meyve kabuk rengi: Çalışmada ölçülen meyve rengindeki canlılık en yüksek değer L:44.74 ile 39 nolu hat (sofralık tipi genotip), meyve rengindeki matlık en düşük değer ise L:24.46 ile 70 nolu hatta (dikenli tip genotip) elde edilmiştir. Meyve yeşil renk koyuluğu en yüksek a*:-18.12 ile 74 nolu hatta (sofralık tipi genotip), en düşük değer a*:-4.89 ile 49 nolu hatta (dikenli tipi genotip) ölçülmüştür (Çizelge 4.3.).

Çizelge 4.4. Kullanılan genotiplerin bitki, meyve ve çiçek özellikleri

HAT NO	ME	MUŞ	MD	MDİ	MT	MDİY	MTY	DÇS	BY	PK	DÇZ
1	Yok	Dar	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
2	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Az	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
3	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
4	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Orta	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
5	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Erkenci
6	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Zayıf	Var	Erkenci
7	Yok	Geniş	Var	Yok	Var	Yok	Sık	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Erkenci
8	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Zayıf	Var	Orta
9	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Zayıf	Var	Orta
10	Yok	Dar	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
11	Yok	Dar	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Zayıf	Var	Orta
12	Yok	Dar	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
13	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
14	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
15	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Erkenci
16	Yok	Dar	Yok	Yok	Var	Yok	Sık	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
17	Yok	Dar	Var	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Orta	Var	Erkenci
18	Yok	Geniş	Yok	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Orta	Var	Orta
19	Yok	Dar	Yok	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
20	Yok	Dar	Yok	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
21	Yok	Dar	Var	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
22	Yok	Geniş	Yok	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
23	Yok	Geniş	Yok	Yok	Var	Yok	Seyrek	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
24	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Geçci
25	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
26	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Geçci
27	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Geçci
28	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
29	Yok	Dar	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
30	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
31	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
32	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
33	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
34	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Zayıf	Var	Orta
35	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
36	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
37	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Geçci
38	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Geçci
39	Yok	Dar	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
40	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
41	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
42	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
43	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
44	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
45	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Orta	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
46	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
47	Yok	Dar	Var	Yok	Var	Yok	Sık	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
48	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
49	Yok	Dar	Yok	Yok	Var	Yok	Sık	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
50	Yok	Geniş	Yok	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
51	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
52	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
53	Yok	Dar	Var	Yok	Var	Yok	Sık	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
54	Yok	Geniş	Yok	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta

Çizelge 4.4'ün devamı

HAT NO	ME	MUŞ	MD	MDİ	MT	MDİY	MTY	DÇS	BY	PK	DÇZ
55	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
56	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
57	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Geçci
58	Yok	Dar	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
53	Yok	Dar	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Erkenci
60	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Geçci
61	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
62	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
63	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
64	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Geçci
65	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
66	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
67	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
68	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
69	Yok	Geniş	Yok	Var	Yok	Orta	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Geçci
70	Yok	Dar	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
71	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
72	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Orta	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
73	Yok	Dar	Yok	Var	Yok	Az	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
74	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
75	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
76	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
77	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
78	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
79	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Zayıf	Var	Orta
80	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Geçci
81	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
82	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Zayıf	Var	Orta
83	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
84	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
85	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
86	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
87	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
88	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Orta	Var	Orta
89	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
90	Yok	Dar	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
91	Yok	Geniş	Var	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta
92	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Erkenci
93	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
94	Yok	Geniş	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok	3'den fazla	Kuvvetli	Var	Orta
95	Yok	Geniş	Yok	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Orta	Var	Orta
96	Yok	Geniş	Var	Var	Yok	Çok	Yok	1-3 arası	Kuvvetli	Var	Orta

(ME: meyvede eğrilik, MUŞ: meyve ucu şekli, MD: meyvede damar varlığı, MDİ: meyvede dikenlilik, MDİY: meyvede dikenlilik yoğunluğu, MT: meyvede tüylülük, MTY: meyvede tüylülük yoğunluğu, DÇS: bitki boğumundaki dişi çiçek sayısı, BY: bitki büyüme gücü, PK: meyvede partenokarpi, ÇZ: dişi çiçek gelişme zamanı)

Meyvede eğrilik: Kullanılan genotiplerin tamamı (%100) meyvede eğrilik 'yok' olarak gözlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Meyve ucu şekli: Meyve ucu şekli 24 genotipte (%25) 'dar' ve 72 genotipte (%75) 'geniş' olarak saptanmıştır (Çizelge 4.4.).

Meyvede damar varlığı: Meyvede damar 51 genotipte (%53.12) 'var' ve 45 genotipte (%46.88) 'yok' olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Meyvede dikenlilik: Meyvede dikenlilik 18 genotipte (%18.75) ‘var’ ve 78 genotipte (%81.25) ‘yok’ olarak gözlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Meyvede dikenlilik yoğunluğu: Dikenlilik olan meyvelerin 12 genotipte (%66.6) ‘çok’, 4 genotipte (%22.2) ‘orta’ ve 2 genotipte (%11.1) ‘az’ olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Meyvede tüylülük: Meyvede tüylülük 12 genotipte (%12.5) ‘var’ ve 84 genotipte (%87.5) ‘yok’ olarak saptanmıştır (Çizelge 4.4.).

Meyvede tüylülük yoğunluğu: Tüylülük olan meyvelerin 5 genotipte (%41.67) ‘sık’, 7 genotipte (%58.33) ‘seyrek’ olarak bulunmuştur (Çizelge 4.4.).

Bitki boğumundaki dişi çiçek sayısı: Bir boğumdaki dişi çiçekler sayısı 63 genotipte (%65.62) ‘1-3 arası’, 33 genotip (%34.37) ‘3’den fazla’ olarak gözlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Bitki büyüme gücü: Bitki büyüme gücü 66 genotipte (%68.75) ‘kuvvetli’, 23 genotip (%23.95) ‘orta’, 7 genotip (%7.29) ‘zayıf’ olarak saptanmıştır (Çizelge 4.4.).

Meyvede partenokarpi: Meyvede partenokarpi varlığı 96 genotipin tamamı (%100) meyvede partenokarpi ‘var’ olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.4.).

Dişi çiçek gelişme zamanı: Çalışmada dişi çiçek gelişme zamanı en erken 29 gün en geç 40 gün olarak ölçülmüştür. 17 genotip (%17.70) ‘erkenci’, 69 genotip (%71.87) ‘orta’, 10 genotip (%10.41) ‘geççi’ olarak gözlenmiştir (Çizelge 4.4.).

4.1.1. Genotiplerden elde edilen verim değerleri

Çalışmada kullanılan genotiplerde meyveler ilk hasat olgunluğuna geldiği günden itibaren 54 gün boyunca haftada 2 hasat şeklinde toplam 15 hasat yapıp el terazisi yardımıyla tartılmıştır. İlk hasat dikimden 41 gün sonra, son hasat 95 gün sonra yapılmıştır. Erkenci hatlar ilk üç hasatta ürün vermeye başlamış, geççi hatlar ilk beş hasat sonunda ürün vermiştir. Kontrol olarak kullanılan ticari çeşitler ise ilk 3’üncü hasatta ürün vermemiştir. Genotipler 6’ncı hasat ile verime yatmaya başlamışlar ve 8 ile 13’nuncü hasatlar aralığında optimum verim seviyelerini ulaşımlardır. 14. hasattan sonra verimler azalmaya başladığı ve bitki yeşil aksamında da deformasyonlar oluştuğu gözlemlerde tespit edilmiştir. 14. Hasatla birlikte bitki veriminin ekonomik değerinin düşüşe geçtiği görülmüştür. Çalışmada yapılan hasatlar sırasıyla çizelge 4.5.’de verilmiştir.

Çizelge 4.5. Tüm hatlarda toplam 15 hasattan elde edilen verim değerleri

HAT NO	1.H	2.H	3.H	4.H	5.H	6.H	7.H	8.H	9.H	10.H	11.H	12.H	13.H	14.H	15.H
1	0	0.5	0.5	0.4	1.7	3.9	0.4	2.6	3.6	3.8	0.8	2.6	5.0	0.5	0.5
2	0	0	0	0.4	0.2	0.6	1.9	2.0	0.9	1.6	3.2	2.1	1.7	1.9	0.5
3	1.8	0.5	0	1.2	0.8	1.7	2.5	2.9	1.4	1.9	3.8	1.2	3.1	2.1	1.2
4	2.4	0.9	0	0.4	0.3	0.6	3.8	2.0	1.0	2.7	3.3	1.8	1.6	1.9	1.2
5	1.7	0.5	0	1.1	0.5	1.7	1.9	1.7	1.5	1.5	3.3	1.8	2.0	1.2	0.6
6	1.7	0.7	0	0.7	0.6	0.9	1.3	2.7	1.5	2.1	3.4	1.6	1.9	1.6	1.2
7	0	0	0	1.0	0.7	0.7	1.5	3.4	0.6	1.3	4.8	4.4	4.0	3.2	1.6
8	0	1.3	0	2.5	1.2	1.9	1.4	4.9	2.5	1.2	2.6	4.0	3.8	0.6	0.7
9	0	2.2	0	1.4	0.7	1.2	2.2	2.4	2.2	2.5	2.7	2.8	2.6	1.3	1.1
10	0	1.6	0	1.8	1.0	1.4	0.8	4.2	2.7	1.9	1.0	4.1	4.7	0.8	0.7
11	0	1.8	0	0.9	0.9	1.3	1.9	2.9	2.6	1.0	3.5	4.2	3.3	1.6	1.7
12	0	0	0.9	0.5	1.1	1.6	0.5	3.4	3.3	2.2	1.7	5.1	2.5	1.0	2.1
13	0	0	0	1.0	1.7	1.5	0.9	2.7	3.8	2.0	1.2	5.6	5.1	2.1	1.0
14	0	0	0	0	0.7	2.9	1.4	2.8	2.9	3.4	3.7	3.6	5.0	1.0	0.6
15	2.7	0	0	0.6	0.6	1.8	1.3	2.5	2.0	2.4	2.5	3.3	2.8	2.6	0.8
16	0	0.3	0	1.2	0.8	1.2	0.2	3.5	1.4	0.9	4.0	1.5	1.0	2.1	1.6
17	0	0	0	0.9	0.5	0.6	0.6	2.9	1.3	1.4	1.7	3.4	1.7	1.0	0.6
18	0	0	0	1.1	0.5	0.5	0.09	3.0	2.4	0.9	0.4	3.2	4.9	1.3	0.2
19	0	0	0	0	0.4	0.3	0.2	1.2	1.5	0.8	0.2	1.2	2.9	1.2	0.1
20	0	0	0	0.4	0.3	0.5	0.4	3.3	2.7	0	0	5.0	5.8	0.3	0
21	0	0	0	0	0.5	1.6	1.5	1.6	1.4	2.7	2.5	1.7	2.2	1.4	1.7
22	0	0	0	0	0	0.6	0.9	1.7	1.0	0.9	1.9	2.2	2.3	0.5	0.9
23	0	0.5	0	1.2	0.4	0.5	0.8	3.3	1.2	1.4	2.0	3.7	2.3	1.0	0.6
24	0	0	0	0.4	0.4	1.8	0.9	2.0	2.1	2.4	1.8	2.4	2.4	1.0	0.7
25	0	0	0.7	0	1.7	1.9	1.6	2.5	2.2	2.9	2.7	3.5	2.7	1.5	0.9
26	0	0	0	0	0.8	2.3	1.0	1.7	2.3	2.2	2.3	2.4	3.5	1.4	1.4
27	0	0	0	0	0.3	2.0	2.5	2.3	2.0	2.8	3.5	3.3	3.8	2.4	1.8
28	0	0.8	0	1.5	0.6	2.5	0.5	2.4	2.0	3.3	0.8	2.1	3.6	2.5	0.8
29	0	1.5	0	1.3	1.0	0.7	1.1	3.0	1.9	1.4	1.9	5.4	2.8	1.3	1.0
30	1.4	0.8	0	1.1	1.1	1.9	0.8	3.6	3.1	1.9	2.8	4.9	3.2	0.4	1.9
31	0	0	0	0.3	1.1	2.1	0	2.3	2.8	3.2	1.3	3.8	4.2	2.0	1.2
32	0	0	1.1	0	1.6	2.1	0.2	1.8	2.6	2.8	1.1	2.7	3.9	1.4	0.4
33	0	0	0.8	0.6	1.3	2.3	0.4	2.3	2.6	3.8	1.3	3.3	4.5	1.1	0.2
34	0	0	0.2	0.2	0.3	0.6	1.2	1.4	0.6	2.1	2.1	1.7	2.6	1.3	0.5
35	0	0.2	0	0.5	0.3	1.1	1.7	2.8	2.9	2.8	1.7	3.0	3.2	1.3	0.8
36	0	0	0	0.5	0.5	1.3	2.4	2.2	3.1	3.3	1.8	1.9	1.9	0.5	0.8
37	0	0	0	0	0.2	1.5	0.5	1.2	0.3	2.3	2.2	3.6	1.1	1.6	0
38	0	0	0	0	0.2	0.3	1.6	3.2	2.3	3.2	2.4	1.6	1.4	0.5	1.7
39	0	0	0	0	0.2	0.3	1.4	4.8	2.9	1.3	2.4	6.2	2.9	0.7	1.5
40	0	0.5	0	0.8	0.5	1.9	0.5	1.5	3.9	4.6	1.0	3.3	5.1	2.0	0.9
41	0	0	0	0.5	0.6	2.4	0.7	2.3	2.5	2.3	1.6	3.8	5.0	0.5	1.3
42	0	0	0	0.4	1.0	2.4	1.3	1.8	2.0	4.2	0.6	3.5	6.0	0.9	1.0
43	0	0	0	0.4	0.5	1.5	1.1	1.3	1.7	2.7	2.2	2.1	2.2	0.7	0.4
44	0	0	0	0.2	0.1	2.0	1.9	1.9	0.9	2.6	2.7	1.8	2.4	1.9	0.7
45	0	0	0	0	0	0	1.0	1.9	2.3	3.1	3.2	3.0	2.6	1.4	0.9
46	0	0.3	0	0.7	0.2	0.8	1.2	1.7	1.4	2.7	2.5	2.9	2.5	1.1	0.7
47	0	0	0	0.2	0.5	1.3	1.6	2.5	1.7	1.8	2.8	2.4	1.9	0.6	1.5
48	0	0	0	0.2	0.3	0.8	1.4	0.7	1.0	2.8	1.1	3.1	3.1	0.5	0.6
49	0	0	0	0.2	1.1	2.4	1.8	2.7	1.6	3.9	1.2	1.0	2.1	1.4	0.8
50	0	0	0	0.4	0.2	1.6	1.6	3.2	1.4	1.7	2.1	3.1	1.6	0.7	1.1
51	0	0	0	0	0.1	2.9	0.9	1.3	1.7	1.0	0.4	3.2	3.2	0.5	0.1
52	0	0	0	0	0.1	0.8	0.8	2.4	1.9	1.1	0.8	4.0	3.2	1.1	0.7
53	0	0	0	0	0.5	0.9	2.1	1.8	0.9	2.3	1.3	2.2	1.6	0.6	0.7
54	0	0	0	0	0	1.1	1.4	1.6	1.1	1.7	2.2	2.9	2.4	1.3	0.5

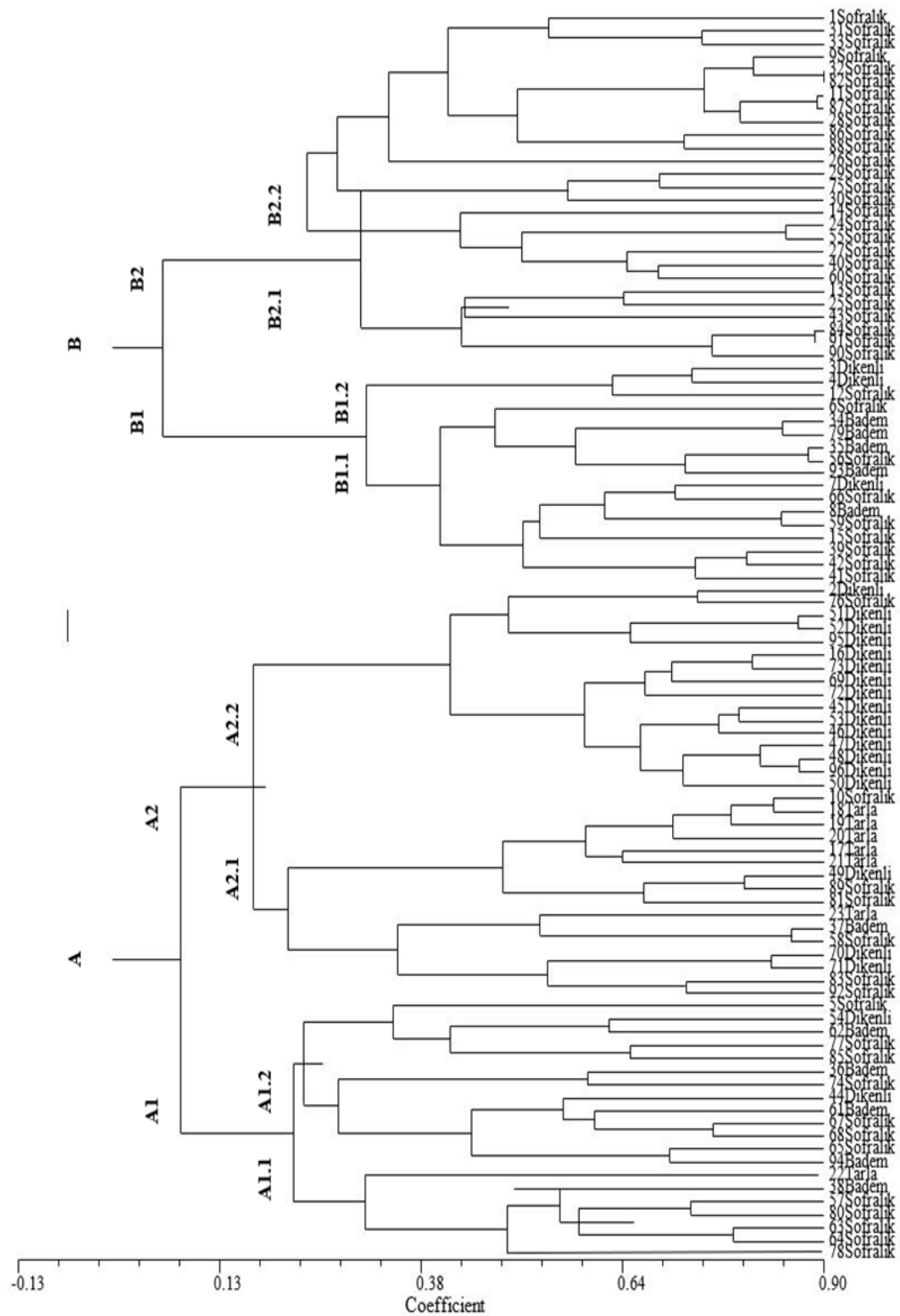
Çizelge 4.5'in devamı

HAT NO	1.H	2.H	3.H	4.H	5.H	6.H	7.H	8.H	9.H	10.H	11.H	12.H	13.H	14.H	15.H
55	0	0	0	0	0.6	2.6	2.1	3.6	2.9	2.5	3.0	3.7	3.1	0.9	0.5
56	0	0	0	0	0.5	2.0	1.9	3.5	2.7	2.4	1.4	5.1	5.0	1.0	0.7
57	0	0	0	0	0	0.4	0.8	3.0	2.1	3.0	1.0	2.2	3.1	1.3	0.7
58	0	0	0	0.7	0.7	1.5	0.4	0.6	1.1	2.0	0.6	1.7	1.4	0.7	0.2
59	0	1.3	0	0.8	0.7	1.5	0.8	3.7	1.8	1.8	3.9	4.7	2.6	0.4	0.5
60	0	0	0	0	1.1	2.5	1.7	1.9	2.6	3.7	3.8	1.7	2.4	1.7	1.2
61	0	0	0.9	0.1	1.3	1.5	0.5	2.7	3.2	2.6	1.6	1.0	1.9	1.7	1.4
62	0	0.7	0	1.6	1.0	1.1	0.8	3.5	2.3	2.1	1.3	3.0	2.5	1.2	1.5
63	0	0	0	0.5	0.7	1.5	0.5	2.3	3.2	2.6	1.5	2.9	5.1	0.9	0.3
64	0	0	0	0.3	0.2	1.0	1.1	2.5	1.7	2.2	3.3	2.6	2.5	1.0	1.1
65	0	0	0	0.3	1.0	1.6	0.9	2.1	2.0	1.5	0.1	2.3	3.2	1.3	0.5
66	0	0.7	0	0.8	1.2	1.3	0.4	1.6	2.9	3.6	1.2	2.4	3.3	1.1	0.2
67	0	0	0	0	0	1.5	0.7	2.5	2.0	2.7	3.1	3.0	3.8	1.0	0.3
68	0	0	0	0	0	1.0	1.5	1.0	1.2	2.4	4.0	3.6	1.9	1.4	1.5
69	0	0	0	0	0.2	1.0	1.6	1.5	2.1	3.1	1.7	0.8	1.8	2.4	0.6
70	0	0	0	0	0	0.2	0.6	0.4	0.5	1.1	1.1	0.9	1.9	1.0	0.3
71	0	0	0.5	0	0.5	0.9	0.9	1.4	1.2	1.2	1.4	1.5	1.4	0.8	0.2
72	0	0	0	0.3	0.2	1.2	1.1	2.7	1.7	4.4	2.5	2.8	3.4	0.2	0.4
73	0	0	0	0.5	1.1	1.1	0.9	2.8	2.2	3.0	0.7	1.8	1.9	1.5	0.2
74	0	0	0	0.4	0.7	1.7	1.0	2.0	1.9	4.1	1.8	1.9	4.1	1.5	0.8
75	0	1.5	0	0.8	1.5	1.4	1.3	1.4	2.2	2.4	0.7	4.3	3.6	0.4	0.9
76	0	0	0	0.4	1.1	1.3	0.5	2.2	2.3	3.0	0.4	1.9	5.4	2.0	0.08
77	0	1.9	0	0.6	0.6	1.4	0.5	1.8	2.5	3.5	2.5	3.1	3.4	1.5	0.9
78	0	0	0	0.9	1.6	1.1	0.6	1.4	1.6	3.5	1.2	1.8	3.9	1.5	0.4
79	0	0	0	0.1	0.2	0.4	0.7	1.8	1.7	1.5	1.8	1.8	3.0	1.5	0.1
80	0	0	0	0	0	1.1	0.8	2.0	1.5	2.3	1.6	2.7	3.5	0.9	0.7
81	0	0	0	0	1.9	2.2	1.3	1.5	2.3	3.7	2.8	2.8	3.8	0.8	0.4
82	0	0	1.3	1.0	1.9	2.1	1.3	1.2	1.5	4.3	0.6	1.7	2.8	1.5	0.9
83	0	0	1.1	0.6	1.4	1.7	1.4	1.3	1.5	2.9	2.1	2.7	2.3	1.2	0.8
84	0	0.7	0	1.1	1.3	2.1	0	1.0	1.8	3.5	0.9	2.4	1.4	0.7	0.8
85	0.6	0	1.0	0	0.9	1.1	1.1	3.1	1.8	3.3	2.0	4.6	2.3	1.2	1.7
86	0	0	1.0	0	1.6	1.9	1.0	2.7	0.4	1.8	3.8	2.9	0.8	1.3	1.1
87	1.2	0.8	0	1.1	0.7	1.6	0.1	2.4	1.8	3.2	1.0	2.7	3.1	1.4	0.7
88	0	0	0	0.7	1.4	1.9	0.1	2.6	1.9	3.6	0.3	4.3	4.6	0.8	0.5
89	0	0	0.8	0	0.6	1.7	0.8	2.7	1.8	2.0	1.1	3.2	3.0	0.6	0.2
90	0	0.7	0	0.6	0.9	1.0	0.7	1.5	2.4	1.9	1.6	2.0	1.6	1.6	0.7
91	0	0	0	1.2	1.4	2.8	1.0	2.3	1.7	3.8	1.6	0.9	2.4	1.4	0.7
92	0	0	0	1.1	1.1	2.1	0.7	1.9	1.7	3.1	2.2	2.6	2.3	1.2	0.7
93	0	0	0	0.7	0.6	1.7	1.7	3.0	1.8	3.4	2.8	2.8	2.7	1.5	0.7
94	0	0	0	0.2	0.6	1.9	1.6	2.5	1.4	3.7	1.9	1.4	2.6	1.1	1.0
95	0	0	0	0	0.3	0.7	1.4	1.6	1.3	1.5	3.3	2.8	3.0	1.5	0.9
96	0	0	0	0.3	0.5	1.5	1.4	2.3	1.3	0.3	2.4	0.5	2.7	2.8	1.4
OR	0.1	0.2	0.1	0.4	0.7	1.4	1.1	2.3	1.9	2.4	1.9	2.8	2.9	1.2	0.8

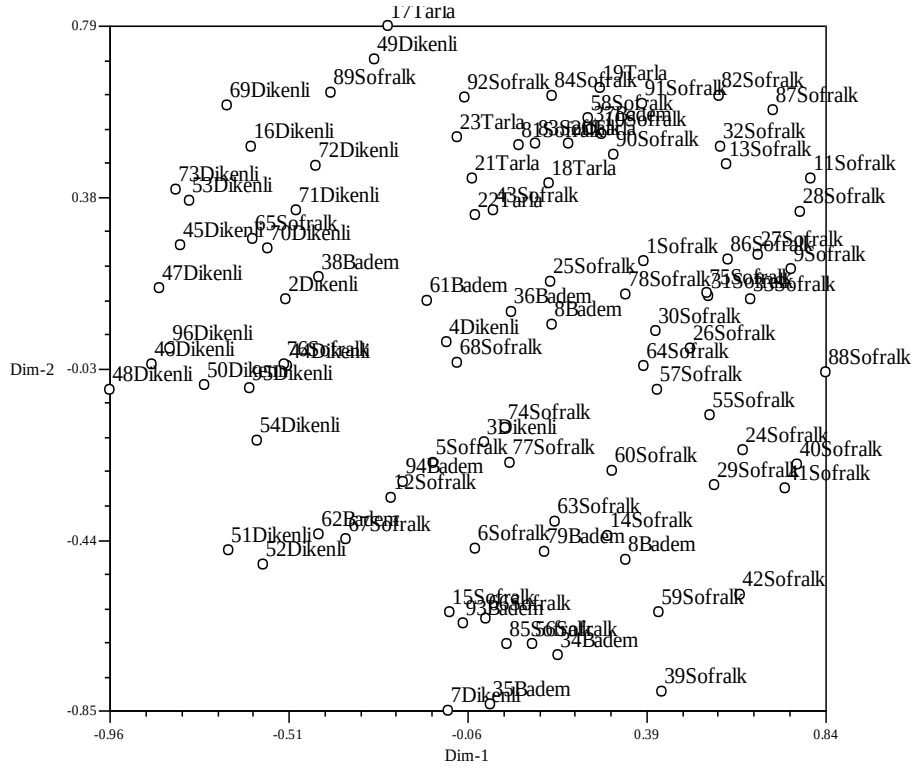
(H: hasatlar OR: ortalama değer)

4.1.2. Morfolojik verilere ait kümeleme analizi ve temel bileşenler analizi

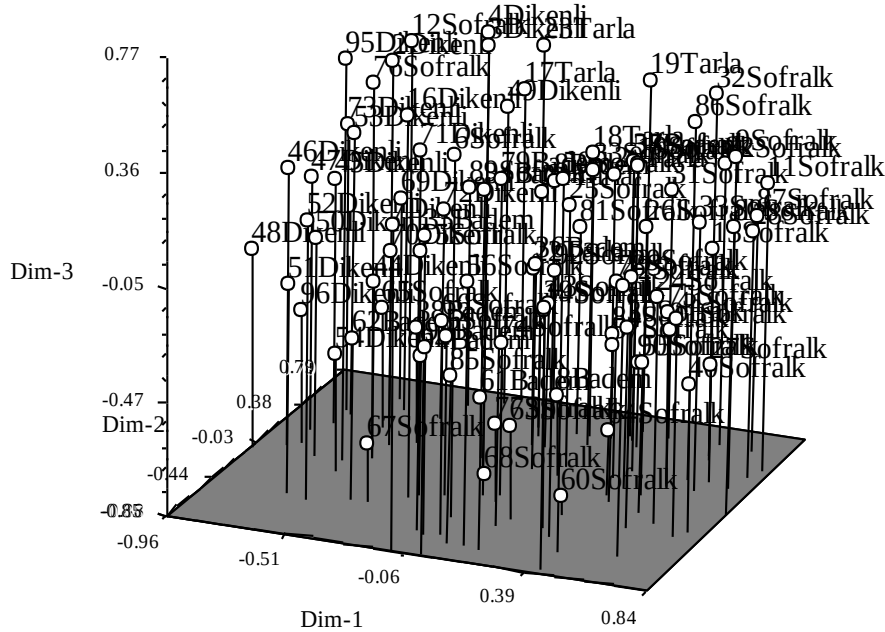
Doksan altı genotipe ait 27 farklı morfolojik karakterler için elde edilen veriler kullanılarak benzerlik matrisi hesaplanmış ve dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 4.1.). Temel bileşenler analizine göre iki boyutlu ve üç boyutlu grafikler oluşturulmuştur. (Şekil 4.2. ve 4.3.).



Şekil 4.1. Genotiplerin morfolojik analizleri sonucu elde edilen veriler kullanılarak elde edilen dendrogram



Şekil 4.2. Genotiplerin morfolojik verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik



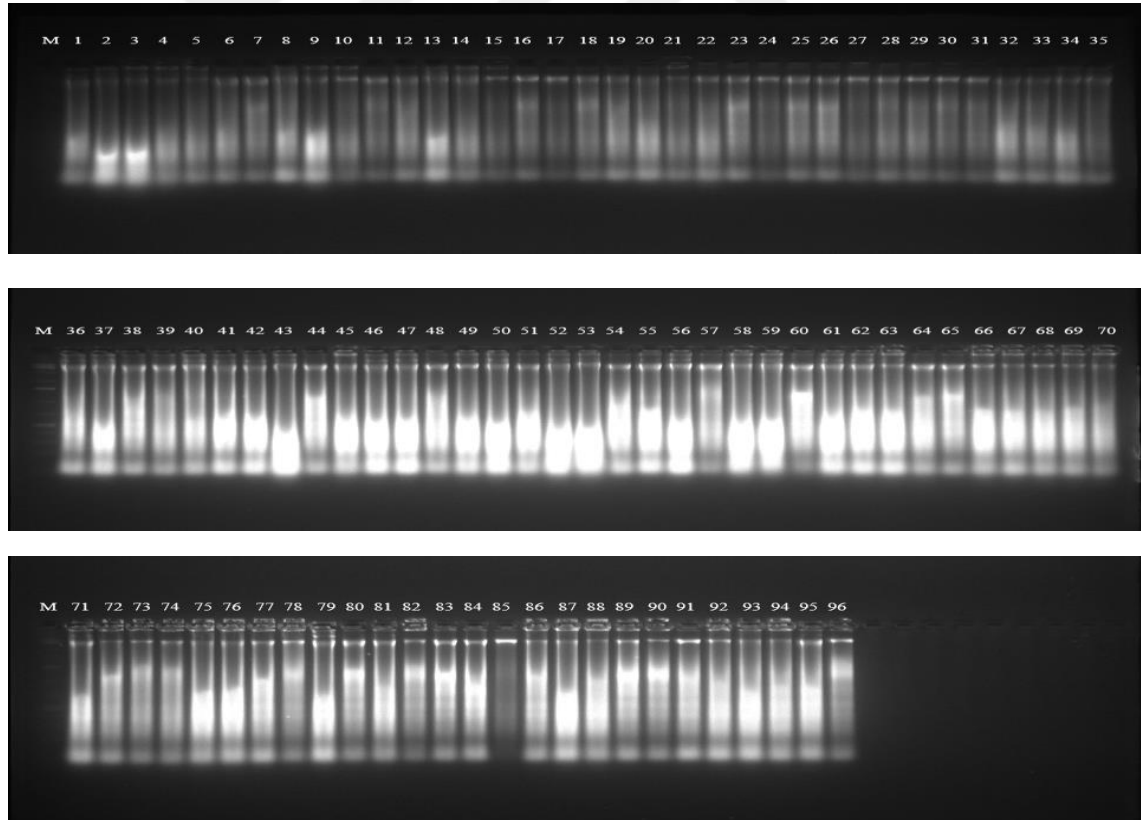
Şekil 4.3. Genotiplerin morfolojik verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik

Morfolojik verilerinden elde edilen dendrogram kümesinde benzerlik analizi sonucundan benzerlik oranları-0.13-0.90 arasında değişmektedir (Şekil 4.1). Benzerlik oranları birbirine en yakın olan genotipler 32 (sofralık tipi genotip) ile 82 (sofralık tipi genotip), 1.00 oranında bir birlerine benzer olduğu görülmüştür. Genel olarak morfolojik dendrogram iki ana gruba ayrılmıştır. Birinci grupta (A) genellikle (%84) sofralık tipi genotipler yer almıştır. Tarla tipi genotiplerin hepsi, badem tipi ve dikenli tiplerin geneli ikinci grupta (B) toplanmıştır.

Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem üzerine genotiplerin dağılımı Şekil 4.2’de verilmiştir. Üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik (Şekil 4.3) sonuçları dendrogram ve iki boyutlu düzlem ile benzerlik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değer için açıklanan varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 Eigen değerinin popülasyonda var olan toplam varyansın %52’sini açıklamıştır. İlk 5 Eigen değeri popülasyonun var olan toplam varyansın %71’ni açıklamıştır.

4.2. Moleküler Bulgular

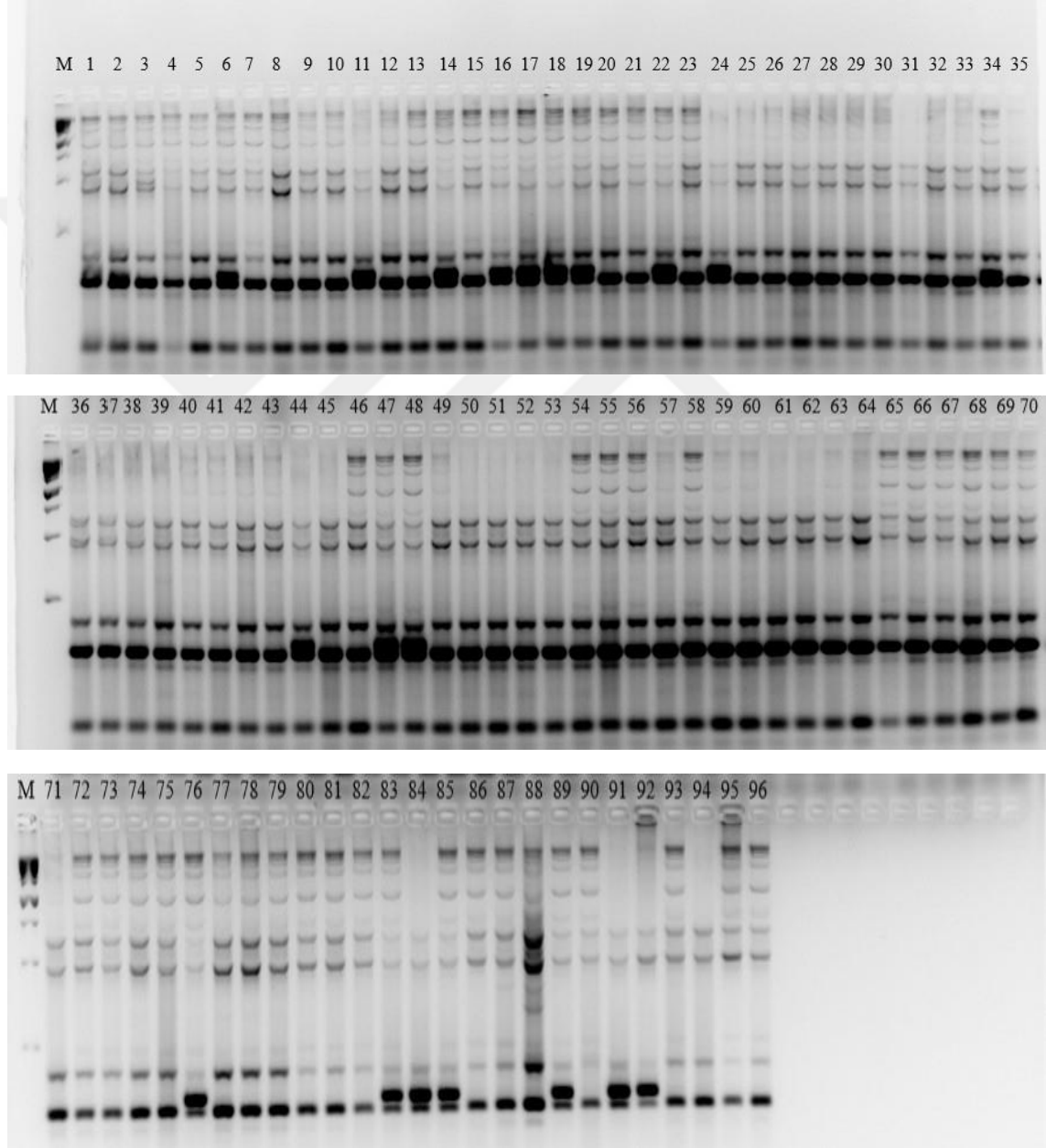
Çalışmada 96 genotipten moleküler analizlerde kullanmak için DNA izolasyonu yapılmış ve elde edilen DNA’lar %1’lik agaroz jelde yürütülerek görüntülenmiştir (Şekil 4.4.).



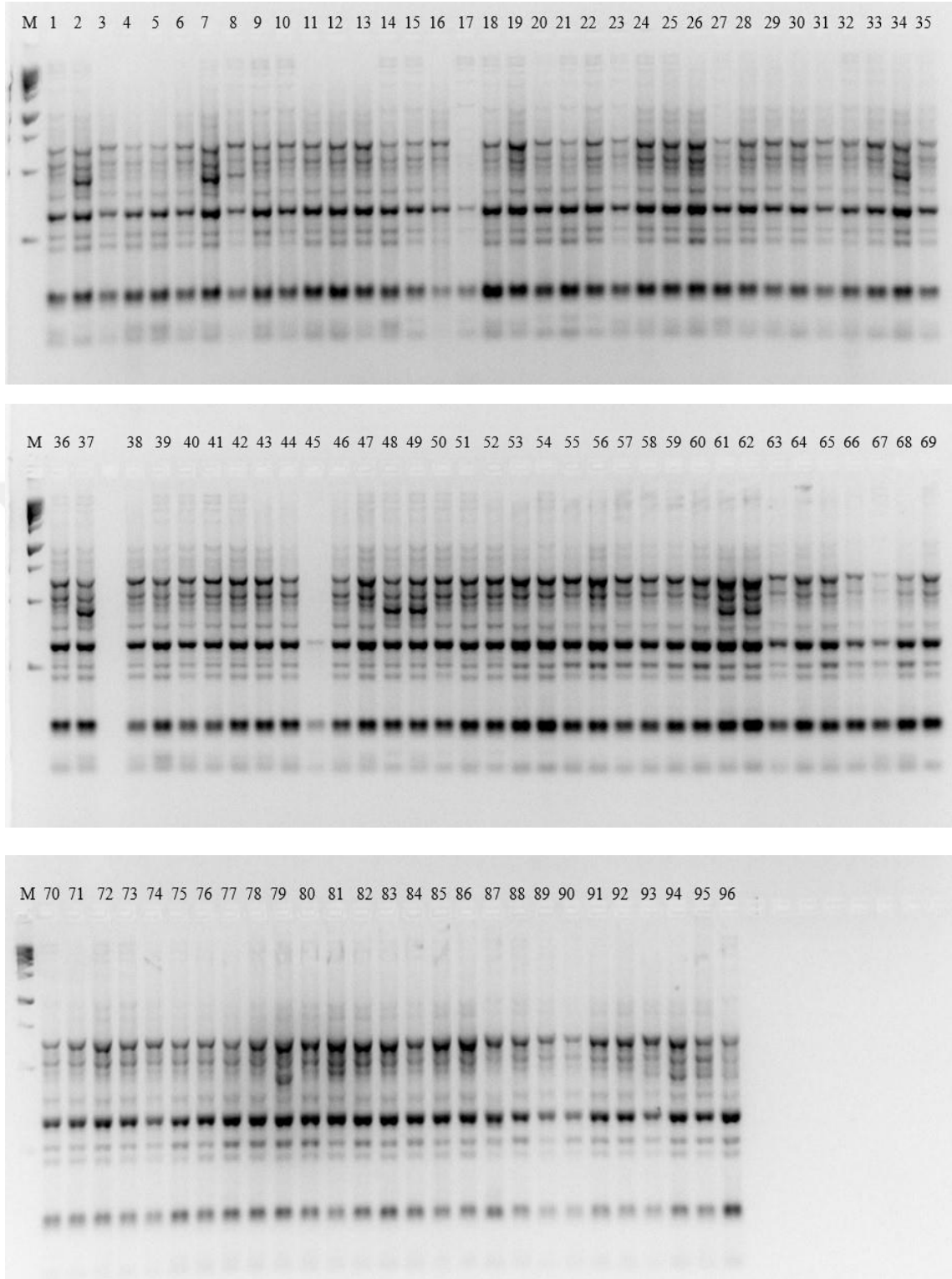
Şekil 4.4. Araştırmada kullanılan genotiplerin DNA görüntüleri

4.2.1. SRAP analizleri

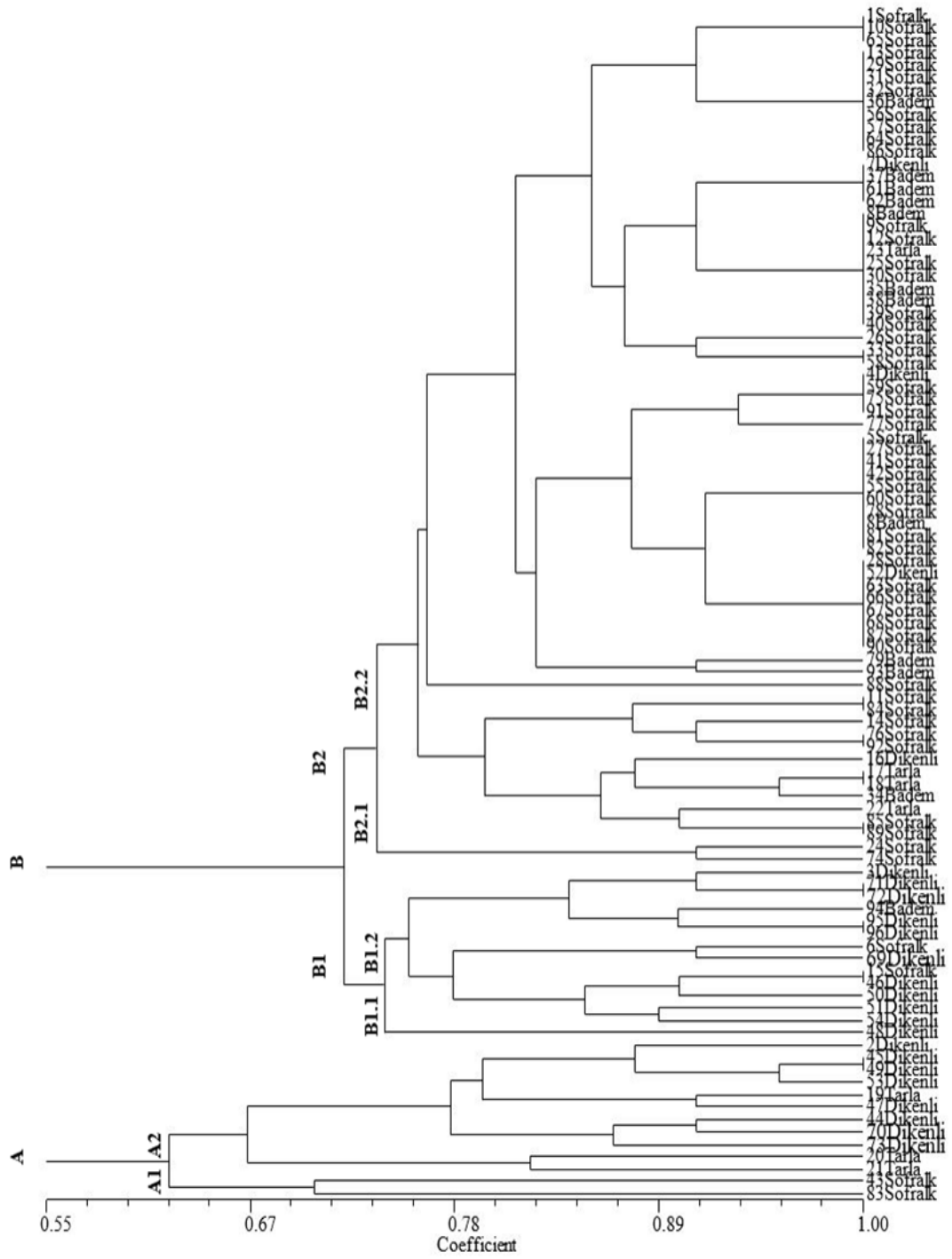
SRAP analizleri için 15 primer çifti kullanılarak 96 genotip ile PCR reaksiyonları gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.2.). Elde edilen PCR ürünleri agaroz jele yüklenerek UV ışığı altında görüntülenmiş ve onbeş adet SRAP primeri çiftiyle elde edilen toplam bant sayısı 112 adet, polimorfik bant sayısı ise 20 adet olarak skorlanmıştır. Polimorfik bant sayısı en yüksek 4 ME1EM5 primer çiftinden, en düşük 1 ME1EM7 primer çiftinden elde edilmiştir. Bazı örnek jel görüntüleri Şekil 4.5. ve 4.6.'da verilmiştir.



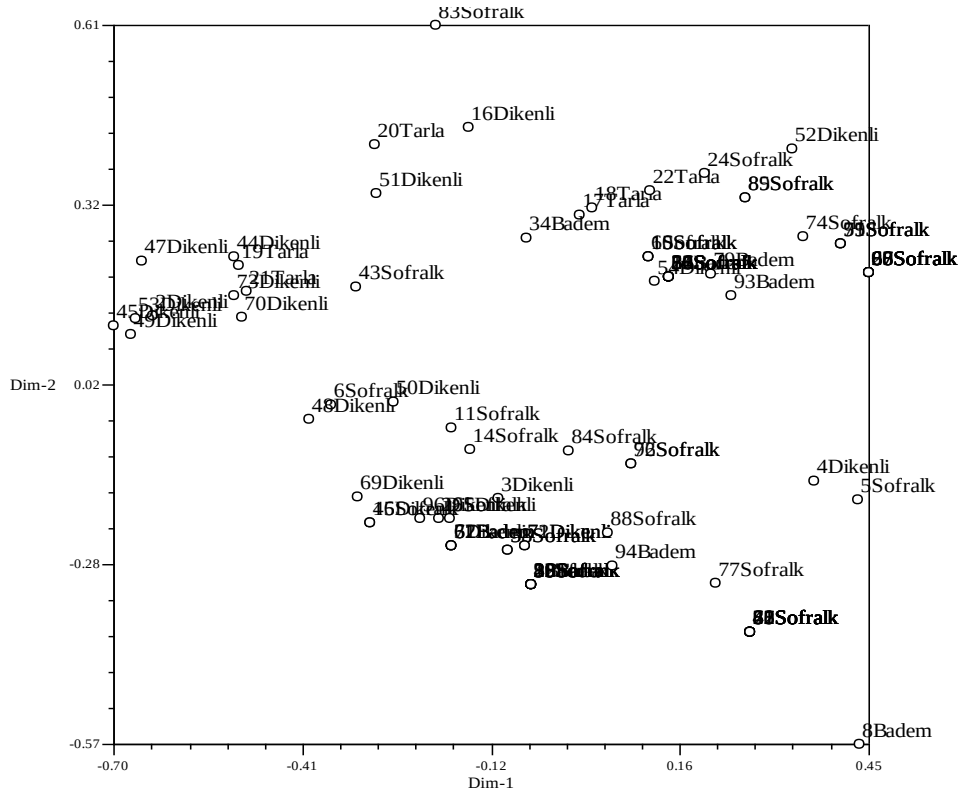
Şekil 4.5. 96 adet hıyar genotipinin ME1EM5 SRAP primer çifti ile PCR sonucu



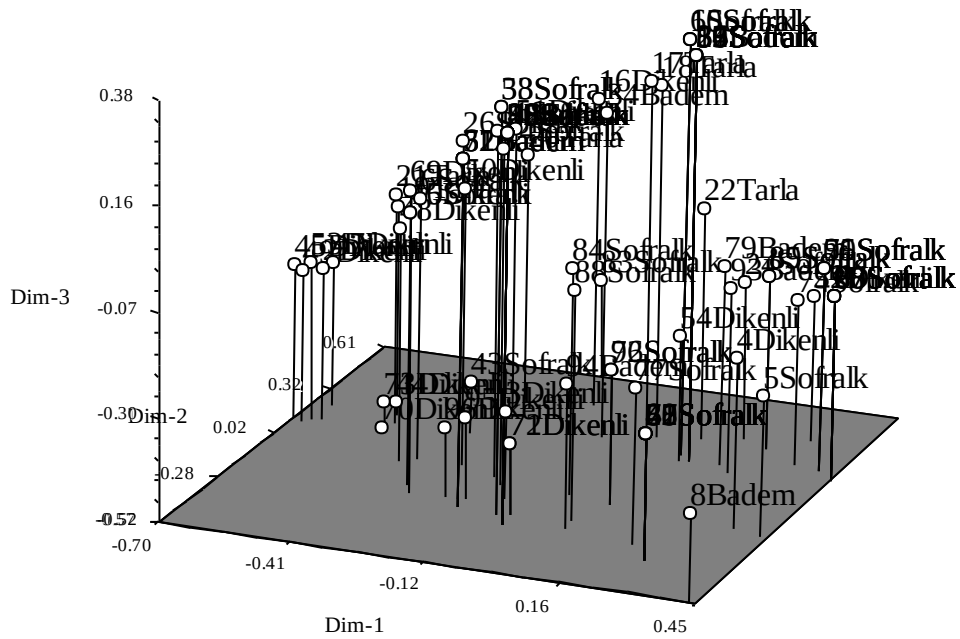
Şekil 4.6. 96 adet hıyar genotipinin ME1EM7 SRAP primer çifti ile PCR sonucu



Şekil 4.7. Çalışmada kullanılan 96 genotipin SRAP primeri kullanımıyla elde edilen genetik ilişkilerinin dendrogramı



Şekil 4.8. Genotiplerin SRAP verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik



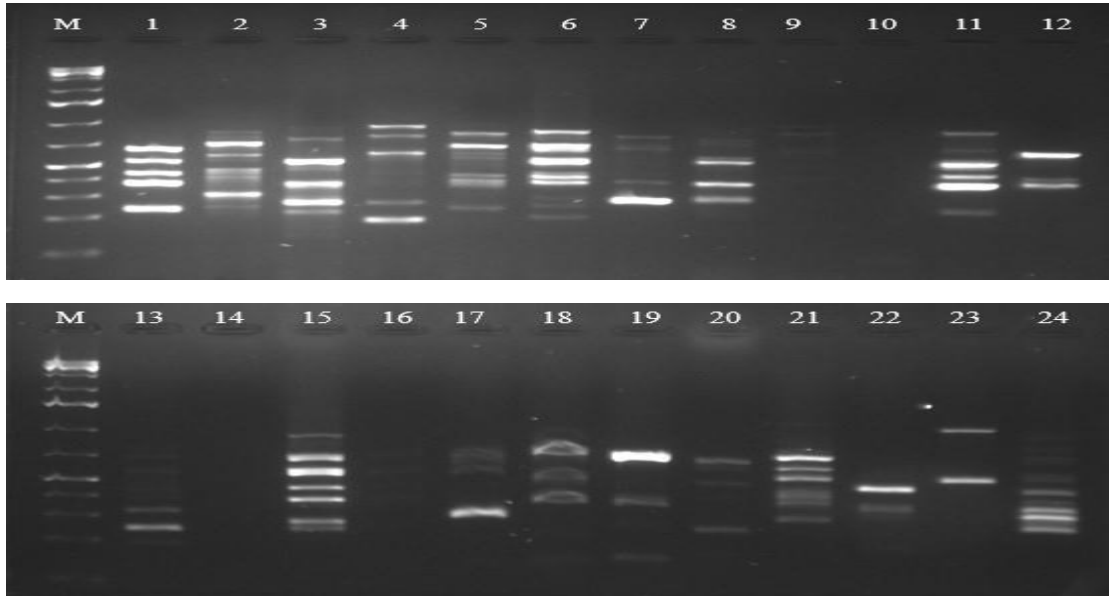
Şekil 4.9. Genotiplerin SRAP verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik

SRAP verileriyle elde edilen dendrogramda benzerlik indeksi oranları 0.55-1.00 arasında değişmiştir. 33 ile 38, 88 ile 84, 76 ile 92, 17 ile 18, 85 ile 89, 71 ile 72, 95 ile 96, 15 ile 46 ve 45 ile 49 nolu genotipler arasındaki benzerlik indeksi değeri 1.00 olarak tespit edilmiştir. Genellikle sofralık tipi genotiplerin benzerlik indeksi değerleri 1.00 yakın olarak tespit edilmiştir. SRAP analizleri sonucu oluşan dendrogramda genotipler 2 ana gruba ayrılmıştır (Şekil 4.7.).

Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem üzerine genotiplerin dağılımı Şekil 4.8. 'de verilmiştir. Genotiplerin dağılımına göre 80 (badem tipi genotip) ve 83 (sofralık tipi genotip) nolu hatlar popülasyonda ayrılmışlar. Üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik (Şekil 4.9.) sonuçları dendrogram ve iki boyutlu düzlem ile benzerlik göstermektedir. Temel bişenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değer için açıklanan varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 Eigen değerinin popülasyonda var olan toplam varyansın %52'sini açıklamıştır. İlk 5 Eigen değeri popülasyonun var olan toplam varyansın %71'ni açıklamıştır.

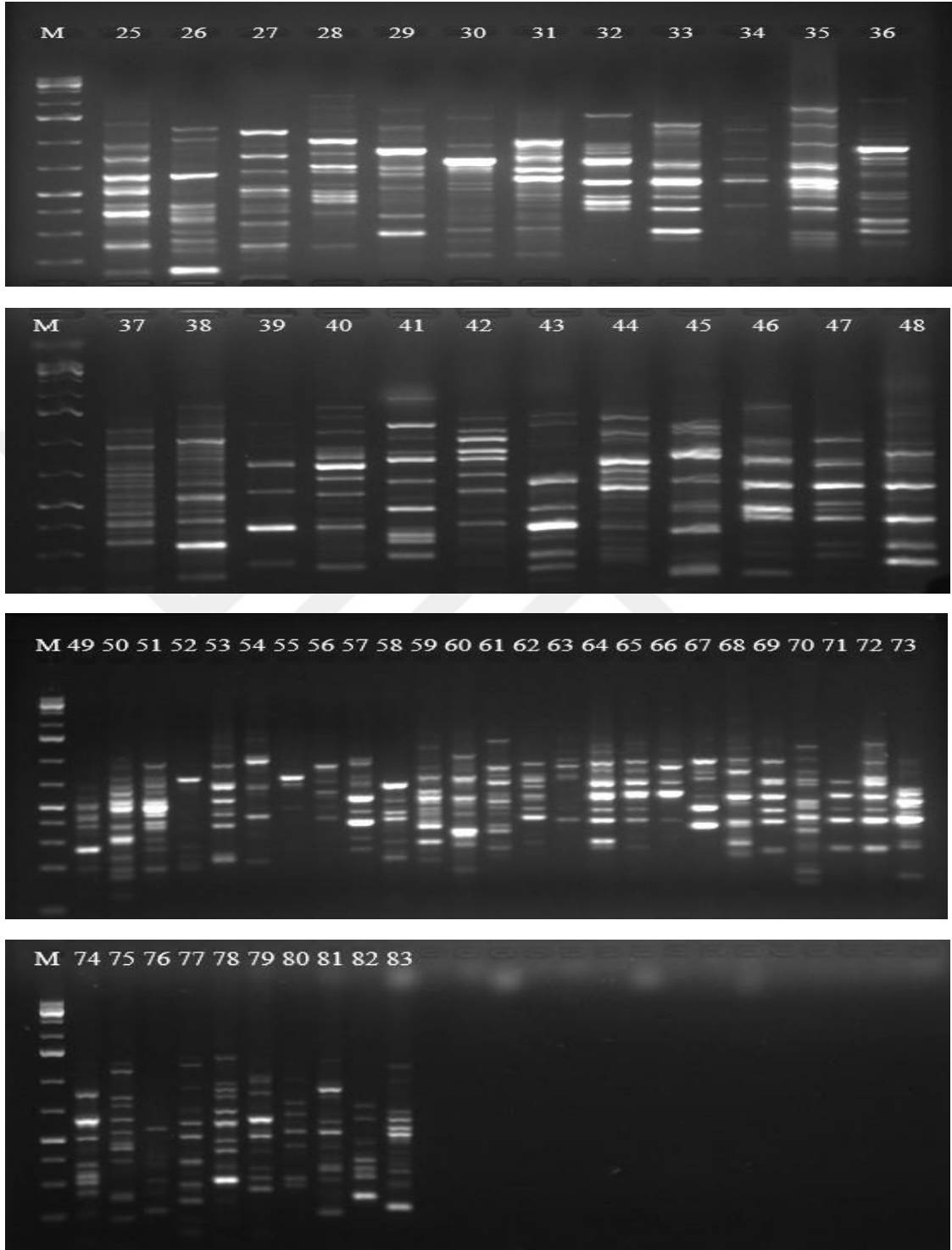
4.2.2. iPBS analizleri

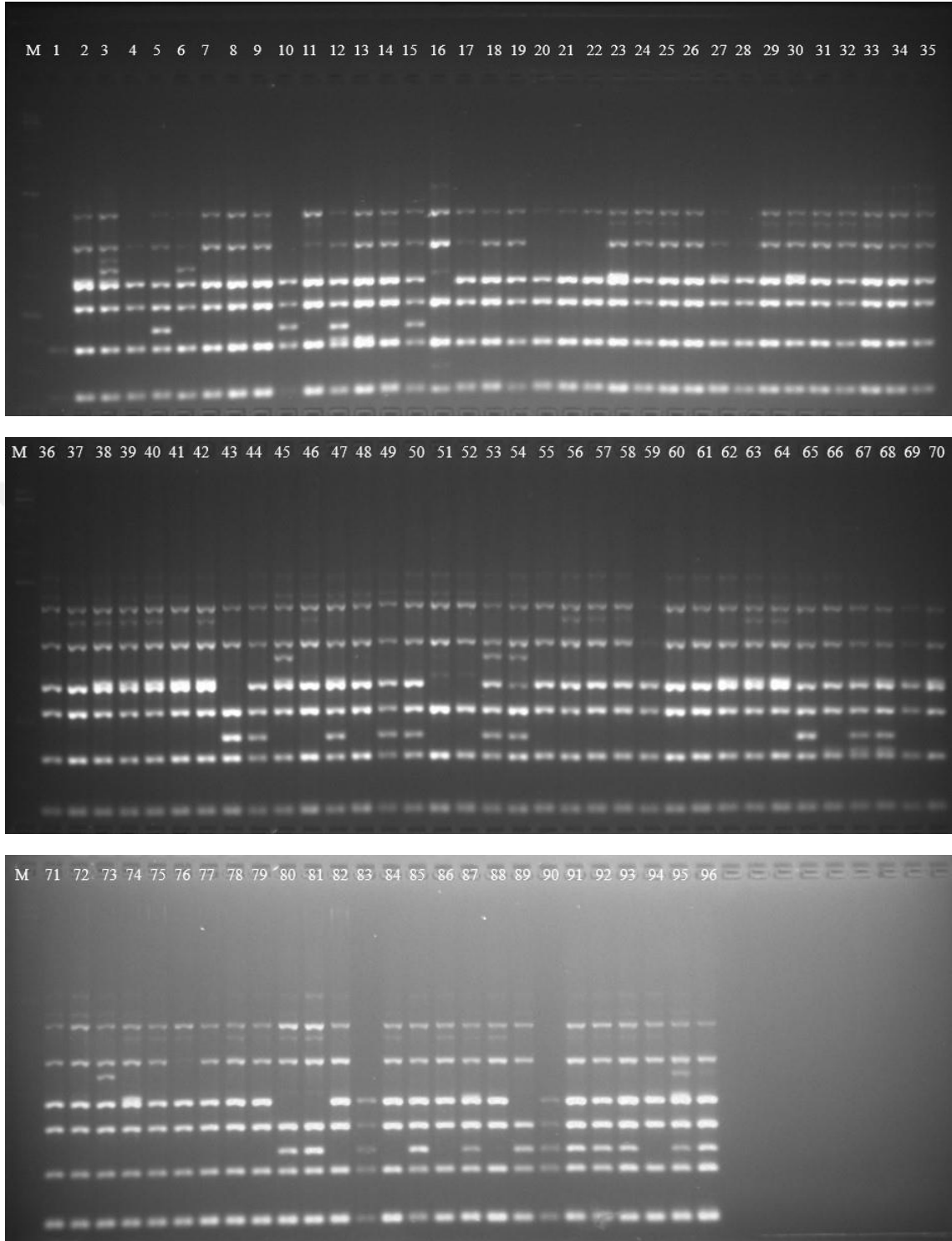
Havuz DNA'lar ile yapılan PCR reaksiyonları sonucunda öncelikle polimorfizm oranı yüksek ve amplifikasyon kalitesi iyi olan 28 primer tespit edilmiştir. Havuz DNA ile taranan iPBS primerleri Çizelge 3.3. ve 3.4.'de verilmiştir. Seçilen polimorfik primerler (Çizelge 3.3.) kullanılarak 96 genotiple PCR reaksiyonları gerçekleştirilmiştir (Şekil 4.10.). PCR analizleri sonucunda 301 adet toplam bant, 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Polimorfik bant sayısı en yüksek 8 iPBS2074 primeri, en düşük 2 iPBS2075, iPBS2077, iPBS2274, iPBS2389, iPBS2392 ve iPBS2415 primerlerinden elde edilmiştir. Bazı örnek jel görüntüleri Şekil 4.11., 4.12.'de verilmiştir.



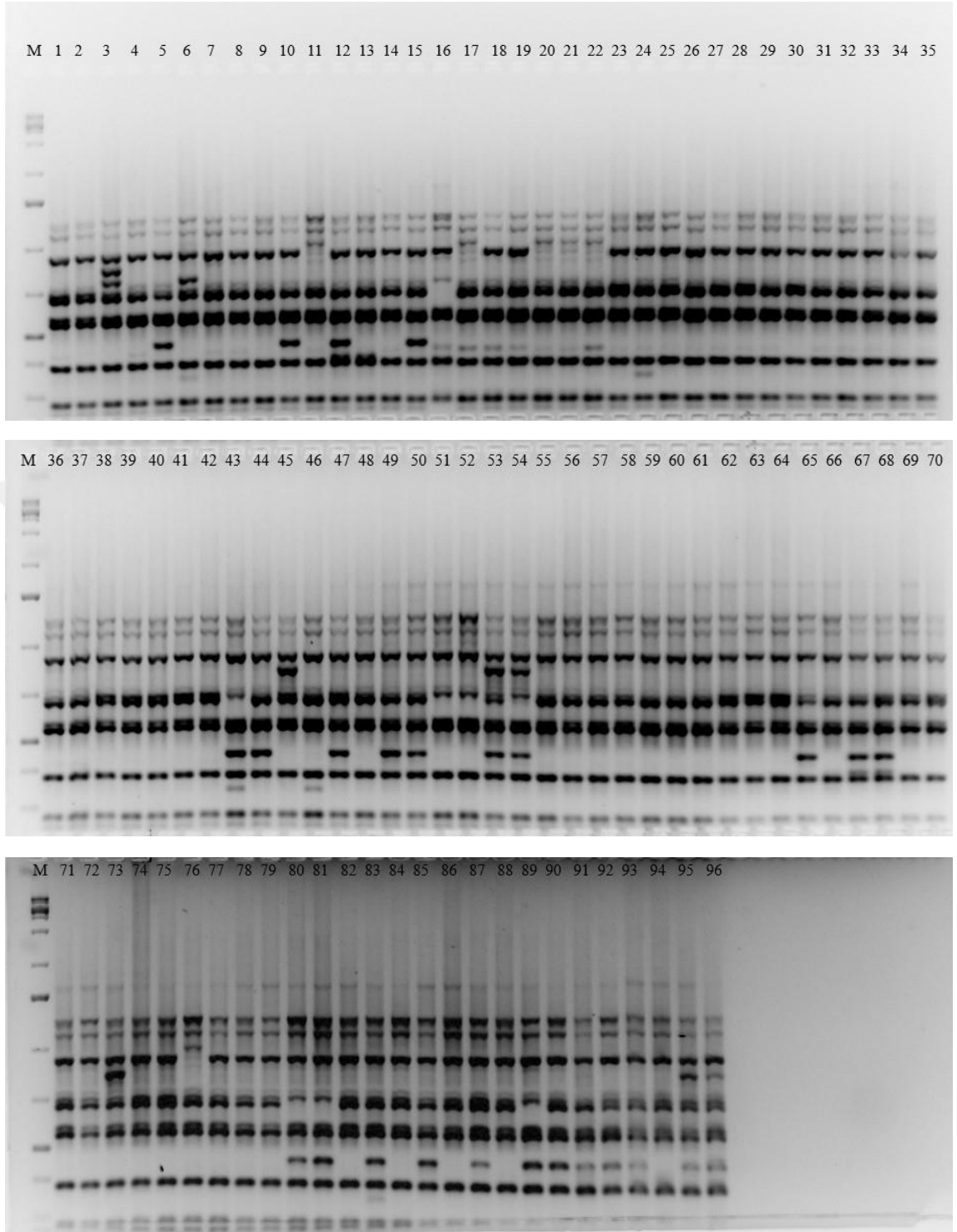
Şekil 4.10. Karışım DNA ile iPBS primerlerinin taranması sonucu elde edilen jel görüntüsü

Şekil 4.10'un devamı

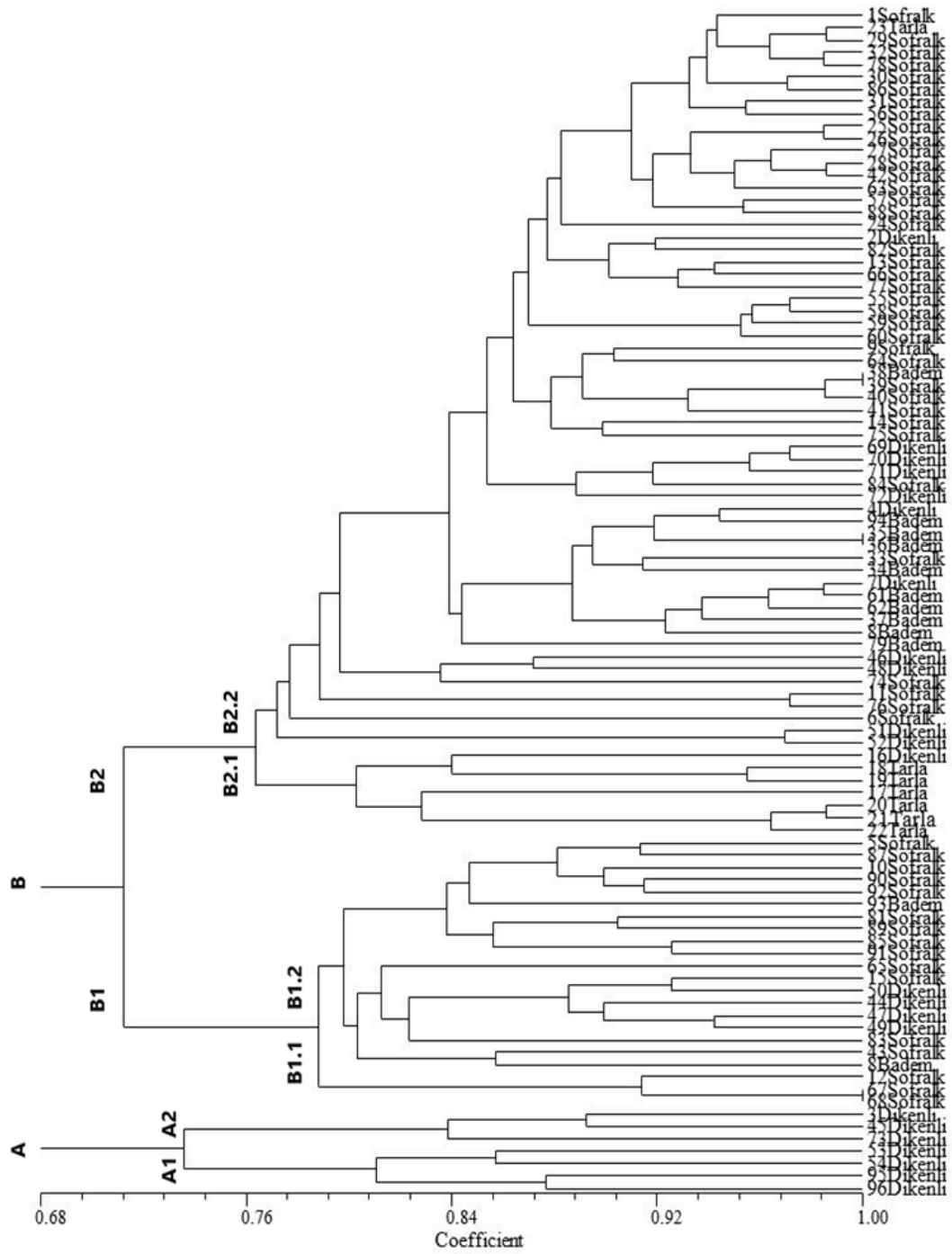




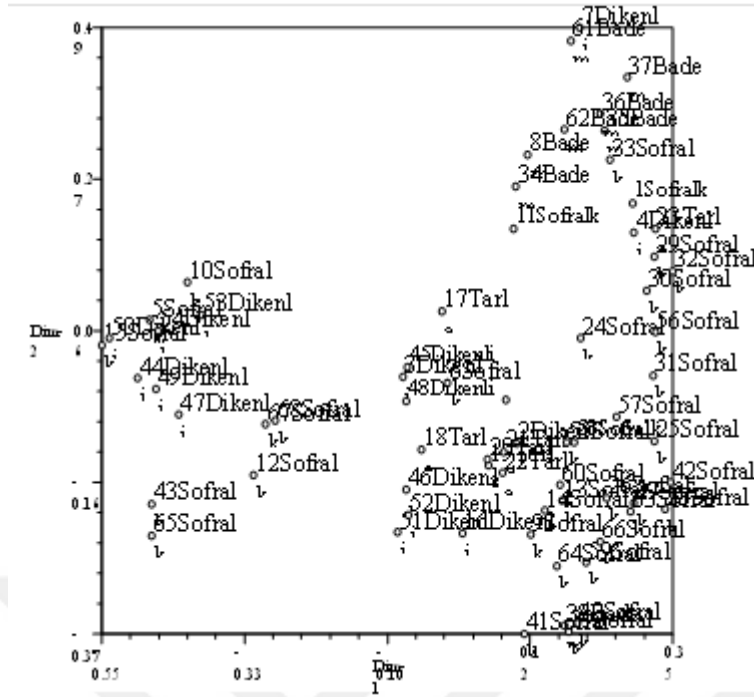
Şekil 4.11. 96 adet hıyar genotipinin iPBS 2074 primeri ile jel görüntüsü



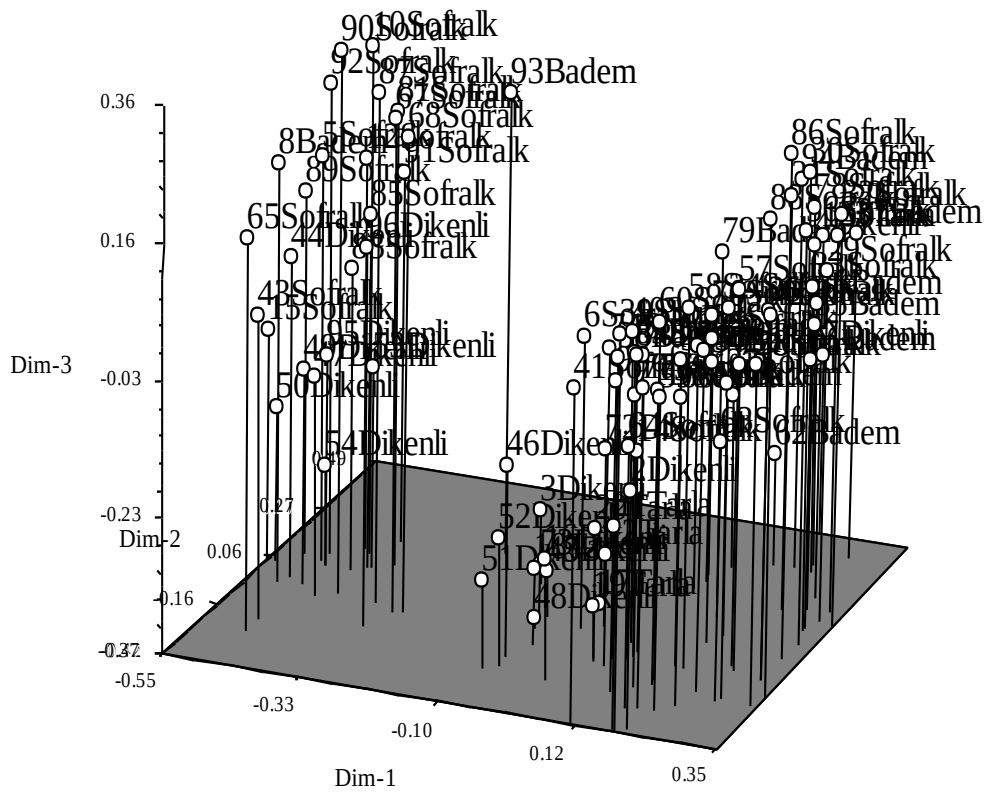
Şekil 4.12. 96 adet hıyar genotipinin iPBS 2251 primeri ile jel görüntüsü



Şekil 4.13. Çalışmada kullanılan 96 genotipin iPBS primeri kullanımıyla elde edilen genetik ilişkilerinin dendrogramı



Şekil 4.14. Genotiplerin iPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 2 boyutlu grafik



Şekil 4.15. Genotiplerin iPBS verileriyle yapılan temel bileşenler analizi sonucu elde edilen 3 boyutlu grafik

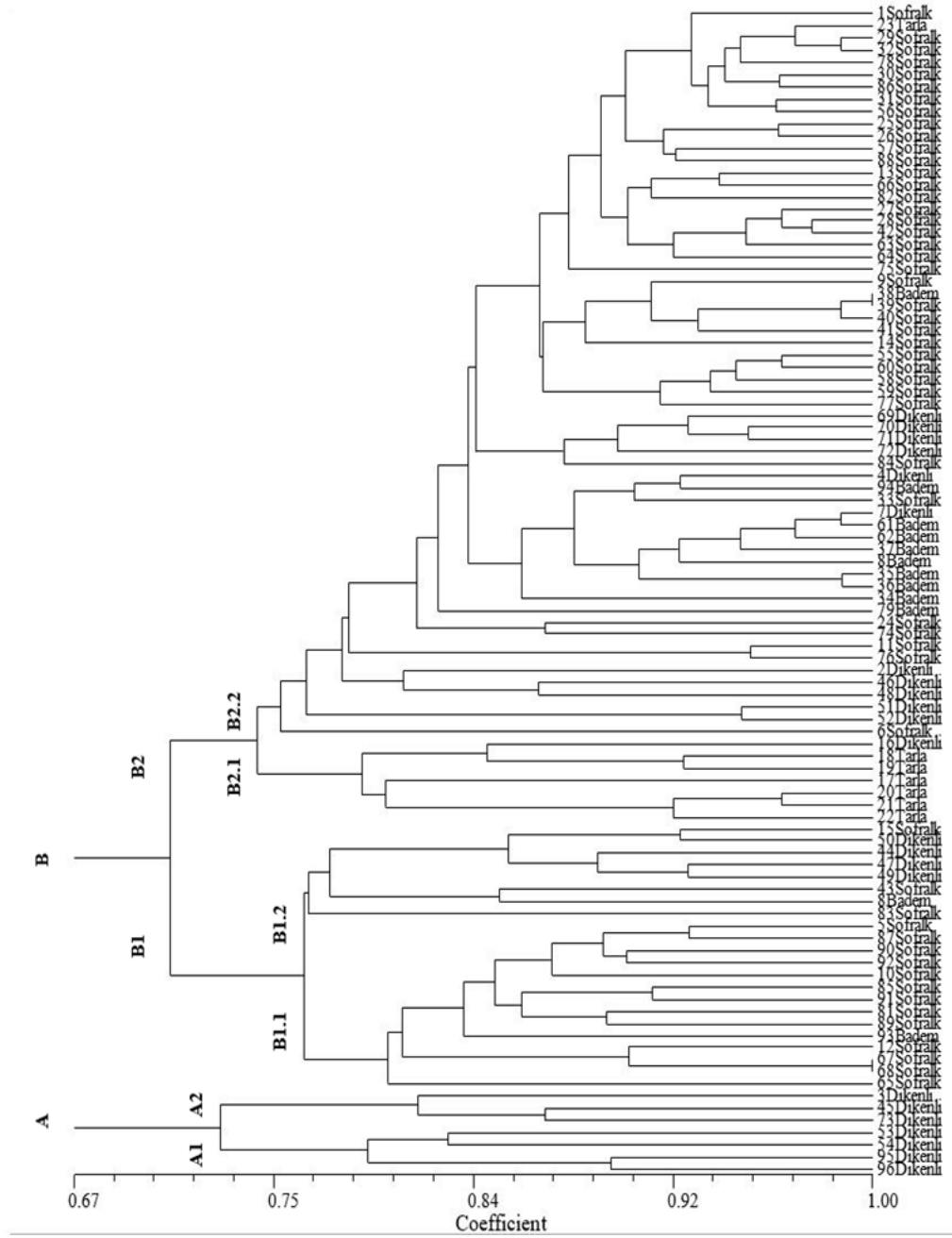
NTSYSpc (Ver 2.1) programında DICE (1945) metoduna göre iPBS verilerinden elde edilen benzerlik matrisinde birbirine en yakın genotipler 9.86 benzerlik indeksi ile 20 ile 21 nolu hatlar (tarla tipi genotip), 23 (tarla tipi genotip) ile 29 (sofralık tipi genotip) nolu hatlar, 28 (sofralık tipi genotip) ile 42 (sofralık tipi genotip) nolu hatlar, 35 (badem tipi genotip) ile 36 (badem tipi genotip) nolu hatlar ve 67 (sofralık tipi genotip) ile 68 (sofralık tipi genotip) nolu hatlar olmuştur. En uzak genotipler ise 4.06 ile 52 nolu hat (dikenli tipi genotip) ve 96 nolu F₁ çeşidi (dikenli tipi genotip) olarak belirlenmiştir.

iPBS verileriyle elde edilen dendrogramda benzerlik oranları 0.68-1.00 arasında değişmektedir (Şekil 4.15.). Benzerlik oranları birbirine en yakın olan genotipler 38 (badem tipi genotip) ile 39 (sofralık tipi genotip), 35 (badem tipi genotip) ile 36 (badem tipi genotip) ve 67 (sofralık tipi genotip) ile 68 (sofralık tipi genotip) nolu genotipler 1.00 oranında bir birlerine benzer olduğu görülmüştür. Yapılan analizler sonucunda oluşan iPBS dendrogramında genotipler iki ana gruba ayrılmıştır. Birinci grupta (A) toplanan genotiplerin hepsi dikenli tip genotiplerden oluşmuştur. İkinci grup (B) kendi içerisinde 6 alt gruba ayrılmıştır.

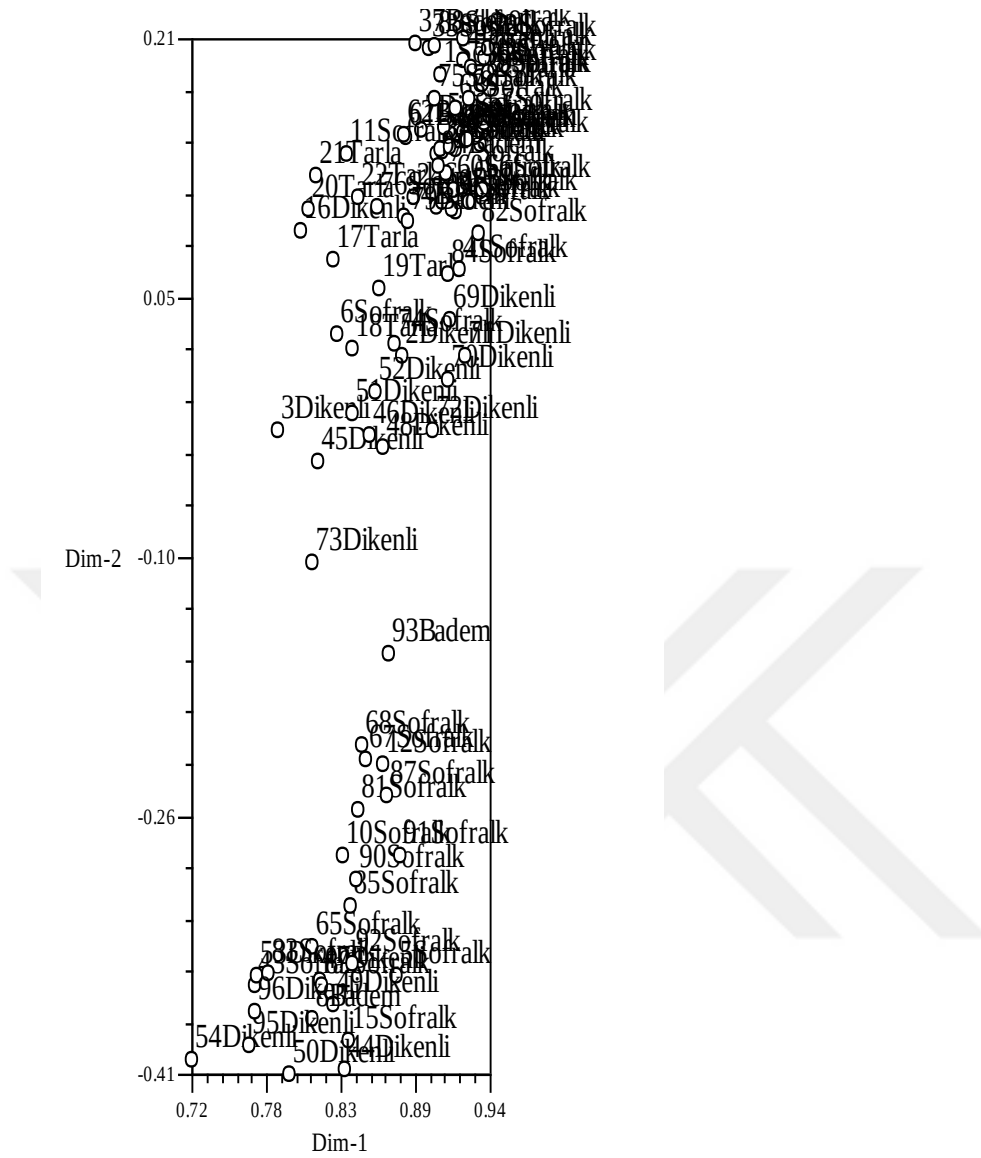
Temel Bileşenler Analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem üzerine genotiplerin dağılımı Şekil 4.16.'de verilmiştir. Üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik (Şekil 4.17.) sonuçları dendrogram ve iki boyutlu düzlem ile benzerlik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değer için açıklanan varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 Eigen değerinin popülasyonda var olan toplam varyansın %83'nü açıklamıştır. İlk 5 Eigen değeri popülasyonun var olan toplam varyansın %87'sini açıklamıştır.

4.3. SRAP ve iPBS Analizleri Sonucu Elde Edilen Verilerin Birlikte Değerlendirilmesi

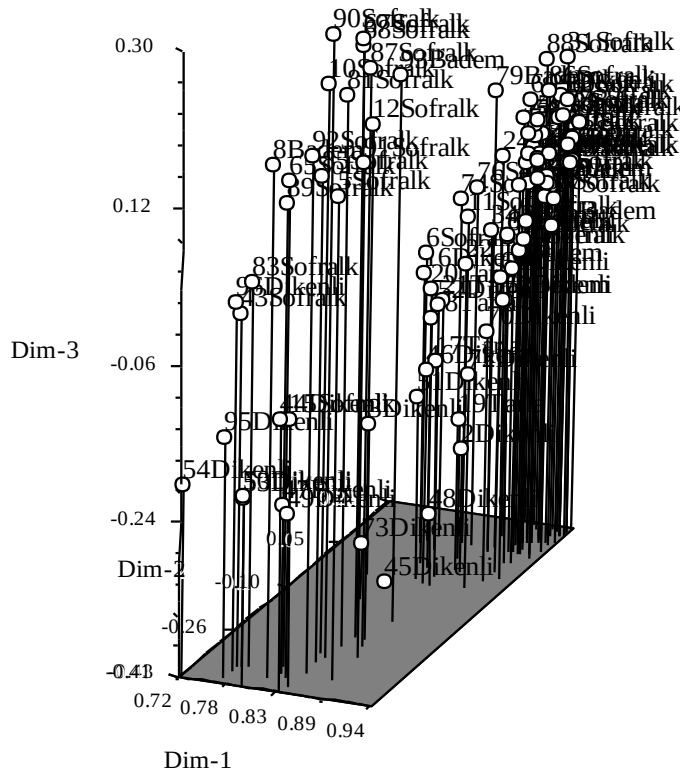
Yapılan çalışmada 4 farklı tipte 96 adet hıyar genotipi kullanılmış, genotiplerin kendi aralarındaki akrabalık ilişkileri SRAP ve iPBS primerleri kullanılarak araştırılmıştır. 15 SRAP primer çifti 112 toplam 20 polimorfik bant ve 28 iPBS primeri ile 301 toplam 123 polimorfik bant üretilmiştir.



Şekil 4.16. SRAP ve iPBS analizlerinden elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesiyle elde edilen dendrogram



Şekil 4.17. SRAP ve iPBS verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 2 boyutlu grafik



Şekil 4.18. SRAP ve iPBS verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 3 boyutlu grafik

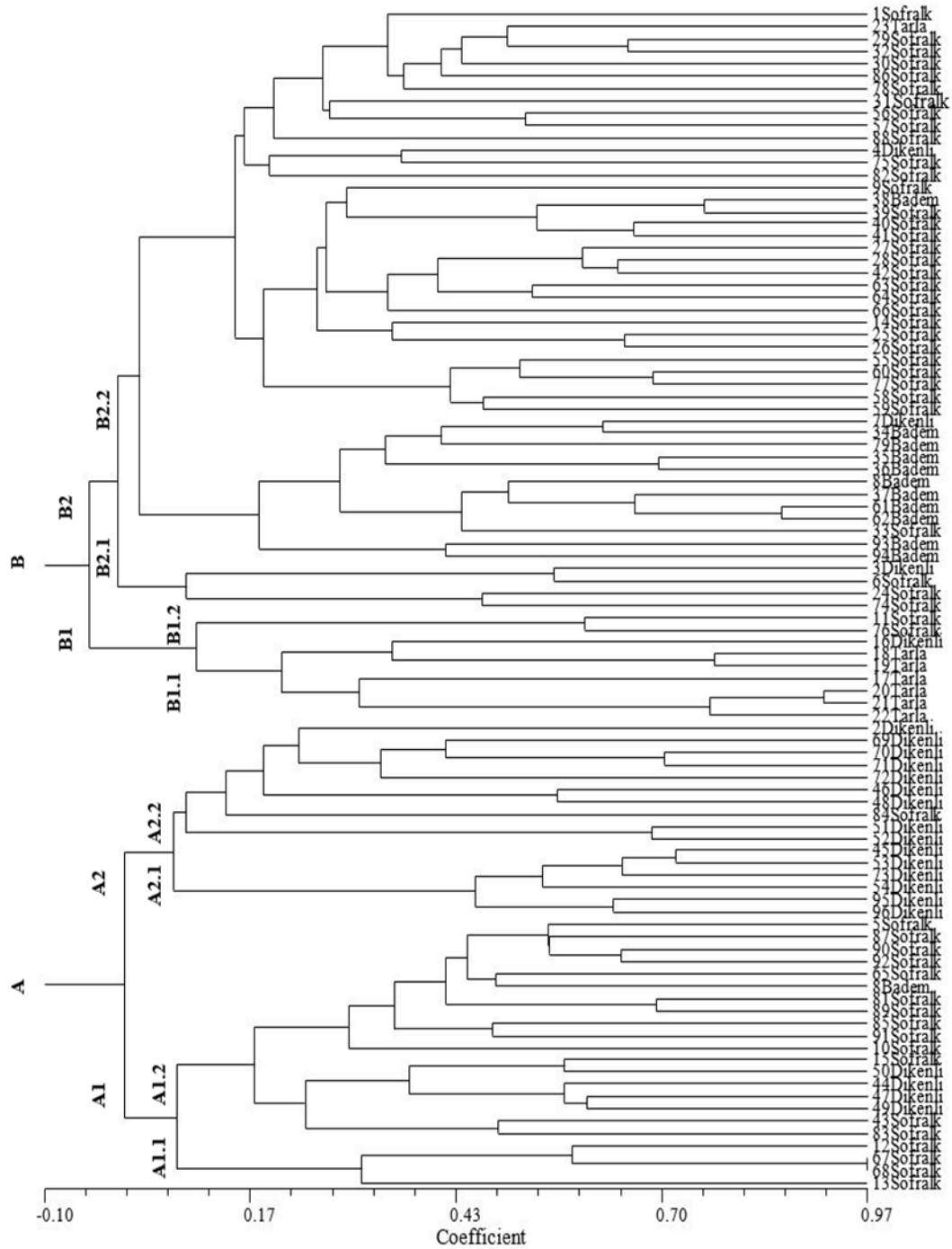
SRAP ve iPBS verilerinin birlikte analiz edilmesiyle elde edilen DICE benzerlik indeks değerleri 0.67 ile 1.00 arasında değişmektedir (Şekil 4.18.). Benzerlik oranları birbirine en yakın olan genotipler 37 (badem tipi genotip) ile 38 (badem tipi genotip) ve 67 (sofralık tipi genotip) ile 68 (sofralık tipi genotip) nolu genotipler 1.00 oranında bir birlerine benzer olduğu görülmüştür. Veriler sonucunda dendrogram iki ana gruba ayrılmıştır. Birinci grupta (A) toplanan 7 genotipin hepsi dikenli tip genotiplerden oluşmuştur. İkinci grup (B) kendi içerisinde 7 alt gruba ayrılmıştır.

Temel bileşenler analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem üzerinde genotiplerin dağılımı Şekil 4.19.'da verilmiştir. İki boyutlu düzlem analizinde 45,48 ve 75 (dikenli tip genotip) nolu hatlar popülasyondan ayrılmıştır. Üç boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik (Şekil 4.20.) sonuçları dendrogram ve iki boyutlu düzlem ile elde edilen grafik ile benzerlik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değer için açıklanan varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 Eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın %28'sini açıklamıştır. İlk 5 Eigen değeri popülasyonun var olan toplam varyansın %38'sini açıklamıştır.

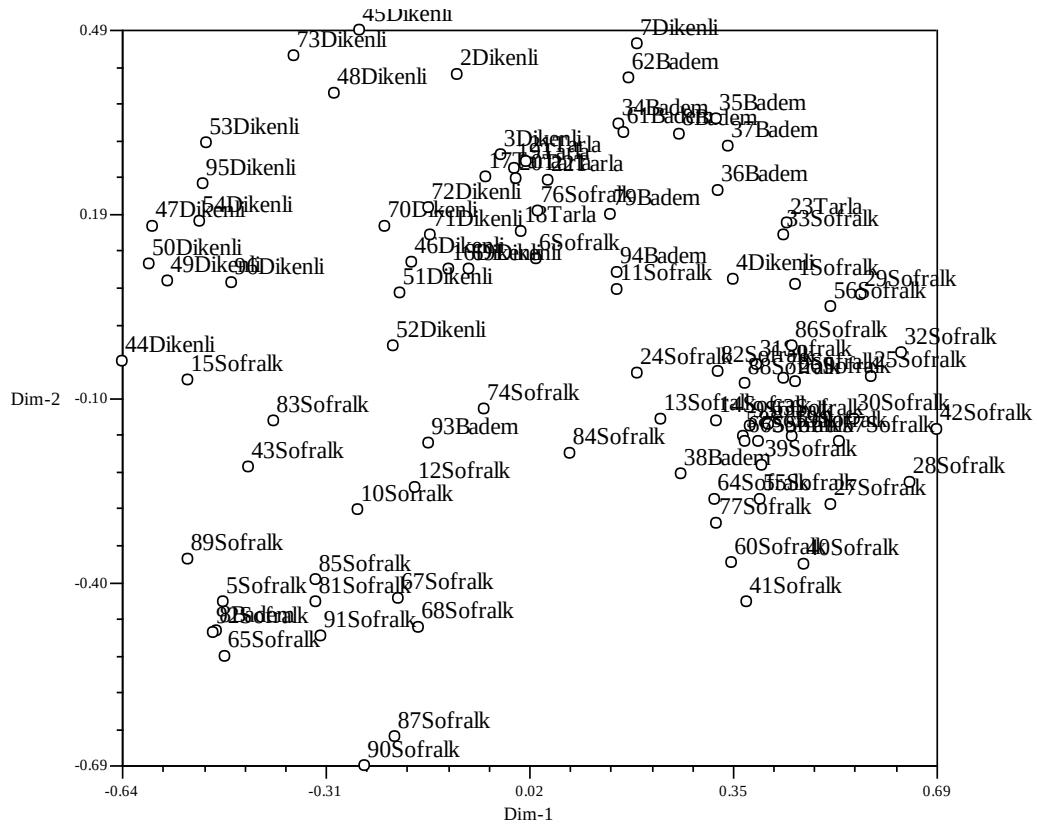
4.4. Morfolojik ve Moleküler Analizleri Sonucu Elde Edilen Verilerin Birlikte Değerlendirilmesi

Bu çalışmada 96 hıyar genotipi 27 adet morfolojik özellik bakımından değerlendirilmiştir. Moleküler analizlerde SRAP ve iPBS primerleri kullanılarak 413

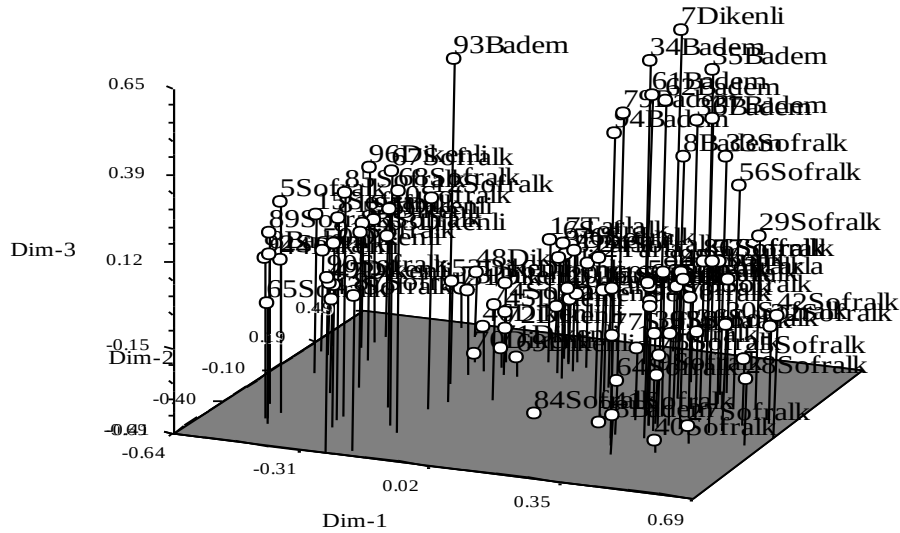
toplam bant ve 143 polimorfik bant üretilmiştir. Morfolojik ve moleküler veriler birlikte değerlendirilerek genotipler arasındaki akrabalık ilişkilerine bakılmıştır.



Şekil 4.19. Morfolojik ve moleküler analizlerinden elde edilen verilerin birlikte değerlendirilmesiyle elde edilen dendrogram



Şekil 4.20. Morfolojik ve moleküler verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 2 boyutlu grafik



Şekil 4.21. Morfolojik ve moleküler verilerinin birlikte değerlendirilmesi ile elde edilen temel bileşenler analizi sonucu oluşan 3 boyutlu grafik

Moleküler ve morfolojik verilerinin birlikte analiz edilmesiyle DICE benzerlik indeks değerleri -0.10 ile 0.97 arasında değişmektedir (Şekil 4.21.). Benzerlik oranları birbirine en yakın olan genotipler 67 (sofralık tipi genotip) ile 68 (sofralık tipi genotip) nolu genotipler 0.97 oranında bir birlerine benzer olduğu görülmüştür. Veriler sonucunda dendrogram iki ana gruba ayrılmıştır. Dikenli genotipler %85'i birinci grupta (A) toplanmıştır. Tarla tipi genotiplerin hepsi ikinci grup (B) toplanmış.

Temel bileşenler analizine göre elde edilen iki boyutlu düzlem üzerinde genotiplerin dağılımı şekil 4.22.'de verilmiştir. Üç boyutlu düzlem üzerine elde edilen grafik (şekil 4.23.) sonuçları dendrogram ve iki boyutlu düzlem ile elde edilen grafik ile benzerlik göstermektedir. Temel bileşenler analizini oluşturan Eigen değerleri ve her değer için açıklanan varyans yüzdesi ve vektörlerin açıkladığı kümülatif varyans verilmiştir. İlk 3 Eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın %26'sını açıklamıştır. İlk 5 Eigen değeri popülasyonun var olan toplam varyansın %36'sını açıklamıştır.

5. TARTIŞMA

Genetik kaynaklar yerel çeşitler, yabani genotipler ve özellikleri belirlenmiş hatlardan oluşmaktadır. Hibrit çeşitler ticari sebze üreticiliğinde vazgeçilmez avantajlar sağlamaktadır. Üstün özelliklere sahip hibrit çeşitlerin elde edilmesi için genetik çeşitliliğin yüksek olduğu morfolojik özelliklerin tanımlandığı gen havuzlarına ihtiyaç duyulmaktadır. Hıyarda çeşit adayları ve ıslah materyallerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu yapılarak hatlar arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi, bitki, meyve özellikleri ve verim açısından genetik kaynakları tanımlayarak gelecekte yapılacak ıslah programlarının kullanımına sunulması amacıyla yürütülen bu çalışmada 96 adet hıyar genotipinde 27 morfolojik özellik ayrıntılı olarak incelenmiştir. Morfolojik özelliklerin yanında moleküler olarak karakterize etmek için SRAP ve iPBS primerleriyle 96 genotip taranmıştır.

Valcárcel vd. (2018) İspanya’da yaptıkları morfolojik karakterizasyon çalışmasında meyve uzunluğunu en yüksek 35.6 cm en düşük 12.5 cm, meyve çapını en düşük 55.6 mm en düşük 40.2 mm olarak tespit edilmiştir. Gaikwad vd. (2011) Hindistan’da toplanan 18 genotiple çalışarak meyve uzunluğunu en yüksek 27.8 cm en düşük 11.5 cm, meyve çapını en yüksek 5.2 cm en düşük 3.5 cm olarak tespit edilmiştir. Khan vd. (2015) aynı şekilde 24 genotip seçmiş ve bu türlerden meyve uzunluğu en yüksek 20.4 cm en düşük 12.8 cm, meyve çapı en yüksek 6.4 cm en düşük 4.4 cm olarak tespit edilmiştir. Bu çalışmada meyve uzunluğu 20.3 cm ile 6.8 cm arasında değişmiş meyve çapı ise 37.06 mm ile 29.60 mm arasında bulunmuştur. Yapılan diğer çalışmalarla kıyaslandığında seçilen genotiplerin meyve uzunluğu ve meyve çapının da az olduğu görülmektedir. Bu da genotiplerin Türkiye pazar isteklerine göre ıslah edilmesinden kaynaklanmaktadır. Bizim çalışma sonuçlarına göre bitki boyu 2.09 m ile 0.54 m arasında değişirken Valcárcel vd. (2018) bitki boyunu en yüksek 2.4 m en düşük 1.1 m olarak ölçülmüştür. Erkencilik tespiti için dişi çiçek gelişme zamanı en erken 37 gün en geç 58 günde olmuştur. Çalışmamızda dişi çiçek gelişme zamanı en erken 29 gün en geç 40 gün olarak ölçülmüştür. Erkencilik açısından bizim kullandığımız genotiplerin daha erkenci olduğu gözlenmektedir.

Gözen (2008) tarafından ülkemizde yapılan bir çalışmada büyüme gücü bakımından %18’i kuvvetli, %73’ü orta ve %9’u zayıf, dişi çiçek gelişme zamanı %16 erkenci, %58 orta ve %26 geçici olarak tespit edilmiş. Bu çalışmada büyüme gücü %68.75 kuvvetli, %23.95 orta ve %7.25 zayıf olarak gözlenmiş, dişi çiçek gelişme zamanı ise %17.70 erkenci, %71.87 orta ve %10.41 geçici olarak gözlenmiştir. Çalışmada kullanılan genotiplerin bitki gücü ve erkencilikte daha iyi olduğu görülmüştür. Çalışma sonuçlarına göre meyvede tüylülük %41.67 sık ve %58.33 seyrek, meyvede partenokarpi %100 var ve boğumdaki dişi çiçek sayısı %65.62 1-3 arası ve %34.37 3’den fazla olarak tespit edilmiştir. Gözen (2008) meyvede tüylülüğü %15 seyrek %8 orta %6 yoğun, partenokarpi %87 var %14 yok, meyvede tüylülük ve dikenlilik yoğunluğu %60 orta %40 yoğun %0 seyrek, bitki boğumundaki dişi çiçek sayısı %100 1-3 arası olarak gözlenmiştir.

Hıyarın yakın akrabalarından olan acur (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) bitkisinde yapılan çalışmada 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. Meyveler çiçek sapı uzunlukları bakımından değerlendirildiğinde, 11 (% 18.3) genotipin kısa, 36 (% 60) genotipin orta ve 13 (% 21.7) genotip uzun olarak tespit edilmiştir (Köse 2008). Bu çalışma sonuçlarında meyve uzunluğu 20.3 cm ile 6.8 cm arasında, meyve çapı 37.06 cm ile 29.60 cm arasında, çiçek sapı uzunluğu 4.8 cm ile 0.5 cm arasında tespit edilmiştir.

Kavunda yapılan bir araştırmada bitki boyu en yüksek 42.78 cm en düşük 13.90 cm, gövde kalınlığı en yüksek 7.40 mm en düşük 5.42 mm, yaprak ayası uzunluğu en yüksek 10.55 cm en düşük 6.75 cm, yaprak ayası genişliği en yüksek 14.62 cm en düşük 9.55 cm olarak tespit edilmiştir (Erdoğan 2016). Bu çalışmada bitki boyu 2.09m ile 0.54m arasında, gövde kalınlığı 10.10 mm ile 6.82 mm arasında, yaprak ayası uzunluğu 30.3 cm ile 15.1 cm arasında, yaprak ayası genişliği 33.6 cm ile 18 cm arasında tespit edilmiştir. Bu sonuçlarla kıyaslandığında çalışmada kullanılan genotiplerin bitki habitusunun daha büyük olduğu görülmüştür. Bu çalışma sonuçlarına göre suda çözünebilir kuru madde miktarı %4.2 ile %2.5 arasında tespit edilmiştir. Erdoğan (2016) suda çözünebilir kuru madde miktarını en yüksek 16.54 briks, en düşük 8.33 briks olarak saptanmıştır.

Hıyar (*Cucumis sativus* L) genetik bağlantı haritalama çalışmasında (Yeboah vd. 2007) 132 SRAP primer çifti kullanılarak 339 toplam bant 61 polimorfik bant yine aynı çalışmada 45 ISSR primeri kullanılarak 206 toplam bant 48 polimorfik bant elde edilmiştir. Bu çalışma sonuçlarımızda 15 SRAP primer çifti ile 112 toplam bant 20 polimorfik bant, 28 iPBS primeri kullanılarak 301 adet toplam ve 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir.

Hıyar (*Cucumis sativus* L) yan dallanma genetik haritalama çalışmasında (Wang vd. 2005) 182 SRAP primer kombinasyonunda 64 primer çifti toplam 108 adet polimorfik bant elde edilmiştir. Bu çalışmamızda 15 primer çifti ile 20 adet polimorfik bant elde edilmiştir.

Yine Çin'de yapılan bir çalışmada (Yuan vd. 2008) 352 SRAP kombinasyonun yapılan taramada 102 SRAP primer çiftinden polimorfik bant elde edilmiştir. Bu çalışmada ise 15 SRAP primer çifti ile 20 adet polimorfik bant elde edilmiştir.

Ülkemizde yapılan bir çalışmada (Devran vd. 2011) hıyardaki kök-ur nematod direnci için Mİ genine bağlı AFLP ve SRAP beliceçleri bulmak için 112 SRAP ve 100 AFLP kombinasyonları taranmıştır. 112 SRAP primerlerinden 11'i polimorfizim vermiştir. Bizim çalışmamızda 15 primer çifti ile 20 adet polimorfik bant, 28 iPBS primeri kullanılarak 301 adet toplam ve 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir.

Hıyarda külleme direnci için yapılan haritalama çalışmasında (Alfandi vd. 2010) 32 ISSR markörü ve 60 SRAP markör kombinasyonu kullanarak toplam 156 adet toplam bant elde edilmiş. Bunun 143 adeti ISSR primerlerinden 13 adeti SRAP primer kombinasyonundan skor edilmiş. Bizim çalışma sonuçlarımızda 15 SRAP primer çifti ile 112 toplam bant 20 polimorfik bant, 28 iPBS primeri kullanılarak 301 adet toplam ve 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir.

Yapılan diğer çalışmalara kıyasla bu çalışmada SRAP primer çiftlerinin polimorfik bant eldesinde daha düşük orana sahip olduğu gözlenmiştir. Ancak primer

sayısı arttırılarak SRAP primerleri ile elde edilen polimorfik bant sayısının arttırılabileceęi düşünölmektedir. Yapılan literatör çalıřmalarında iPBS primerleri ile hıyarda yapılan herhangi bir çalıřmaya rastlanmamıřtır. Bu çalıřmada kullanılan genotiplerde polimorfik bant üreten iPBS primerleri tespit edilmiřtir. Bu sonuçlar ileride hıyarda iPBS primerleri kullanılarak yapılacak çalıřmalarda yol gösterici olacaktır.



6.SONUÇLAR

Bu tez çalışması ile ülkemizde kendileme yoluyla geliştirilmiş 90 hat ve 6 ticari çeşidin morfolojik ve moleküler karakterizasyonları yapılmıştır. Yirmiyedi morfolojik karakter incelenmiş SRAP primer çifti ve iPBS primeri ile moleküler karakterizasyon tamamlanmıştır.

Çalışmada SRAP primer çifti ve iPBS primeri ile 96 hıyar genotipi taranmıştır. SRAP analizlerinde toplam 112 adet bant, 20 adet polimorfik bant sayısı skorlanmıştır. SRAP analizlerinde en fazla toplam bantı 10 adet ME1EM5 ve ME12EM8 primer çiftleri üretmiştir. En fazla polimorfik bantı 4 adet ME1EM5 primer çifti üretmiştir. iPBS analizlerinde 301 adet toplam bant ve 123 adet polimorfik bant elde edilmiştir. En fazla toplam bantı 14 toplam bantla iPBS2083, iPBS2085, iPBS2249, iPBS2251 primerleri vermiştir. En fazla polimorfik bant iPBS2232 primerinden skorlanmıştır. Bu veriler göre dendrogramda genellikle tarla tipi genotipler biraraya toplandıkları görülmüş ve dikenli tip ve tarla tiplerinin ayrı gruplarda yer aldıkları tespit edilmiştir.

Bu çalışmada hıyar hatlarında iPBS primerleri SRAP primerlerine göre daha çok sayıda toplam ve polimorfik bant üretmiş, genetik olarak birbirine benzer genotipler belirlenmiş ve diğer genotiplerin genetik olarak farklılıkları ortaya konulmuştur.

Bitki başına verim açısından meyve ağırlıkları en yüksek değer 4.27 kg ile 42 nolu hat (sofralık tipi genotipi) en düşük değer 1.68 kg ile 70 nolu hat (dikenli tipi genotipi) oldu. Ölçümlerde tarla tipi genotiplerin genellikle düşük verimli ve sofralık tipi genotiplerin ise yüksek verimli oldukları tespit edilmiştir. Meyve sayımlarında elde edilen en yüksek değer 78.8 adetle 34 nolu hat (badem tipi genotip), en düşük değer 13.8 adetle 70 nolu hat (dikenli tipi genotipte) olmuştur. Meyve sayısının badem ve dikenli tiplerde, tarla ve sofralık tiplerine göre daha yüksek olduğu ve tarla tiplerinin genelinde meyve sayısının düşük olduğu tespit edilmiştir. Meyve eti sertliği en yüksek 1.78 kg/cm² ile 52 nolu hat ve 95 nolu F₁ çeşitte (dikenli genotipler) belirlenmiştir. En düşük meyve eti sertliği ise 1.21kg/cm² ile 84 nolu hatta (sofralık tipi genotip) saptanmıştır. Dikenli tip genotiplerin meyve eti sertliklerinin daha yüksek olduğu tespit edilmiştir. Meyve boyu uzunluğunda en yüksek değer 20.3 cm ile 11 nolu hat (sofralık tipi genotipte), en düşük değer ise 6.8 cm ile 34 nolu hatta (badem tipi genotipte) ölçülmüştür. Tahmin edildiği gibi sofralık ve tarla tipi genotiplerin meyve boylarının badem ve dikenli tip genotiplere göre daha uzun oldukları saptanmıştır.

Bu çalışmada kullanılan genotiplerin; 18 genotipin (%18.75) dikenli tipte ve 12 genotipin (%12.75) tüylü tipte olduğu gözlemlerde belirlenmiştir. Bitki büyüme gücü 66 genotipte (%68.75) kuvvetli, 23 genotipte (%23.95) orta ve 7 genotipte (%7.29) zayıf olarak gözlenmiştir. Bitki boyu açısından en yüksek değer 2.09 m ile 70 nolu hat (dikenli tipi genotipi), en düşük değer 0.54 m ile 34 nolu hatta (badem tipi genotip) ölçülmüştür. Dikenli tipli genotiplerin genellikle daha uzun bitki boyuna, badem tiplerinde daha kısa bitki boyuna sahip olduğu tespit edilmiştir. Dişi çiçek gelişim zamanı bakımından 17 genotip (%17.70) erkenci, 69 genotip (%71.87) orta ve 10 genotip (%10.41) geççi olarak gözlenmiştir. Genotiplerin çoğunluğunun erkencilik skalasında orta seviyede olduğu görülmüştür. Bitki verimi bakımından şahit çeşitlerin üzerinde verim elde edilen hatların olduğu belirlenmiştir.

Sonuç olarak morfolojik ölçümlerden elde edilen sonuçlar doğrultusunda bitki başına verim, meyve sayısı, meyve sertliği ve erkencilik gibi hıyar ıslahında öneme sahip olan kriterler bakımından bazı hatların çalışmaya kontrol olarak dahil edilen ticari çeşitlerden daha iyi sonuçlar verdiği saptanmıştır. Bu hatların üstün özelliklere sahip yeni çeşitlerin geliştirilmesi için ıslah programlarına katkı sağlayacağı düşünülmektedir. Ayrıca moleküler analizler sonucunda genotiplerin genetik olarak birbirlerine yakınlık/uzaklıklarının ortaya konulması ileride yapılacak ıslah programlarında ebeveyn seçiminde yol gösterici olacaktır.



7.KAYNAKLAR

- Alfandi, M., Ji, Y., Shen, L., Qi, X., Xu, Q. ve Chena, X. 2010. Construction of Genetic Linkage Map and Localization of QTLs for Powdery Mildew Resistance in Cucumber (*Cucumis sativus* L.). School of Horticulture and Plant Protection Yangzhou University. *Acta Hort.*, 871 p.
- Al-Rawahi, M., Al-Said, F., Khan, I.A. ve Al-Khanjary, S. 2011. Diversity of cucumber accessions in Oman. *Int. J. Agric. Biol.*, 13: 505– 510.
- Andeden, E.E., Baloch, F.S., Derya, M., Kilian, B., Özkan, H. 2013. iPBS-Retrotransposons-based genetic diversity and relationship among wild annual Cicer species. *J. Plant Biochem. Biotechnol.*, 22(4):453–466.
- Anonim, 2017. Türkiye İstatistik Kurumu Bitkisel Üretim İstatistikleri <https://www.tuik.gov.tr>. [Son erişim tarihi: 03.12.2019].
- Anonim, 2018. Tarım ve Orman Bakanlığı <https://www.tarimorman.gov.tr/>. [Son erişim tarihi: 26.12.2019].
- Anonim, 2018. Tohum Sanayicileri ve Üreticileri Alt Birliği <https://www.tsuab.org.tr>. [Son erişim tarihi: 02.12.2019].
- Aneja, B., Yadav, N.R., Chawla, V., Yadav, R.C. 2012. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) molecular marker system and its applications in crop improvement. *Molecular Breeding.*, 30: 1635-1648.
- Aydemir, İ. 2009. Determination Of Genetic Diversity In Cucumber (*Cucumis sativus* L.) Germplasms. Yüksek Lisans Tezi, Graduate School of Engineering and Sciences of İzmir Institute of Technology, İzmir, 32s.
- Bayram, N. 2019. Tuz stresi ve geri kazanım sürecinde hıyarın morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal değişimlerinin incelenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Van, 171 s.
- Cavagnaro, P.F., Senalik, D.A., Yang, L., Simon, P.W., Harkins, T.T., Kodira, C.D., Huang, S. and Weng, Y. 2010. Genome-wide characterization of simple sequence repeats in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *BMC Genomics*, 11: 569.
- Chen, S., Meng, H., Chenga, Z., Li, Y., Shaanxi, Y. and Chai, D. 2010. Identification of Two SRAP Markers Linked to Green Skin Color in Cucumber. *Acta Hort.*, 859.41.
- Devran, Z., Firat, A.F., Tör, M., Mutlu, N. and Elekçioğlu, İ.H. 2011. AFLP and SRAP markers linked to the mj gene for root-knot nematode resistance in cucumber. *Sci. Agric.*, 68(1): 115-119.
- Dhiman, M.R. and Prakash, C. 2005. Correlation and path coefficient analysis in cucumber. *Haryana J. Horti. Sci.*, 34(1-2): 111-112.
- Doyle, J.J. and Doyle J.L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12:13-15.
- Ene, C.O., Ogbonna, P.E., Agbo, C.U. and Chukwudi U.P. 2016. Studies of phenotypic and genotypic variation in sixteen cucumber genotypes. *Chilean J. Agric. Res.*, 76(3), Chillán set.

- Erdoğan, F. 2016. Göller bölgesi yerel kavun genotiplerin toplanması ve morfolojik karakterizasyonu. Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi, Konya, 137 s.
- FAO, 2013. Food and agriculture organization of the United Nations [online], <http://www.fao.org> [Son erişim tarihi: 26.11.2019].
- FAO, 2016. Food and agriculture organization of the United Nations [online], <http://www.fao.org> [Son erişim tarihi: 03.12.2019].
- Filiz, E. ve Koç, İ. 2011. Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markörler. *GOÜ, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 28(2): 207-214.
- Gaikwad, A.G., Musmade, A.M., Dhumal. S.S., Sonawane, H.G. 2011. Variability studies in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Ecol Environ Conserv.*, 17: 799–802.
- Golabadi, M., Golkar, P. and Eghtedary A.R. 2012. Assessment of genetic variation in cucumber (*Cucumis sativus* L.) genotypes. *European Journal of Experimental Biology*, 2(5): 1382-1388.
- Gözen, V. 2008. Hıyarda (*Cucumis sativus* L.) örtü altı yetiştiriliciliğine uygun hibrit çeşit ıslahıda morfolojik karakterizasyon, hibrit kombinasyonları ile hibrit tohum verimi ve kalitesinin belirlenmesi. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 185 s.
- Güleç, T.E., Yıldırım, A. ve Sönmezoğlu, Ö.A. 2010. Bitkilerde markör destekli seleksiyon. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 3(2): 67-79, 2010.
- Gülşen, O. ve Mutlu, N. 2005. Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. *Alatarım* 2005, 4(2): 27-37.
- Horejsi, T. and Staub, J.E. 1999. Genetic variation in cucumber (*Cucumis sativus* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 46: 337–350.
- Innark, P., Khanobdeeb C., Samipaka S. ve Jantasuriyarata C. 2013. Evaluation of genetic diversity in cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm using agro-economic traits and microsatellite markers. *Scientia Horticulturae*, 162: 278–284.
- Kalendar, R., Antonius, K., Smykal, P. and Schulman, A.H. 2010. IPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. *Theor Appl Genet.*, 121: 1419-1430.
- Kaledar, R., Amenov, A. and Daniyarov, A. 2019. Use of retrotransposon-derived genetic markers to analyse genomic variability in plants. *Funct Plant Biol.*, 46(1): 15–29
- Khan, Z., Shah, A.H., Gul, R., Majid, A., Khan, U. and Ahmad, H. 2015. Morpho-agronomic characterization of cucumber germplasm for yield and yield associated traits. *International Journal of Agronomy and Agricultural Research (IJAAR)*, 6(1): 1-6.
- Koçak, A. ve İnal, B. 2017. Tarımsal biyoteknolojide mobil genetik elementlerin moleküler markör olarak kullanılması. *Turk J Agric Res.*, 4(3): 302-310.

- Köse, M.T. 2008. Türkiye acurlarının (*Cucumis Melo Var. Flexuosus*) genetik ve morfolojik karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Çukurova Üniversitesi, Adana, 90s.
- Kumar, A.D., Munshi, T.K., Behera, A., Talukdar, H., Choudhary, H. ve Dash, P. 2018. Assessment of Genetic Variability among 78 Cucumber (*Cucumis sativus* L.) Germplasm. *Rahul International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(5): 117-126 ISSN: 2319-7706.
- Li, G. and Quiros, C.F. 2001. Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP), A New Marker System Based on a Simple PCR: Its Application to Mapping and Gene Tagging in Brassica. *Theor Appl Genet*, 103: 455-461.
- Lim, T.K. 2012. Edible medicinal and non medicinal plants: Volume 2, Fruits. Springer Science+Business Media Dordrecht, Londra, 1036 p.
- Lv, J., Qi, J., Shi, Q., Shen, D., Zhang, S., Shao, G., Li, H., Sun, Z., Weng, Y. and Shang, Y. 2012. Genetic diversity and population structure of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *PLoS One*, 7: 1-9.
- McCreight, J.D., Staub, J.E., Wehner, T.C. and Dhillon, N.P.S. 2013. Gone global: familiar and exotic cucurbits have Asian origins. *HortScience*, 48: 1078–1089.
- Meng, H., Chen, S., Cheng, Z., Chai, D. and Li, Y. 2012. SRAP markers for fruit shape in cucumber. *Pak. J. Bot.*, 44(4): 1381-1384.
- Meglic, V., Serquen, F. and Staub, J.E. 1996. Genetic diversity in cucumber (*Cucumis sativus* L.): I. A reevaluation of the U.S. germplasm collection. *Genet. Res. Crop Evol.* 43: 533–546.
- Mohan, M., Nair, S., Bhagwat, A., Krishna, T.G., Yano M., Bhatia C.R. and Sasaki, T. 1997. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants. *Molecular Breeding*, 3: 87–103.
- Naegle, R.P. and Wehner, T.C. 2016. Genetic resources of cucumber. In *Genetics and genomics of the Cucurbitaceae*. Springer, pp. 61–86.
- Pal, S., Sharma, H.R., Thakur, A.K. and Dogra, R.K. 2018. Morpho-agronomic characterization of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm through principal component analysis. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(1): 2573-2577.
- Pandey, S., Ansari, W.A., Pandey, M. ve Singh, B. 2018. Genetic diversity of cucumber estimated by morpho-physiological and EST-SSR markers. *Physiol Mol Biol Plants*, 2018 Feb, 24(1): 135-146.
- Panyanitikoon, H., Khanobdee, C., Jantasuriyarat, C. and Samipaka, S. 2018. Genetic variation in cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm assessed using random amplified polymorphic DNA markers. *Agriculture and Natural Resources*, 52: 497-502.
- Qi, J., Liu, X., Shen, D., Miao, H., Xie, B., Li, X., Zeng, P., Wang, S., Shang, Y., Gu X., Du, Y., Li, Y., Lin, T., Yuan, J., Yang, X., Chen, J., Chen, H., Xiong, X., Huang, K., Fei, Z., Mao, L., Tian, L., Städler, T., Renner, S.S., Kamoun, S., Lucas, W.J., Zhang, Z. and Huang, S. 2013. A genomic variation map provides

- insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nat. Genet.*, 45: 1510–1515.
- Ren, Y., Zhang, Z., Liu, J., Staub, J.E., Han, Y. and Cheng, Z. 2009. An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome. *PLoS One*, 4(6): e5795.
- Sarı, N., Tan, A., Yanmaz, R., Yetişir, H., Balkaya, A., Solmaz, I. and Aykas, L. 2008. General status of cucurbit genetic resources in Turkey. *Cucurbitaceae 2008, Proceedings of the IXth EUCARPIA meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae (Pitrat M, ed), INRA, Avignon (France), May 21-24th*.
- Sebastian, P., Schaefer, H., Telford, I.R., Renner, S.S. 2010. Phylogenetic relationships among domesticated and wild species of Cucumis (Cucurbitaceae): The sister species of melon is from Australia. *Proc Natl Acad Sci*, 107:14269-14273.
- Sharma, B.D. and Hore, D.K. 1996. Indian cucumber germplasm and challenges ahead. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 43: 7-12.
- Valcárcel, J.V., Peiró, R.M., Pérez-de-Castro, A. and Diez, M.J. 2018. Morphological characterization of the cucumber (*Cucumis sativus* L.) collection of the COMAV's Genebank. *Genet Resour Crop Evol*, 65: 1293-1306.
- Veena, R., Sidhu, A.S., Pitchaimuthu, M. and Souravi, K. 2012. Genetic evaluation of Cucumber (*Cucumis sativus* L.) genotypes for some yield and related traits. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 3(3): 945-948.
- Wang, G., Pan, J., Li, X., He, H., Wu, A. and Cai, R. 2005. Construction of a cucumber genetic linkage map with SRAP markers and location of the genes for lateral branch traits. *Science in China Ser. C Life Sciences*, 48(3): 213-220.
- Wang, Y. 2017. Genetic Architecture of Downy Mildew (*Pseudoperonospora cubensis*) Resistance in Cucumber (*Cucumis sativus* L.). Ph.D. Thesis, University of Wisconsin-Madison, Madison, 248 p.
- Whitaker, T.W. and Davis, G.N. 1962. Cucurbits: botany, cultivation, and utilization. Interscience Publishers, Londra, 27 p.
- Yağcıoğlu, M. 2018. Hıyarda (*Cucumis sativus* L.) tohum iriliği ile düşük sıcaklıkta çimlenme yeteneğine karşılıklı melezleme ve genomik bağlantı analizi QTL haritalması. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi, Ankara, 251s.
- Yang, L., Koo, D., Li, Y., Zhang, X., Luan, F., Havey, M., Jiang, J. and Weng, Y. 2012. Chromosome rearrangements during domestication of cucumber as revealed by high-density genetic mapping and draft genome assembly. *Plant J.*, 71: 895-906.
- Yeboah, M.A., Xuehao, C., Feng, C.R., Liang, G. and Gu, M. 2007. A genetic linkage map of cucumber (*Cucumis sativus* L) combining SRAP and ISSR markers. *African Journal of Biotechnology*, 6(24): 2784-2791.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E. ve Erkoyuncu. 2015. Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*.
- Yuan, X.J., Li, X.Z., Pan, J.S., Wang, G., Jiang, S., Li, X.H., Deng, S.L., He, H.L., Si, M.X., Lai, L., Wu, A.Z., Zhu, L.H. and Cai, R. 2008. Genetic linkage map construction and location of QTLs for fruit-related traits in cucumber. *Plant Breeding*, 127: 180-188.

- Zhang, W., He, H., Guan, Y., Du, H., Yuan, L., Li, Z., Yao, D., Pan, J. and Cai, R. 2010. Identification and mapping of molecular markers linked to the tuberculate fruit gene in the cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theor Appl Genet.*, 120: 645–654.



EK-1: SRAP BENZERLİK İNDEKSİ

60

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

EK-2: İPBS BENZERLİK İNDEKSİ

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	1,00E+00															
2	7,97E-01	1,00E+00														
3	6,81E-01	7,68E-01	1,00E+00													
4	7,39E-01	7,39E-01	6,52E-01	1,00E+00												
5	5,80E-01	7,25E-01	6,09E-01	7,83E-01	1,00E+00											
6	6,52E-01	7,54E-01	7,68E-01	7,25E-01	6,81E-01	1,00E+00										
7	7,68E-01	8,41E-01	6,67E-01	7,68E-01	6,52E-01	6,96E-01	1,00E+00									
8	7,68E-01	8,41E-01	7,39E-01	7,39E-01	6,23E-01	6,96E-01	8,70E-01	1,00E+00								
9	7,25E-01	8,12E-01	7,54E-01	8,12E-01	7,39E-01	7,25E-01	7,10E-01	7,25E-01	1,00E+00							
10	6,23E-01	6,96E-01	5,80E-01	5,94E-01	7,25E-01	6,23E-01	6,81E-01	6,52E-01	6,09E-01	1,00E+00						
11	6,81E-01	6,96E-01	6,09E-01	6,81E-01	5,51E-01	6,38E-01	7,39E-01	6,81E-01	7,25E-01	6,38E-01	1,00E+00					
12	5,94E-01	7,25E-01	6,09E-01	5,80E-01	7,10E-01	5,94E-01	6,38E-01	6,09E-01	6,81E-01	8,41E-01	5,94E-01	1,00E+00				
13	6,67E-01	8,12E-01	6,38E-01	6,67E-01	5,94E-01	6,52E-01	7,68E-01	7,10E-01	7,10E-01	6,81E-01	6,96E-01	8,41E-01	1,00E+00			
14	6,52E-01	7,68E-01	6,52E-01	7,10E-01	6,09E-01	6,67E-01	7,83E-01	6,81E-01	7,83E-01	6,38E-01	7,68E-01	7,39E-01	8,41E-01	1,00E+00		
15	5,36E-01	6,96E-01	5,80E-01	5,94E-01	7,54E-01	6,09E-01	6,52E-01	5,94E-01	6,67E-01	7,97E-01	6,67E-01	7,83E-01	6,81E-01	7,25E-01	1,00E+00	
16	5,80E-01	6,81E-01	5,65E-01	6,09E-01	5,36E-01	5,65E-01	6,38E-01	6,09E-01	6,67E-01	5,51E-01	6,52E-01	6,52E-01	7,54E-01	7,39E-01	6,38E-01	1,00E+00
17	6,67E-01	7,83E-01	6,38E-01	7,10E-01	6,23E-01	6,38E-01	7,68E-01	7,39E-01	6,81E-01	5,65E-01	7,10E-01	5,94E-01	7,10E-01	7,25E-01	7,10E-01	6,67E-01
18	6,09E-01	7,54E-01	5,80E-01	6,23E-01	5,94E-01	5,51E-01	7,39E-01	6,96E-01	6,81E-01	6,23E-01	6,67E-01	6,96E-01	7,68E-01	8,12E-01	7,10E-01	8,12E-01
19	6,09E-01	7,83E-01	5,80E-01	6,96E-01	6,52E-01	5,80E-01	7,39E-01	6,81E-01	5,94E-01	6,96E-01	6,67E-01	7,97E-01	7,97E-01	7,10E-01	8,26E-01	6,67E-01
20	5,94E-01	6,96E-01	5,80E-01	6,52E-01	5,80E-01	5,94E-01	6,81E-01	6,23E-01	6,81E-01	5,94E-01	7,25E-01	6,96E-01	7,97E-01	7,54E-01	6,52E-01	8,12E-01
21	6,09E-01	7,10E-01	5,94E-01	6,67E-01	5,94E-01	6,09E-01	6,96E-01	6,38E-01	6,96E-01	6,09E-01	7,39E-01	7,10E-01	8,12E-01	7,68E-01	6,67E-01	7,97E-01
22	6,09E-01	7,39E-01	5,94E-01	6,67E-01	5,94E-01	6,09E-01	7,25E-01	6,67E-01	6,96E-01	6,09E-01	7,10E-01	7,10E-01	8,41E-01	7,97E-01	6,96E-01	7,97E-01
23	7,68E-01	8,12E-01	6,67E-01	7,83E-01	6,52E-01	6,96E-01	8,55E-01	7,39E-01	7,39E-01	7,39E-01	8,12E-01	7,54E-01	8,55E-01	8,70E-01	7,10E-01	7,25E-01
24	6,96E-01	7,97E-01	6,23E-01	7,10E-01	6,38E-01	7,25E-01	8,12E-01	6,96E-01	7,25E-01	6,67E-01	7,68E-01	7,10E-01	8,41E-01	8,84E-01	6,96E-01	6,81E-01
25	7,68E-01	8,12E-01	6,81E-01	7,68E-01	6,23E-01	7,10E-01	8,12E-01	7,25E-01	7,97E-01	6,67E-01	7,83E-01	7,54E-01	8,55E-01	8,70E-01	7,54E-01	7,54E-01
26	7,25E-01	8,12E-01	6,67E-01	7,25E-01	6,23E-01	6,81E-01	7,68E-01	7,10E-01	7,68E-01	7,10E-01	7,83E-01	8,12E-01	9,13E-01	8,99E-01	7,10E-01	8,12E-01
27	7,25E-01	8,41E-01	6,38E-01	7,10E-01	6,09E-01	6,52E-01	7,97E-01	7,10E-01	7,83E-01	6,81E-01	7,83E-01	7,54E-01	8,84E-01	8,99E-01	7,10E-01	7,54E-01
28	7,54E-01	8,41E-01	6,67E-01	7,25E-01	5,94E-01	6,52E-01	7,97E-01	7,39E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,83E-01	7,83E-01	9,13E-01	8,99E-01	6,81E-01	7,83E-01
29	7,83E-01	8,26E-01	6,81E-01	7,68E-01	6,38E-01	6,81E-01	8,41E-01	7,54E-01	7,54E-01	7,25E-01	8,26E-01	7,39E-01	8,41E-01	8,55E-01	6,96E-01	7,39E-01
30	7,68E-01	7,83E-01	6,38E-01	7,68E-01	6,09E-01	6,96E-01	8,26E-01	7,39E-01	7,54E-01	7,68E-01	8,41E-01	7,54E-01	8,55E-01	8,41E-01	6,81E-01	7,25E-01
31	7,10E-01	7,54E-01	5,94E-01	7,10E-01	5,80E-01	6,09E-01	7,54E-01	7,68E-01	7,54E-01	6,96E-01	7,68E-01	7,10E-01	7,97E-01	7,97E-01	5,80E-01	6,96E-01
32	7,54E-01	7,68E-01	6,52E-01	8,26E-01	6,67E-01	6,67E-01	7,83E-01	7,25E-01	8,12E-01	7,10E-01	8,12E-01	7,10E-01	8,12E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,39E-01
33	7,39E-01	7,39E-01	6,52E-01	7,54E-01	5,80E-01	6,52E-01	8,70E-01	7,83E-01	7,25E-01	6,96E-01	7,68E-01	7,10E-01	8,12E-01	8,26E-01	6,67E-01	7,10E-01
34	6,81E-01	7,39E-01	6,81E-01	7,10E-01	6,23E-01	7,10E-01	8,41E-01	7,68E-01	7,10E-01	7,25E-01	7,97E-01	7,10E-01	8,12E-01	7,97E-01	7,25E-01	7,10E-01
35	7,39E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,54E-01	6,52E-01	6,96E-01	8,84E-01	7,54E-01	7,25E-01	7,25E-01	7,68E-01	7,25E-01	8,26E-01	8,41E-01	7,10E-01	7,25E-01
36	7,25E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,68E-01	6,67E-01	7,10E-01	8,99E-01	7,68E-01	7,25E-01	7,39E-01	7,83E-01	7,25E-01	8,26E-01	8,41E-01	7,10E-01	7,25E-01
37	7,68E-01	7,83E-01	6,09E-01	7,39E-01	5,65E-01	6,38E-01	9,13E-01	8,12E-01	6,81E-01	7,25E-01	7,68E-01	6,81E-01	8,12E-01	7,97E-01	6,38E-01	6,52E-01
38	6,23E-01	7,39E-01	6,23E-01	6,81E-01	5,51E-01	6,52E-01	6,96E-01	6,38E-01	7,54E-01	6,81E-01	6,96E-01	7,25E-01	7,97E-01	8,55E-01	6,67E-01	6,52E-01
39	6,67E-01	7,83E-01	6,38E-01	7,10E-01	5,80E-01	6,81E-01	7,25E-01	6,67E-01	7,83E-01	7,25E-01	7,10E-01	7,68E-01	8,41E-01	8,84E-01	6,96E-01	6,81E-01
40	6,96E-01	8,12E-01	6,67E-01	7,39E-01	6,09E-01	7,10E-01	7,54E-01	6,96E-01	8,12E-01	7,25E-01	7,10E-01	7,68E-01	8,41E-01	8,84E-01	6,96E-01	6,81E-01
41	6,81E-01	8,26E-01	7,10E-01	6,96E-01	6,23E-01	7,25E-01	7,10E-01	7,10E-01	7,97E-01	7,68E-01	7,25E-01	8,12E-01	8,55E-01	8,41E-01	7,10E-01	7,54E-01
42	7,68E-01	8,26E-01	6,81E-01	7,39E-01	6,09E-01	6,67E-01	7,83E-01	7,25E-01	8,12E-01	6,96E-01	7,97E-01	7,97E-01	8,99E-01	8,84E-01	6,67E-01	7,97E-01
43	4,93E-01	6,38E-01	4,64E-01	5,22E-01	5,65E-01	5,65E-01	5,65E-01	5,07E-01	5,94E-01	7,10E-01	5,51E-01	7,54E-01	6,52E-01	6,96E-01	8,26E-01	6,96E-01
44	5,94E-01	7,54E-01	5,80E-01	5,94E-01	7,54E-01	6,23E-01	6,81E-01	6,23E-01	6,67E-01	6,96E-01	6,96E-01	8,12E-01	7,10E-01	7,83E-01	9,13E-01	6,09E-01
45	6,38E-01	7,68E-01	8,26E-01	6,23E-01	5,80E-01	6,23E-01	7,10E-01	6,96E-01	6,96E-01	6,09E-01	6,81E-01	6,23E-01	7,25E-01	7,68E-01	6,96E-01	6,23E-01
46	5,80E-01	7,39E-01	6,23E-01	6,23E-01	6,38E-01	7,10E-01	6,81E-01	6,38E-01	7,10E-01	6,52E-01	7,25E-01	6,38E-01	7,39E-01	8,12E-01	7,10E-01	6,67E-01
47	5,94E-01	7,68E-01	6,23E-01	5,65E-01	7,25E-01	5,80E-01	6,67E-01	6,38E-01	6,38E-01	7,83E-01	5,94E-01	8,26E-01	7,25E-01	7,10E-01	8,41E-01	6,23E-01
48	6,38E-01	8,12E-01	7,25E-01	6,52E-01	6,38E-01	6,67E-01	7,54E-01	7,10E-01	7,39E-01	6,67E-01	7,68E-01	6,81E-01	7,83E-01	8,26E-01	8,12E-01	7,10E-01
49	6,23E-01	8,12E-01	6,38E-01	5,80E-01	7,39E-01	5,94E-01	7,10E-01	6,81E-01	6,52E-01	7,97E-01	6,38E-01	8,12E-01	7,10E-01	7,25E-01	8,55E-01	6,38E-01
50	5,22E-01	6,52E-01	5,51E-01	5,22E-01	6,52E-01	5,22E-01	6,09E-01	5,80E-01	5,94E-01	7,25E-01	6,23E-01	6,96E-01	5,94E-01	6,38E-01	8,84E-01	5,51E-01
51	5,80E-01	7,39E-01	6,23E-01	6,09E-01	5,36E-01	6,23E-01	6,81E-01	6,52E-01	6,52E-01	6,52E-01	6,67E-01	6,38E-01	7,10E-01	7,83E-01	7,10E-01	7,54E-01
52	5,80E-01	7,10E-01	6,23E-01	6,96E-01	6,23E-01	6,23E-01	6,52E-01	6,23E-01	6,52E-01	6,52E-01	6,67E-01	6,38E-01	6,81E-01	7,54E-01	6,81E-01	7,68E-01
53	5,80E-01	6,96E-01	6,96E-01	5,22E-01	6,52E-01	5,07E-01	6,38E-01	6,23E-01	5,65E-01	7,10E-01	5,80E-01	7,54E-01	6,52E-01	6,38E-01	7,10E-01	6,09E-01
54	4,78E-01	5,80E-01	6,38E-01	4,35E-01	5,65E-01	4,35E-01	5,51E-01	5,36E-01	5,07E-01	5,94E-01	5,51E-01	6,38E-01	5,65E-01	6,09E-01	7,39E-01	5,80E-01
55	6,96E-01	7,97E-01	7,10E-01	7,39E-01	6,38E-01	7,25E-01	7,83E-01	7,68E-01	7,54E-01	7,25E-01	7,68E-01	7,68E-01	8,41E-01	8,55E-01	6,67E-01	7,97E-01
56	7,83E-01	8,26E-01	6,52E-01	7,39E-01	6,09E-01	6,67E-01	8,12E-01	7,54E-01	7,54E-01	7,25E-01	8,26E-01	7,39E-01	8,41E-01	8,26E-01	6,38E-01	7,68E-01
57	7,25E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,68E-01	6,67E-01	7,25E-01	8,12E-01	7,54E-01	7,83E-01	6,96E-01	7,68E-01	7,68E-01	8,70E-01	8,55E-01	6,67E-01	7,97E-01
58	6,96E-01	7,68E-01	6,81E-01	7,39E-01	6,09E-01	6,96E-01	7,54E-01	7,54E-01	7,54E-01	6,96E-01	7,68E-01	7,39E-01	8,12E-01	8,55E-01	6,38E-01	7,68E-01
59	6,96E-01	7,83E-01	6,96E-01	7,25E-01	5,94E-01	6,81E-01	7,39E-01	7,25E-01	7,97E-01	6,81E-01	7,54E-01	7,83E-01	8,55E-01	8,99E-01	6,52E-01	8,12E-01
60	6,52E-01	7,54E-01	6,67E-01	7,25E-01	6,23E-01	7,10E-01	7,68E-01	7,39E-01	7,39E-01	7,10E-01	7,25E-01	7,83E-01	8,55E-01	8,70E-01	6,52E-01	7,83E-01
61	7,10															

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

71

ÖZGEÇMİŞ

İbrahim TUNCER

İbrahim_tuncer_07@hotmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2015-2020	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2008-2013	Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Antalya