



Validity Determination of Some Molecular Markers Used in Melon Breeding

Mürşide HATİPOĞLU^{*1}, Suat ŞENSOY²

¹Van Yüzüncü Yıl University, Institute of Natural and Applied Sciences, Horticultural Sciences, Van Türkiye

²Van Yüzüncü Yıl University, Faculty of Agriculture, Department of Horticulture, Van Türkiye

¹<https://orcid.org/0000-0002-1514-8951>, ²<https://orcid.org/0000-0001-7129-6185>

*Corresponding author e-mail: mursidehatipoglu2017@gmail.com

Article Info

Received: 04.02.2022

Accepted: 26.05.2022

Online Published: 15.06.2022

DOI: 10.29133/yyutbd.1068346

Keywords

CAPS,
Cucumis melo L.
Melon,
MAS,
SCAR

Abstract: The present work aimed to validate some molecular markers (AM, FM, Fom2-R408, Fom2-S342, SCAPB051046, SCOPE14541, T1, T1ex, M3A and M3a SCAR markers and Fom1R-Fom1S, CAPS-Dde I, CAPS2, CAPS3 and EX1-C170T CAPS markers) developed for melon breeding in the literature on some melon cultivars and genotypes in Turkey with the aid of marker-assisted selection. For this purpose, these molecular markers developed for resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* (FOM), Cucumber mosaic virus (CMV) and powdery mildew or sex determination have been tested. AM, FM, Fom2-R408 and Fom2-S342, (SCAR) and Fom1R-Fom1S, CAPS2, and CAPS3 (CAPS) markers for FOM; SCAPB051046 and SCOPE14541, (SCAR) for CMV; CAPS-Dde I for powdery mildew; T1, T1ex, CAPS EX1-C170T, M3a and M3A markers for sex determination were employed. These selected markers were examined in 24 melon genotypes, 11 of which were commercial F1 cultivars. The results were obtained from FM, Fom2-R408 and Fom2-S342 SCAR markers and Fom1R-Fom1S CAPS marker for *Fusarium* wilt disease and SCAR SCOPE14541 for CMV. In this context, it is seen that the resultant SCAR and CAPS markers could be used effectively in MAS studies.

To Cite: Hatipoğlu, M, Şensoy, S, 2022. Validity Determination of Some Molecular Markers Used in Melon Breeding. *Yuzuncu Yil University Journal of Agricultural Sciences*, 32(2): 424-435. DOI: <https://doi.org/10.29133/yyutbd.1068346>

Footnote: This article is produced from the master thesis of first Author.

Kavun Islahında Kullanılan Bazı Moleküler Belirteçlerin Geçerliliğinin Tespiti

Makale Bilgileri

Geliş: 24.02.2022

Kabul: 26.05.2022

Online Yayınlanma: 15.06.2022

DOI: 10.29133/yyutbd.1068346

Anahtar Kelimeler

CAPS,
Cucumis melo L.
Kavun,
MAS,

Öz: Bu çalışmada, literatürde kavunda geliştirilen AM, FM, Fom2-R408, Fom2-S342, SCAPB051046, SCOPE14541, T1, T1ex, M3A, M3a, SCAR belirteçleriyle; Fom1R-Fom1S, CAPS-Dde I, CAPS2, CAPS3, EX1-C170T CAPS belirteçlerinin, markör destekli seleksiyon yardımıyla ülkemizdeki bazı kavun çeşitleri ve genotipleri üzerinde geçerliliğini tespit etmek amaçlanmıştır. Bu amaçla *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* (FOM), hıyar mozaik virüsü (CMV), külleme hastalığı ve cinsiyet tanımlanması için geliştirilmiş olan bu moleküler belirteçler test edilmiştir. FOM için; AM, FM, Fom2-R408, Fom2-S342, (SCAR) ile Fom1R-Fom1S, CAPS2, CAPS3, (CAPS) belirteçleriyle testleme yapılmıştır. CMV için; SCAPB051046, SCOPE14541, (SCAR), külleme için, CAPS-Dde I, cinsiyet belirleme için T1, T1ex, CAPS EX1-C170T, M3a, M3A markörleri

SCAR

kullanılmıştır. Bu seçilen belirteçlerin, 11'i F1 çeşit olmak üzere ve bazı egzotik tipleri de içeren toplam 24 kavun genotipinde etkinliği incelenmiştir. Çalışılan belirteçlerden *Fusarium solgunluğu* için, SCAR; FM, Fom2-R₄₀₈, Fom2-S₃₄₂ ve CAPS Fom1R-Fom1S, CMV için SCAR SCOPE14₅₄₁ markörlerinden sonuç alınabilmektedir. Bu bağlamda sonuç alınan SCAR ve CAPS belirteçlerinin kavunda MAS çalışmalarında etkin bir şekilde kullanılabilmesi öngörülmüştür.

1. Giriş

Cucurbitaceae familyasının *Cucumis* cinsine giren *Cucumis melo* L. türü olarak sınıflandırılan kavun, dünya çapında ticari değeri nedeniyle tarımsal açıdan en önemli ekonomik Cucurbitaceae türlerinden biridir (McCreight ve ark., 1993; Şensoy, 2005; Cakmakci et al., 2017). Kavun genotipleri arasında büyük bir çeşitlilik olduğu tespit edilmiştir (Pitrat ve ark., 2000; Sensoy ve ark., 2007a). Türkiye yerel kavun genotipleri ile Türkiye'de farklı kurumlarda toplanma ve karakterizasyon çalışmaları yürütülmektedir (Sensoy ve ark., 2007a). Dünya kavun üretiminde ise Çin 17.082.608 milyon ton üretimiyle ilk sırada yer alırken, Çin'i sırasıyla Türkiye 1.813.422 milyon ton ile ve İran 1.591.414 milyon ton ile takip etmektedir (Faostat, 2019).

Bitkiler yaşadıkları ortamda çeşitli hastalık ve zararlı etmenler (virüs, bakteri, fungus, nematod vb.) tarafından saldırıya uğramaktadırlar (Baker ve ark., 1997). Kavun hastalıkları arasında toprak kökenli patojenler ve bunlardan biri olan *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* (FOM)'in neden olduğu kök çürüklüğü ve solgunluk hastalığı ilk sırada yer almaktadır. Hastalığın 0, 1, 2 ve 1-2 olmak üzere farklı 4 ırkı olup, ülkemizde yaygın olarak görülmektedir. Hastalığın kalıtımında Fom-1 ve Fom-3 genleri 0 ve 2 ırklarına karşı Fom-2 geni ise 0 ve 1 ırklarına karşı dayanıklılık sağlamaktadır. *Fusarium* % 100 kayıplara neden olan epidemiler oluşturabilmektedir (Zitter, 1999). Hastalıkla mücadelede en pratik ve etkin metot dayanıklı çeşitlerin üretimde kullanılmasıdır (Martyn ve Gordon, 1997). Biyotik etmenler içerisinde boyutu, kimyasal ve fiziksel yapısı, enfeksiyon şekli, bitki içerisindeki çoğalması, taşınması, semptom oluşturması ve etkin bir mücadelesinin olmayışı gibi yönleri ile virüs hastalıklarının özel bir önemi vardır (Agrios, 1997). CMV (Hıyar mozaik virüsü), tüm dünyada yetiştirilen ürünlerde hastalık gelişimine ve zararlara neden olmaktadır (Zitter ve Murphy, 2009). Virüs bitkilerin yapraklarında hafiften şiddetliye doğru değişen mozaik, yaprak deformasyonları ile ya da sadece bodurlaşma, yapraklarda eğrelti otu şeklinde yaprak deformasyonlarına yol açmaktadır (Kearney ve ark., 1990). Öncelikle yaprağın üst yüzeyinde parça parça, nispeten yuvarlak lekeler belirir, sonradan bu lekeler birleşerek yaprağın her iki yüzeyini, yaprak sapını ve gövdeyi kaplar. Yapraklar kuruyup dökülür ve bitkide gelişme durur. Bunun sonucunda ürün kaybı meydana gelir (Anonim, 2022). Bu hastalık etmenlerinden dolayı ticari firmalar bu hastalıklara dayanıklı genleri MAS yardımıyla kültür çeşitlerine aktararak bu verim kaybını önlemeyi amaçlamışlardır. Ayrıca, kavunda cinsiyet belirlemede monoik ve andromonoik bitkilerin erken aşamada belirlenmesi, ıslah programlarının etkin bir şekilde yürütülmesini sağlamaktadır.

Geliştirilen markörler ile ıslah programlarında dayanıklılık özelliğini taşıyan bireyler belirlenebilmektedir. Islah çalışmalarında, hastalığa dayanımı sağlayan gene yakın moleküler markörlerin kullanımı, daha kısa sürede ve daha güvenilir sonuçlar elde etmemizi sağlamaktadır (Oumouloud ve ark., 2008). Moleküler belirteçler, son yıllarda kavun çeşitliliği araştırmalarında giderek daha fazla kullanılmaktadır (Sensoy ve ark., 2007a,b; Erdinc ve ark., 2013; Ibrahim ve Erdinc, 2020). Bu amaçla, ülkemizde de sebze ıslahında birçok ıslahçı markör yardımcı seleksiyon (MAS) çalışmalarıyla moleküler markörlerden yararlanılmaktadır (Pinar ve ark., 2013). RAPD belirteçleri, kavun genotipleri arasındaki genetik benzerliğin çözümlenmesinde başarılı olmuş ve diğer moleküler DNA markörleri ile uyumlu olduğu anlaşılmıştır (Sensoy ve ark., 2007a; Yıldız ve ark., 2011). Bir bitkiyi veya bitki grubunu morfolojik anlamda diğerlerinden ayıran özellikler morfolojik belirteç (marker, markır, markör, vb.) olarak değerlendirilir. Meyve kabuğu, çiçeğin şekli, yaprağın şekli, bitki, meyve ve tohum gibi özellikler bu grup markörleri meydana getirir (Gülşen ve Mutlu, 2005). Morfolojik tanının bazı durumlarda etmenlerin belirlenmesinde tek başına yeterli olmaması, araştırmacıları moleküler düzeyde tanıya sevk etmiştir (Hosseinalizadeh ve ark., 2021). Morfolojik markörler yerine moleküler markörlerin kullanılması bitki ıslahçılarına daha yüksek etkinlikle çalışma imkanı vermektedir (Üstün ve ark., 1996). DNA temelli markör teknolojisiyle birlikte ıslahçılar Mendelci genetik yaklaşımı ıslah programının tamamlayıcısı olarak kullanabilmekte ve bu sayede kısa sürede yeni bir çeşit

geliştirebilmektedir. DNA belirteçleri, bitkilerin genetik çeşitliliğin araştırılmasında, yakın türlerin, çeşitlerin belirlenmesi ve tanımlanmasında araştırmacılara yoğun çalışma imkanı veren güçlü bir metottur (Akakaçar, 2001). İslah programlarında istenilen genle bağlantılı markörlerin kullanılmasının potansiyel faydaları yön değiştirmiş ve araştırmacılar 1970'lerin sonuna doğru DNA markörlerinin geliştirilmesiyle yeni bir çalışma alanı ortaya çıkmıştır (Grube ve ark., 2000).

Belirtilen hastalıklara karşı ürün kaybını önlemek için yapılan kimyasal ve kültürel önlemler yetersiz kaldığı ve dezavantajlarının görüldüğü noktada dayanıklı çeşit geliştirme metodları ön plana çıkmıştır. Dayanıklılık çeşit geliştirmede kullanılan yöntemlerden olan klasik ıslah yöntemlerine göre daha kısa zamanda, etkili güvenilir ve maliyetinin düşük olmasıyla MAS yöntemi klasik ıslah yöntemine destek olmaktadır. Bu çalışmada Türkiye'deki kavun çeşitlerinde dayanıklı çeşit geliştirmede kullanılan belirteçlerin (markörlerin, işaretleyicilerin) çalışıp, çalışmadığı ve ıslah çalışmalarına kolaylık sağlayıp, sağlayamayacağı etkin bir şekilde kontrol edilmeye çalışılmıştır.

2. Materyal ve Yöntem

Çalışmada, 11 F₁ hibrit kavun (Şıra F₁, Serin F₁, Balözü F₁, Napolyon F₁, Digital F₁, VCR-601 F₁, Polidor F₁, Dragon F₁, Favori F₁, Medetli F₁, Galina F₁ ile 13 standart ve egzotik kavun genotipiyle (CU-129, CU-305, Y15 Isabelle, Y63, CU-269, T4 Hasanbey, Y9, Topatan Kavunu, Dövlek Muz Kavunu, Musakka Kavunu, Çilli Kavun, Beyaz Gönen Kavunu ve T6 Acır) toplamda 24 genotip kullanılmıştır. Çalışmada Fusarium solgunluğu, cinsiyet, CMV ve külleme için 10 SCAR markörü ve 5 CAPS markörü olmak üzere toplam 15 markör çifti (AM, FM, Fom2-R₄₀₈, Fom2-S₃₄₂, SCAPB05₁₀₄₆, SCOPE14₅₄₁, T1, T1ex, M3A, M3a SCAR Fom1R-Fom1S, CAPS-Dde I, CAPS2, CAPS3 ve EX1-C170T CAPS) kullanılmıştır. Çeşitli bölgelerden temin edilen yerli ve hibrit çeşitlere ait tohumlar iklim odasında gruplandırılarak saksılara ekilmiştir. Yaklaşık 15-20 gün sonra bitkiler 2-3 gerçek yaprak dönemindeyken genç yapraklardan örnek alınmıştır. DNA izolasyonu için yaprak örnekleri alınarak liyoflizatöre konulmuştur. Düşük basınçta liyoflize edilen yapraklar öğütülerek toz haline getirilip, izolasyon aşamasına geçilmiştir. Kavun yapraklarından DNA izolasyonu Doyle ve Doyle (1990)'a göre modifiye edilmiş olan CTAB metoduna göre yapılmıştır. Reaksiyon ortamı için gereken kalıp DNA, DNA'ya yapışacak sentetik markörler, DNA'nın çoğaltılması için gerekli enzim olan Taq polimeraz, Taq polimerazın kofaktörü olan MgCl₂, ddH₂O eklenmesiyle PCR reaksiyonu hazırlanmıştır (Çizelge 1). PCR ürünlerinin görüntülenmesi için agaroz jel elektroforezi ve kapiller elektroforez olmak üzere iki farklı sistemden faydalanılmıştır. PCR ürünleri % 2.5'lik agaroz jelde 120 V 3.5 saat süreyle agaroz jel elektroforezinde yürütülmüştür. Çalışma kapsamında fusarium solgunluğu, hıyar mozaik virüsü, külleme hastalığı ve cinsiyet belirlemede kullanılan bazı SCAR ve CAPS markörlerinin 11'i F₁ çeşit olmak üzere ve bazı egzotik tipleri de içeren toplam 24 kavun genotipinde etkinliği araştırılmıştır. SCAR ve CAPS markör yöntemi çalışmamızda belirlenen hastalıklara ve cinsiyet belirlemelerine göre sekansa özgü markörler PCR ortamında çoğaltılmasıyla gerçekleşmiştir. CAPS markör tekniğinde gen spesifik markör çiftleriyle PCR ortamında çoğaltılan amplifikasyon ürünleri kesme enzimleri ile kesme sağlanmıştır (Jiang ve ark., 1997).

Çizelge 1. PCR reaksiyonu

Kullanılan Kimyasallar	Her örnek için Kullanılan Miktar (µl)
ddH ₂ O	6.3
TBE Buffer	2
MgCl ₂	2.5
dNTP	2
Primer (forward ve reverse)	5+5
Taq	0.2
DNA	2
Toplam Hacim	25

3. Bulgular ve Tartışma

Fungal patojenin ırk 0 ve 1'e direnç içeren Fom-2 genleriyle bağlantılı markörlerini tanımlamak için geliştirilen ko-dominant SCAR FM markörü 24 kavun genotipi üzerinde analiz edilmiştir. Bu ko-dominant markörün dayanıklılık bantı 564 bç'de görüntü vermiştir (Şekil 1). Onbir F₁ ticari kavun çeşidinde 1 adet duyarlı, 4 adet dayanıklı, 4 adet heterozigot bant elde edilirken, 2 adet F₁ çeşidinde bant elde edilmemiştir. Yerli ve egzotik kavun genotiplerinde 5 adet duyarlı, 4 adet dayanıklı 2 adet ise heterozigot olarak toplam 11 F₁ çeşitten bant elde edilirken, 2 yerli çeşitten bant elde edilmemiştir (Çizelge 2). Aynı zamanda 24 kavun genotipinin hastalıklara dayanımlarıyla elde edilen sonuçlar birbiriyle karşılaştırılmıştır. Wang ve ark. (2000), yaptıkları çalışmada direnç genine bağlantılı moleküler markörleri tanımlayarak direnç genotiplerinin seçimi için önemli bir araç olabildiğini ortaya koymuşlardır. Fom-2 genleriyle bağlantılı markörleri tanımlamak için AFLP'den bu iki dominant (FM, AM) markör, ebeveynler arasında polimorfizm uzunluğu üreterek spesifik PCR primerlerinin dizayn edilmesiyle SCAR ko-dominant markörlere dönüştürmüşlerdir. Fom-2 ile bağlantılı olan SCAR markörleri tanımlamak için 200 ECORI/MseI ve 240 PstI/MseI primer kombinasyonlarını kullanarak 564 bç'de dayanıklı genotipler görüntülenmiştir. Kırkbeş genotipin direnç fenotipleri ve parça boyutları arasında yüksek bir korelasyon göstermiştir. Ayrıca birkaç kavun genotipi (Kırkağaç 637 ve Galia) Fom-1 ırkına kadar direnç gösterirken, Güney Anadolu genotipleri ve Yuva çeşidinin direncinin olmadığı belirlenmiştir (Demir ve ark., 2006). Bu markörlerin MAS' ta kullanımının faydalı olabildiği ortaya konulmuştur.

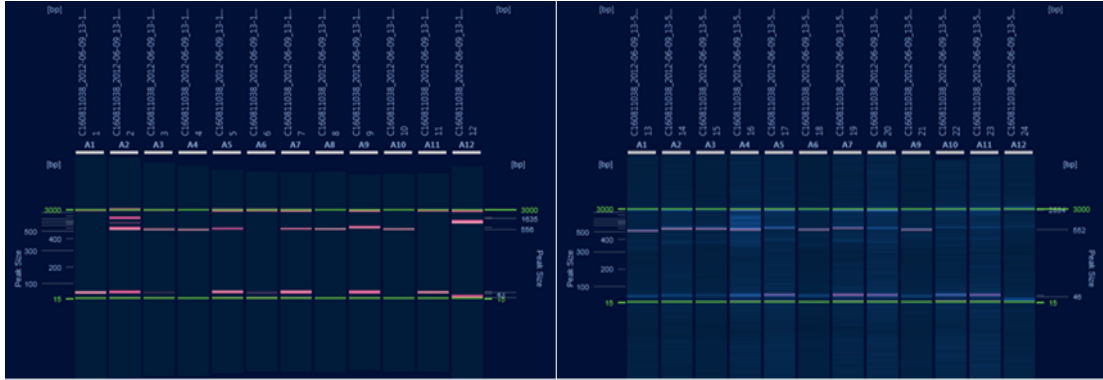
Türkiye'de kabakgil yetiştirme alanlarında bulunan en önemli virüslerden birinin hıyar mozaik virüsü (cucumber mosaic virus=CMV), olduğu araştırmacılar tarafından bildirilmiştir (Nogay, 1983) CMV, 80'den fazla yaprak biti türü ile non-persistent olarak taşınır (Palukaitis, 1992). En yaygın vektörleri *Myzus persicae* ve *Aphis gossypii*'dir. CMV-B2 direnç genini tespit etmek için dizayn edilen (Staub ve ark.,1996), dominant SCAR markörlerinin 24 kavun genotipinde etkinliği araştırılmıştır. APB-05'ten türetilen SCAPB05₁₀₄₆ marköründen bant elde edilmezken, OP-14'ten türetilen SCOPE14₅₄₁'te 11 F₁ çeşitten 7 adet, 13 yerel ve egzotik çeşitten de 8 adet bant görüntüsü elde edilmiştir (Şekil 2, Çizelge 3).

Kavunda CMV-B2 direnç geni ile bağlantılı iki RAPD marköründen, kavunda CMV-B2 direnç genini tespit etmek için SCAR markörleri dizayn edilmiştir ve Yamatouri çeşidinden klonlanmıştır. APB-05'ten türetilen SCAPB05 marköründen bir DNA bantı elde edilirken, OP-14'ten türetilen SCOPE14'te 16 bant vermiştir. Sonuç olarak SCAR analizlerinin sadece kavunlardaki etkinliği değil aynı zamanda RAPD markörleri tarafından gözlemlenen belirsiz direnç sonuçlarına da açıklık getirmiştir (Daryono ve ark., 2009). Fom2 R₄₀₈ ve Fom2 S₃₄₂ SCAR markörleri, Fom-2 genine karşı dayanıklılık ve duyarlılık allelleri için geliştirilmiştir (Oumouloud ve ark., 2012). Geliştirilen bu markörler 24 kavun genotipi üzerinde analiz edilmiştir (Şekil 3-4). Bu markörlerin dayanıklılık bantı 408 bç, duyarlılık bantı ise 342 bç'dir. Dayanıklılık geni ile ilişkili olan bant, 11 F₁ ticari çeşitten herhangi birinde elde edilmezken, 13 yerel ve egzotik genotipten 2 adet dayanıklılık bantı elde edilmiştir. Duyarlılık geni ile ilişkili olan bant, 11 F₁ ticari çeşitten 5 adet duyarlılık bantı elde edilirken, 13 yerel ve egzotik çeşitten 4 adet duyarlılık bantı elde edilmiştir (Çizelge 4-5). Yerel ve egzotik çeşitlerden Musakka kavununda hem duyarlılık bantı hem de dayanıklılık bantı görüntüsü elde edilmiştir. Bundan dolayı ko-dominant özellik taşımış olup, heterozigot bir genotip olduğu görülmüştür. Genotip özellikleri ile uyumlu olmayan durumlarda, markör ile dayanıklı gen arasında ilişkinin kesilmiş olabileceği varsayılmaktadır.

Oumouloud ve ark. (2012), yaptığı çalışmada dayanıklı ve duyarlı alleller olmak üzere iki SCAR (Fom2-R₄₀₈ ve Fom2-S₃₄₂ Fom2) markörü, geliştirilmiştir. Bu alleller çoklu PCR için kombine edildiğinde ko-dominant olarak kullanılabilmiştir. Fom2-R408 markörü 27 kavun genotipinde içerisinde 13 dayanıklı bant elde edilirken, Fom2-S342 Fom2 marköründe ise 17 duyarlı bant görüntüsü elde edilmiştir. Kavunda Fom-2 geni için bu iki markörün maliyet etkinliği ve güvenilirliği açısından geliştirmesini ifade etmişlerdir.

Fom-1 dayanıklılık genine bağlı olarak geliştirilmiş olan Fom1-R / Fom1-S markörünün (Oumouloud ve ark., 2015), 24 kavun genotipi üzerinde taraması yapılmıştır. CAPS, Fom1-R / Fom1-S marköründe kesme enzim olarak dayanıklılık bantı eldesi için *BspCNI* ve duyarlılık bantı eldesi için *BspHI* enzimi kullanılmıştır. Dirençli *BspCNI* enziminde kesme görülmeyip, sadece bant aralığı 568 bç'de 5 tane F₁ çeşitten ve 5 tane de yerel ve egzotik çeşitten sonuç alınırken, *BspHI* kesme enziminde

bant aralıkları ise 262+306 bç ve 568 bç bant görüntüsü elde edilmiştir (Şekil 5). *Bsp*HI kesme enzimiyle sadece CU 305 (*Cucumis melo* subsp. *agrestis*) genotipinde her üç bantı da verdiği belirlenmiştir (Şekil 6). F₁ çeşitlerden, 9 adet 568 bç’de görüntü elde edilirken, yerel ve egzotik çeşitlerden 7 adet, görüntü elde edilmiştir (Çizelge 6). Oumouloud ve ark. (2015), yaptıkları çalışmada kavunun Fom ırk 2’ye olan direncinin moleküler ıslah için, markörlerin gelişimi ve Fom-1 geninin moleküler karakterizasyonu çalışılmıştır. Bu çalışmada, araştırmacılar bu gen içinde dizayn edilen primerlerinin üçünü kullanarak birçok duyarlı ve dayanıklı kavun genotiplerinden Fom-1’in tam genomik sekansını üretmişler ve çoğaltmışlardır. Fom-1 lokusunun kod bölgesi içerisinde tek nükleotidli polimorfizme dayalı olarak 2 CAPS markörü üretilmiştir. Fom-1R 182+386 bç ve 568 bç de bant aralığı vermiş ve Fom-1S CAPS markörü için 262+306 bç ve 568 bç bant aralığı vermiştir. Kavun ıslah programları için moleküler yardımcı seleksiyonda her iki CAPS markörünün açık bir şekilde kullanışlı olduğunu kanıtlanmıştır (Oumouloud ve ark., 2015).



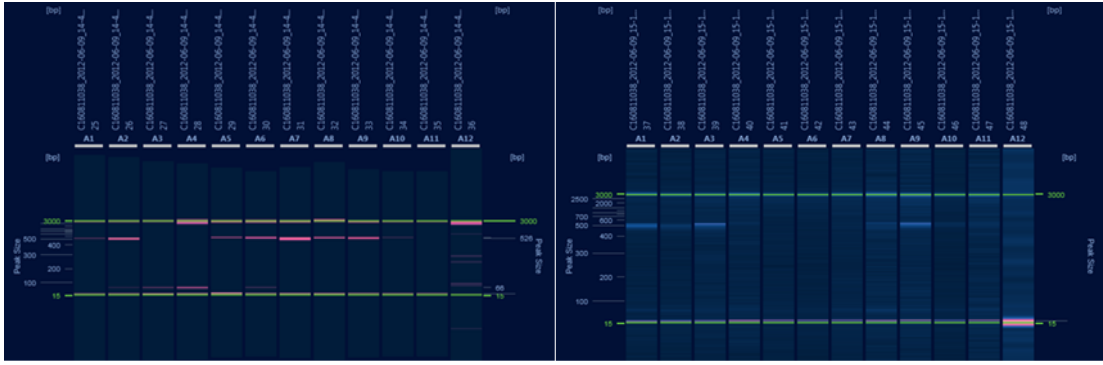
Şekil 1. FM ko-dominant markörü ile elde edilen dayanıklı 564 bç’deki kapiller elektroforez bant görüntüsü.

Çizelge 2. FM belirteciine ait sonuçlar

GENOTİP#	FOM DAYANIKLILIK (FOM-2 GENİ) MARKÖR MEVCUDİYETİ (564bç)
1. CU 129	?
2. CU 305 (<i>Cucumis melo</i> subsp. <i>agrestis</i>)	S
3. Y15 Isabelle	R
4. Y63 (<i>C. melo</i> subsp. <i>melo</i> var. <i>conomon</i>)	R
5. CU 269 (<i>C. melo</i> subsp. <i>melo</i> var. <i>dudaim</i>)	S
6. T4 Hasanbey	?
7. Y9 (<i>C. melo</i> subsp. <i>melo</i> var. <i>conomon</i>)	R
8. Şıra F ₁	R
9. Serin F ₁	S
10. Balözü F ₁	R
11. Napolyon F ₁	?
12. Digital F ₁	?
13. Vcr-601 F ₁	R
14. Polidor F ₁	H
15. Dragon F ₁	H
16. Favori F ₁	H
17. Medetli F ₁	H
18. Galina F ₁	R
19. Topatan	H
20. Dövlek Kavunu	H
21. Musakka	R
22. Çilli	S
23. Beyaz Gönen	S
24. T6 Acur (<i>C. melo</i> subsp. <i>melo</i> var. <i>flexuosus</i>)	S

*: H: heterozigot dayanıklı; R: homozigot dayanıklı; S: homozigot duyarlı ? : Bant elde edilmemiştir.

#Çizelgede alt tür ve çeşit grupları belirtilen egzotik kavun genotipleri dışındaki tüm genotipler *C. melo* subsp. *melo* var. *cantalupensis* veya *C. melo* subsp. *melo* var. *inodorus* çeşit grupları içinde yer almaktadır.



Şekil 2. SCOPE14₅₄₁ markörü ile elde edilen 541 bç'deki kapiller elektroforez bant görüntüsü.

Çizelge 3. SCOPE14541 belirtecine ait sonuçlar

GENOTİP	CMV DAYANIKLILIK (CMV-B2 GENİ) MARKÖRÜ MEVCUDİYETİ
1. CU 129	+
2. CU 305	+
3. Y15 Isabelle	-
4. Y63	-
5. CU 269	+
6. T4 Hasanbey	+
7. Y9	+
8. Şıra F ₁	+
9. Serin F ₁	+
10. Balözü F ₁	+
11. Napolyon F ₁	-
12. Digital F ₁	+
13. VCR-601 F ₁	+
14. Polidor F ₁	+
15. Dragon F ₁	+
16. Favori F ₁	-
17. Medetli F ₁	-
18. Galina F ₁	-
19. Topatan	-
20. Düvlek Kavunu	+
21. Musakka	+
22. Çilli	+
23. Beyaz Gönen	-
24. T6 Acur	-

*(+): bant mevcut * (-): bant mevcut değil.

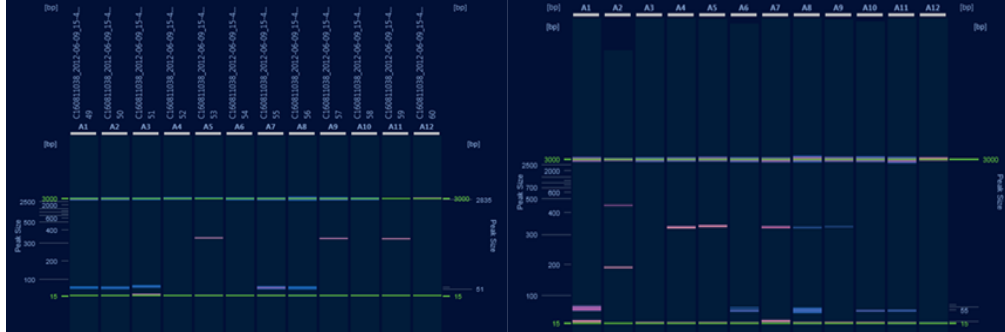


Şekil 3. Fom2 R408 dayanıklı markör ile elde edilen 408 bç'de agaroz jelde bant görüntüsü.

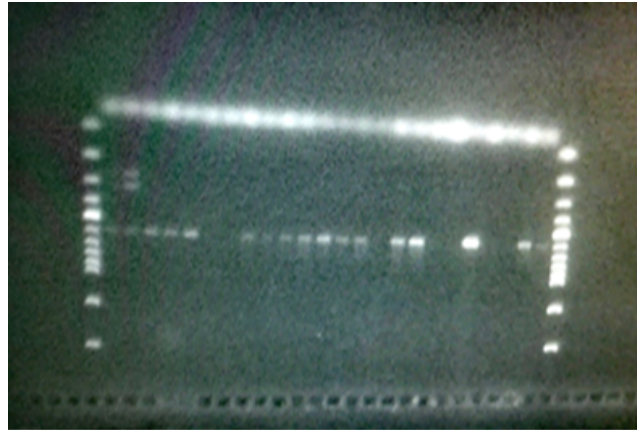
Çizelge 4. Fom2 R₄₀₈ belirtecine ait sonuçlar

GENOTİP	FOM DAYANIKLILIK (FOM-2 GENİ) MARKÖRÜ (408bç)
1. CU 129	-
2. CU 305	-
3. Y15 İsaballe	-
4. Y63	-
5. CU 269	-
6. T4 Hasanbey	R
7. Y9	-
8. Şıra F ₁	-
9. Serin F ₁	-
10. Balözü F ₁	-
11. Napolyon F ₁	-
12. Digital F ₁	-
13. VCR-601 F ₁	-
14. Polidor F ₁	-
15. Dragon F ₁	-
16. Favori F ₁	-
17. Medetli F ₁	-
18. Galina F ₁	-
19. Topatan	-
20. Düvlek Kavunu	-
21. Musakka	R
22. Çilli	-
23. Beyaz Gönen	-
24. T6 Acur	-

*R: homozigot dayanıklı



Şekil 4. Fom2 S342 duyarlı markör ile elde edilen 342 bç'de kapiller elektroforez bant görüntüsü.

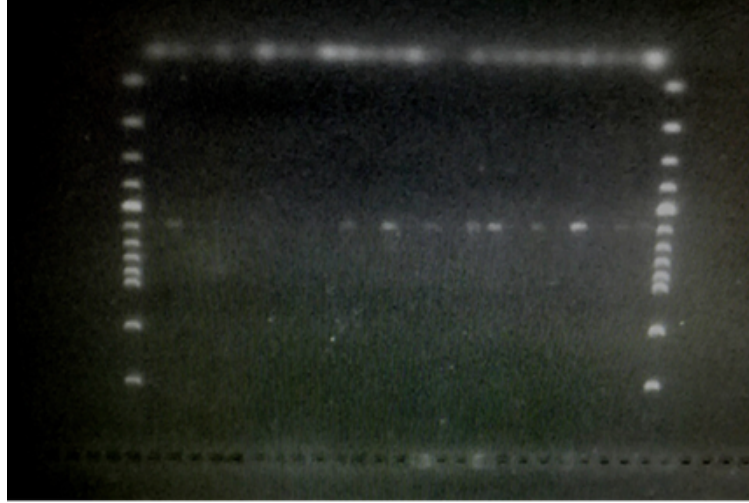


Şekil 5. CAPS Fom1-R / Fom1-S (BspHI kesme enzimi) markörü ile elde edilen 262+306 bç ve 568 bç'nin agaroz jeldeki bant görüntüsü.

Çizelge 5. Fom2 S342 belirteçlerine ait sonuçlar

GENOTİP	FOM DUYARLILIK (FOM-2 GENİ) MARKÖRÜ (342bç)
1. CU 129	-
2. CU 305	-
3. Y15 İsabelle	-
4. Y63	-
5. CU 269	S
6. T4 Hasanbey	-
7. Y9	-
8. Şıra F ₁	-
9. Serin F ₁	S
10. Balözü F ₁	-
11. Napolyon F ₁	S
12. Dıgıtal F ₁	-
13. VCR-601 F ₁	-
14. Polidor F ₁	S
15. Dragon F ₁	-
16. Favori F ₁	S
17. Medetli F ₁	S
18. Galina F ₁	-
19. Topatan	S
20. Dövkle Kavunu	S
21. Musakka	S
22. Çilli	-
23. Beyaz Gönen	-
24. T6 Acur	-

*S: homozigot duyarlı.



Şekil 6. CAPS Fom1-R / Fom1-S (*Bsp*CNI kesme enzimi) markörü ile elde edilen 568 bç'nin agaroz jeldeki bant görüntüsü.

Dünyada, kavunda tek ve birden çok özelliği barındıran genler veya QTL'lerle ilgili moleküler belirteçler (markörler) geliştirilmeye devam edilmektedir. Moleküler belirteçler kavunda tarımsal açıdan birçok önemli özellik için genlerin ve QTL'lerin belirlenmesinde veya haritalanmasında moleküler yardımcı seleksiyon yöntemiyle kullanışlı ve faydalı olabilmektedir. Morfolojik ve biyokimyasal markörler yapılarından kaynaklanan dezavantajlarından dolayı günümüzde yerini ya moleküler markörlere bırakmaktadır ya da moleküler markörler ile birlikte karşılaştırılmalı çalışmalarda kullanılmaktadır. DNA esas alınarak yapılan teşhislerde gözlemlenen polimorfizm morfolojik ve biyokimyasal markör tekniklerinde gözlemlenenlere oranla daha yüksektir. Ayrıca moleküler yöntemlerde küçük bir miktar DNA yöntemin uygulanabilmesi için yeterli olmaktadır. Bununla birlikte,

literatürde belirtilen tüm markörler kavun ıslah programlarında uygulanamamaktadır. Markörleri yeniden tanımlayabilmek, belirli ıslah hatlarında faydalılık, çoğaltılabilirlik, yeni polimorfik markörleri tanımlamak ve geliştirmek için genellikle ek çabalar gereklidir. Bu çalışmada, fusarium solgunluğu, hıyar mozaik virüsü, külleme ve cinsiyet belirleme için literatürlerde belirtilen geliştirilmiş olan markörler içinden 15 tanesi seçilmiştir. Seçilen CAPS ve SCAR markörleri 11'i F1 çeşit olmak üzere ve bazı egzotik tipleri de içeren toplam 24 kavun genotipi üzerinde test edilmiştir.

Çizelge 6. CAPS Fom1-R / Fom1-S markörüne ait duyarlı ve dayanıklı kesme enzimiyle elde edilen sonuçlar

GENOTİP	FOM DUYARLILIK (FOM-1 GENİ) VE DUYARLILIK (<i>BspCNI</i> KESME ENZİMİ) MARKÖRÜ MEVCUDİYETİ (568 bç)	FOM DAYANIKLILIK (FOM-1 GENİ) VE DUYARLILIK (<i>BSPHI</i> KESME ENZİMİ) MARKÖRÜ MEVCUDİYETİ (262+306 ve 568 bç)
1. CU 129	-	+ (568 bç)
2. CU 305	+ (568bç)	H (262+306+568 bç)
3. Y15 İsabella	-	+ (568 bç)
4. Y63	-	+ (568 bç)
5. CU 269	-	+ (568 bç)
6. T4 Hasanbey	-	-
7. Y9	-	-
8. Şıra F ₁	-	+ (568 bç)
9. Serin F ₁	-	+ (568 bç)
10. Balözü F ₁	+ (568 bç)	+ (568 bç)
11. Napolyon F ₁	-	+ (568 bç)
12. Dıgıtal F ₁	+ (568 bç)	+ (568 bç)
13. VCR-601 F ₁	-	+ (568 bç)
14. Polidor F ₁	+ (568 bç)	+ (568 bç)
15. Dragon F ₁	-	+ (568 bç)
16. Favori F ₁	+ (568 bç)	-
17. Medetli F ₁	+ (568 bç)	+ (568 bç)
18. Galina F ₁	-	+ (568 bç)
19. Topatan	+ (568 bç)	-
20. Dövlek Kavunu	-	+ (568 bç)
21. Musakka	+ (568 bç)	-
22. Çilli	-	-
23. Beyaz Gönen	+ (568 bç)	+ (568 bç)
24. T6 Acur	+ ((568 bç)	+ (568 bç)

*: H: heterozigot dayanıklı *: (+): bant mevcut (568 bç) *: (-): bant mevcut değil.

Fusarium solgunluğu için, FM, Fom2 R408, Fom2 S342, Fom-1R / Fom-1S markörleri 24 kavun genotipi üzerinde test edilerek sonuç alınmıştır. Bu sonuçlar Oumouloud ve ark. (2013; 2015)'nın çalışmaları ile Wang ve ark. (2000)'nın yaptığı çalışmalar sonucunda paralellik gösterdiği tespit edilmiştir. Bu markörlerin kavun ıslahında etkin bir şekilde kullanılabilceği düşünülmektedir. Ayrıca RAPD belirteçleriyle (E07- G17) 8 yerli genotipinde yapay inokulasyonla fusariuma duyarlılık düzeyleri tespit edilmiştir (Şensoy, 2005). Bu çalışmada ortak olarak kullanılan genotiplerde benzer sonuçlar elde edilmiştir.

Fom2 R408, Fom2 S342 SCAR belirteçlerinde elde edilen sonuçlar 408 bç dayanıklılık bantı ve 342 bç duyarlı bant elde edilmiştir. Fom2 R408, belirtecinde 2 yerli genotipte bant görüntüsü elde edilmiştir. Çalışmada yer alan hibrit, yerel veya egzotik 24 kavun genotipinin dokuzunda duyarlılık ile ilişkili bant elde edilmiştir. E07 RAPD belirteciyle egzotik kavun genotiplerinde CU-269'un fusariuma duyarlı olduğu tespit edilmiştir. Bu genotipin Fom2-S342 SCAR markörüne göre de duyarlı olduğu tespit edilmiş olup, E07 RAPD belirtecine göre eşdeğerdedir. T4 Hasanbey genotipi fusariuma duyarlı iken, Fom2-R408 SCAR markörüne göre dayanıklı olduğu görülmüştür. E07 RAPD belirtecine göre T6 Acur, Gönen Beyazı ve CU 269 yerli genotiplerde fusariuma duyarlı bant elde edilmiştir. SCAR Fom2-S342 duyarlı marköründe T6 Acur, Gönen Beyazı'ndan bant elde edilmezken, CU 269 genotipinde duyarlı bant elde edilmiştir (Şensoy, 2005).

Hıyar mozaik virüsü için test edilen SCAR SCOPE14₅₄₁ ve SCAPB05₁₀₄₆ markörü 24 kavun genotipi üzerinde tespit edilmiş ve SCOPE14₅₄₁ için sonuç alınmıştır. Bu sonuç, Daryono ve ark. (2009), yaptığı çalışmayla paralellik göstermiştir ve klasik testlemeye alternatif olabileceği düşünülmektedir.

Fom-1 genine bağlı olarak geliştirilmiş olan Fom1-R / Fom1-S markörü ise 24 kavun genotipi üzerinde taraması yapılmıştır (Oumouloud ve ark., 2015). CAPS, Fom1-R / Fom1-S marköründe kesme enzim olarak dayanıklılık bantı eldesi için, *BspCNI* ve duyarlılık bantı eldesi için, *BspHI* enzimi kullanılmıştır. Kesilme sadece duyarlılık bandında olmuştur. Duyarlı çeşit olan bant duyarlı olan kesme enzimiyle uyuşmakta olduğu görülmüştür. Duyarlı *BspHI* kesme enziminin güvenle kullanılabileceğini göstermiştir. *BspHI* enzim kesiminde bant aralıkları ise 262+306 bp ve 568 bp bant görüntüsü elde edilmiştir. Sadece bir duyarlı çeşitte kesme enzimi ile kesim sağlanmıştır.

Cinsiyet belirlemeyi sağlayan andromonoik ve monoik T1, T1ex, M3A, M3a SCAR markörleriyle EX1_C170T CAPS marköründen olumlu bir sonuç alınmamıştır. Belirteçler ile ilgili bantlar görülmemiş ve genotipler hakkında herhangi bir görüşe varılmamıştır. Külleme için; CAPS Pm-2F genini tanıyan CAPS marköründe de güvenilir sonuç alınmamıştır. Markörün bant aralığı görülmüş olup, kesme enzimiyle kesme işlemi gerçekleşmemiştir. Fom-2 genini tanıyan DNA belirteci olan CAPS2 ve CAPS3, CAPS markörlerinden de sonuç alınmamıştır.

4. Sonuç ve Öneriler

Elde edilen sonuçlar gen kaynaklarının korunmasında kolaylık sağlayacağı ve klasik ıslah yöntemlerine kaynak oluşturacağı düşünülmektedir. Türkiye'nin sahip olduğu zengin kavun populasyonlarının günümüz biyoteknoloji imkanlarının modern kavun ıslahına katkı sağlaması ve kavunda ileride değişik hastalık ve zararlılara karşı reaksiyonların da önceden bilinmesi kavun ıslahına önemli katkılar sağlayacağı da aşikardır.

Dayanıklılık ıslah programında en büyük zorluk ebeveynlerin (duyarlı ve dayanıklı bireyler) melezlenmeleri sonucu elde edilen dayanıklı bireylerin belirlenmesidir. Başta birden fazla gen olmak üzere, birkaç gen ve tek gen tarafından idare edilen dayanıklılık özelliklerini (karakterleri) normal şartlarda geleneksel ıslah yöntemleri ile belirlemek zaman almakta, fazla iş gücü gerektirmekte ve çok güç olmaktadır. Bununla birlikte bir bitkiyi aynı anda birden fazla hastalık veya zararlı etmenle testlemek geleneksel yöntemlere göre hemen hemen imkansızdır. Bütün bu zorluklar moleküler markörlerin devreye girmesiyle üstesinden gelinebilmektedir (Lu ve ark., 1999).

Bu çalışmada literatürde kavun ıslah programlarında moleküler belirteç yardımcı seleksiyon amaçlı geliştirilmiş markörlerden sadece üçte birinde (5/15) etkin bir sonuç alınmıştır. Bu markörler Çizelge 7'de gösterilmiştir.

Çizelge 7. Bu çalışmada sonuç veren moleküler markörlere ait primer dizilimleri

Gen	Markör	Markör tipi	Markör ID	Markör dizilimi
Fom-2	SCAR	Ko-dominant	FM	F=GAAGATGCAAAGAAAAAGAGAAGG R=TCAATTAACATTCTGATGCC
CMV-B2	SCAR	Dominant	SCOPE14 541	F= TGCGGCTGAGGACGGTTGGAGGTC R= TGCGGCTGAGCATTCTCGAGCAG
Fom-2	SCAR	Dominant	Fom2-R408	F=GAGAAATTTGCAATGGGTGG R=TTACACTATTATTGCTCAACTTGC
Fom-2	SCAR	Dominant	Fom2-S342	F=ATGAAAAGAAAAGATAACGACGA R=ATTGCTCTAAGTTGATCATATTCTG
Fom-1	CAPS	Ko-dominant	Fom1-R Fom1-S	F=ATGAGTTTTGATAGTTTCATAAG R=GAACACTCCCTTAGATACT

Çalışmada ayrıca kapiller elektroforezin agaroz jel elektroforezden daha etkin olduğu görülmektedir. Markörlerin seleksiyonda etkili olabileceği fakat markörlerin gene uzaklık durumunun, dikkate alınması; klasik hastalık testleme çalışmaları ile de testleme yapılmasının faydalı olacağı düşünülmektedir. Kapiller yöntemin hem zamandan tasarruf hem de 1 µl örnekte bile güvenilir sonuç alınabilmesinin yanında yüzlerce örneği kısa bir zaman diliminde test edebilmesinden dolayı avantajları oldukça yüksektir.

Bu yüzden literatürde farklı populasyonlar kullanılarak elde edilmiş belirteçlerin ülkemiz populasyonlarında kullanılmasında sıkıntılar olabilecektir. Klasik hastalık bulaştırma yöntemlerinden yararlanılarak, kavun genotiplerinin dayanıklılıkları yapay inokulasyonla da hastalık belirlenmesi ve genotiplerin dayanıklılıkları tespit edilmesi önem arz edecektir. Elde edilecek MAS sonuçların klasik hastalık bulaştırma yöntemleri ile desteklenmesi faydalı olacaktır.

Entansif tarım uygulamaları yüzünden hastalık ve zararlı etkenleri sürekli kendilerini değiştirme kapasitesine sahiptirler. Bu yüzden hastalık ve zararlılara dayanıklılık sağlayan yeni gen kaynaklarının bulunması ve bunlarla ilişkili güvenilir ve etkin belirteçlerin ıslah programlarına gelecekte yoğun bir şekilde kazandırılması önem arz etmektedir.

Teşekkür

Bu çalışma, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı tarafından 2016-FBE-YL011 projesiyle desteklenmiştir. Tez çalışmasında bazı genotiplerin sağlandığı, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü, Vatan Tohum, Yüksel Tohum, Altın Tohum ve Gen-To Tohumculuk'a teşekkür ederiz.

Kaynakça

- Agrios, G. N. (1997). Plant diseases caused by viruses. *In Plant Pathology*, 479-556.
- Akakaçar, Y. (2001). *Türkiye'de yetiştirilen önemli kiraz (Prunus avium L.) ve vişne (Prunus cerasus L.) çeşit ve tiplerinin DNA parmakizi yöntemi ile sınıflandırılması*, Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana, Doktora Tezi, 192s.
- Anonim, (2022). Kabakgillerde külleme belirtisi <https://www.sorhocam.com/konu.asp?sid=68&Kabakgillerde-kulleme-hastaligi-erysiphe-cichoracearum.html> Erişim tarihi: 18.01.2022.
- Baker, B., Zambryski, P., Staskawicz, B., & Dinesh-Kumkar, S.P. (1997). Signalling in plant-microbe interactions. *Science*, 276, 726-733.
- Cakmakci, O., Cakmakci, T., Durak, E. D., Demir, S., Sensoy, S. (2017). Effects of arbuscular mycorrhizal fungi in melon (*Cucumis melo* L.) seedling under deficit irrigation. *Fresenius Environmental Bulletin*, 26 (12), 7513-7520.
- Daryono, B.S., Wauki, K., & Natsuaki, K. (2009). Development of random amplified polymorphism DNA markers linked to CMV-B2 resistance gene in melon. *Journal of Biosciences*, 142-146.
- Demir, S., Turkmen, O., Sensoy, S., Akkopru, A., Ç., Yildiz, M., & Kabay, T. (2006). Reactions of melon landraces grown in the Lake Van Basin to the physiologic races (Race 1 and Race 2) of *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*. *European Journal of Horticultural Science*, 71(2), 91-95.
- Doyle, J.J., & Doyle, J.L. (1990). A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Focus*, 12, 13-15.
- Erdinc, C., Ekincialp, A., Yildiz, M., Kabay, T., Turkmen, O., & Sensoy, S. (2013). Molecular genetic diversity in Lake Van Basin melons (*Cucumis melo* L.) based on RAPD and ISSR markers. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 23(3), 264-270.
- FAO. (2019). Faostatagriculturedatahttp://www.fao.org/page/form?. (ErişimTarihi:16.11.2021)
- Grube, R. C., Radwanski, E. R., & Jahn, M. (2000). Comparative genetics of disease resistance within the *Solanaceae*. *Genetics*, 155(2), 873-887.
- Gülşen, O., & Mutlu, N. (2005). Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4(2), 27-37.
- Hosseinalizadeh, S., Erincik, Ö., & Açikgöz, S. (2021). Ege bölgesi bağ alanlarından elde edilen *phomopsis viticola* izolatlarının morfolojik moleküler ve patojenik karakterizasyonu. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 31(2), 305-317.
- Ibrahim, A. S., & Erdinç, Ç. (2020). Determination of Genetic Relations among Tomato Accessions in Sulaymaniyah Region through ISSRs Markers Genetic Relations in Tomato Accessions. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 30(4), 810-820.
- Jiang, G., Qu, W., Cruz, Y., Chang, C. J., Ho, G. Y., Klein, R. S., & Burk, R. D. (1997). PCR detection of human papillomavirus: comparison between MY09/MY11 and GP5+/GP6+ primer systems. *Journal of Clinical Microbiology*, 35(6), 1304-1310.

- Kearney, C. M., Gonsalves, D., & Provvidenti, R. (1990). A severe strain of cucumber mosaic virus from china and associated satellite RNA. *Plant Disease*, 74(10), 819-823.
- Lu, Z. X., Sossey-Alaoui, K., Reighard, G. L., Baird, W. V., & Abbott, A. G. (1999). Development and characterization of a codominant marker linked to root-knot nematode resistance, and its application to peach rootstock breeding. *Theor. Appl. Genet.* 99(1), 115-122
- Martyn, R. D., Gordon, T. R. (1997). The evolutionary biology of *Fusarium oxysporum*. *Annual Review of Phytopathology*, 35(1), 111-128.
- McCreight, J. D., Nerson H., & Grumet, R. (1993). Melon (*Cucumis melo* L). In: Kalloo G, Berch BO (Eds.) *Genetic Improvement of Vegetable Crops*, (pp. 267–294). Pergamon Press, Oxford.
- Nogay, A. (1983). *Marmara bölgesi cucurbitaceae familyası kültür bitkilerinde görülen virus hastalıklarının tanılanması, tohumla geçiş durumlarının ve konukçu dizilerinin saptanması üzerinde araştırmalar*. (Doktora Tezi). Erenköy – İstanbul, 120s.
- Oumouloud, A., Arnedo-Andres, M.S., Gonzalez-Torres, R., & Alvarez, J.M. (2008). Development of molecular markers linked to the Fom-1 locus for resistance to *Fusarium* race 2 in melon. *Euphytica*, 164(2), 347–356.
- Oumouloud, A., Mokhtari, M., Chikh-Rouhou, H., Arnedo-Andres, M.S., Gonzalez-Torres, R., & Alvarez, J.M. (2012). Characterization of the *Fusarium* wilt resistance Fom-2 gene in melon. Molecular breeding, *Mol Breeding*, 30(1), 325-334.
- Oumouloud, A., El Otmani, M., & Álvarez, J. M. (2015). Molecular characterization of Fom-1 gene and development of functional markers for molecular breeding of resistance to *Fusarium* race 2 in melon. *Euphytica*, 205(2), 491-501.
- Palukaitis, P., Roossinck, M. J., Dietzgen, R. G., & Francki, R. I. (1992). Cucumber mosaic virus. *Advances in virus research*, 41, 281-348.
- Pınar, H., Atilla, A., Keleş, D., Mutlu, N., Denli, N., & Mustafa, Ü. (2013). Domates hatlarında *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*'ye dayanıklılığın moleküler markörler yardımıyla belirlenmesi. *Derim*, 30(1), 15-23.
- Pitrat, M., Hanelt, P., & Hammer, K. (2000). Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon. In VII Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding 510 (pp. 29-36).
- Sensoy, S., Buyukalaca, S., & Abak, K. (2007a). Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD markers. *Genetic Resources Crop Evolution* 54(6), 1351-1365.
- Sensoy, S., Demir, S., Buyukalaca, S., & Abak, K. (2007b). Response of Turkish melon genotypes to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* race 1 determined by inoculation tests and RAPD markers, sequence repeat markers. *Genetic Resources Crop Evolution* 52(4), 405-419.
- Staub, J.E., Serquen, F.C., & Gubta, M. (1996). Genetic Markers, Map Construction, and Their Application in Plant Breeding. *Hort Science*, 31(5),729- 740.
- Şensoy, S. (2005). *Türkiye kavunlarındaki genetik varyasyonun ve fusarium solgunluğuna dayanıklılığın fenotipik ve moleküler yöntemlerle araştırılması*. (Doktora Tezi), Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı, Van, Türkiye.
- Üstün, A., Smith, R. L. & Gülümser, A. (1996). Moleküler markörler ve bitki ıslahında kullanımları. *Om Ü. ZF Dergisi*, 11(2), 249-263.
- Wang, Y. H., Thomas, C.E., Dean, R. A. (2000). Genetic mapping of a *Fusarium* wilt resistance gene Fom-2 in melon (*Cucumis melo* L.). *Mol Breed* 6(4), 379–389
- Yildiz, M., Ekbiç, E., Keles, D., Sensoy, S., & Abak, K. (2011). Use of ISSR, SRAP, and RAPD markers to assess genetic diversity in Turkish melons. *Scientia Horticulturae*, 130(1), 349-353.
- Zitter, T.A. (1999). *Fusarium* wilt of melon, a Worldwide Problem in temperate and tropical regions. *Acta Horticulturae* 492, 157-160.
- Zitter, T.A., & Murphy, J. F. (2009). Cucumber mosaic. *The Plant Health Instructor*. doi: 10.1094. PHI-I-2009-0518-01.