



**T.C.
KAHRAMANMARAŞ ST İMAM NİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTS**

**LİF VE HAV OLUŞUMUYLA İLİŞKİLİ DNA
MARKRLERİNİN PAMUK (*Gossypium hirsutum* L.)
GENOMUNDA HARİTALANMASI VE QTL ANALİZİ**

ADEM BARDAK

**DOKTORA TEZİ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

KAHRAMANMARAŞ 2012

T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

LİF VE HAV OLUŞUMUYLA İLİŞKİLİ DNA
MARKÖRLERİNİN PAMUK (*Gossypium hirsutum* L.)
GENOMUNDA HARİTALANMASI VE QTL ANALİZİ

ADEM BARDAK

Bu tez,
Tarla Bitkileri Anabilim Dalında
DOKTORA
derecesi için hazırlanmıştır.

KAHRAMANMARAŞ 2012

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Adem BARDAK tarafından hazırlanan “Lif ve Hav Oluşumuyla İlişkili DNA Markörlerinin Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Genomunda Haritalanması ve QTL Analizi” adlı bu tez, jürimiz tarafından 12/03/2012 tarihinde oy birliği ile Tarla Bitkileri Anabilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Yüksel BÖLEK (DANIŞMAN)	
Tarla Bitkileri ABD, KSÜ	
Prof. Dr. Mustafa OĞLAKÇI (ÜYE)	
Tarla Bitkileri ABD, KSÜ	
Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ (ÜYE)	
Biyomühendislik ABD, EÜ	
Prof. Dr. Mehmet Nuri NAS (ÜYE)	
Bahçe Bitkileri ABD, KSÜ	
Doç. Dr. İsmail AKYOL (ÜYE)	
Tarımsal Biyoteknoloji ABD, KSÜ	

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Prof. Dr. M. Hakkı ALMA	
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü	

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada orijinal olmayan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Adem BARDAK

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

**LİF VE HAV OLUŞUMUYLA İLİŞKİLİ DNA MARKÖRLERİNİN PAMUK
(*Gossypium hirsutum* L.) GENOMUNDA HARİTALANMASI VE QTL ANALİZİ**

(DOKTORA)

ADEM BARDAK

ÖZ

Pamukta lif oluşum mekanizmalarıyla ilişkili genetik çalışmalar ıslah programlarına hız kazandıracak olması yönüyle önemlidir. Bu çalışmada, hav ve lif oluşumu ile ilişkili gen bölgelerinin (QTL) SSR ve AFLP markör sistemleri kullanılarak belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada, üç farklı pamuk genotipinin (Stoneville 453, PI 528429 ve Lifsiz) ikili melezlenmesiyle oluşturulmuş üç farklı F₂ döl kuşağı kullanılmıştır. Hav oluşumunun 1:3 mendel kalıtımı gösterdiği ve lif oluşumunun ise 15:1 genetik açılım gösterdiği saptanmıştır. Stoneville 453 x PI 528429 F₂ döl kuşağında çırçır randımanının % 2-40, lint indeksinin 0-4 g ve 100 tohum ağırlığının 5.5-15.9 g; PI 528429 x Stoneville 453 F₂ döl kuşağında çırçır randımanının % 2- 36, lint indeksinin 0-4.6 g, tohum ağırlığının 9.45-15.42 g ve Lifsiz x Stoneville 453 F₂ döl kuşağında çırçır randımanının % 0-42, lint indeksinin 0-4.5 g, 100 tohum ağırlığının ise, 5.56-12.98 g arasında değiştiği bulunmuştur.

Araştırmada, 307 adet SSR markörü ve 72 adet AFLP markör kombinasyonu kullanılmış ve 188 genotip (ebeveynler ve F₂ döl kuşağı) taranmıştır. Sonuçta 17 SSR ve 394 adet AFLP polimorfik bant kullanılarak 27 adet bağlantı grubu elde edilmiştir. Markörler arası genetik mesafe ortalama 21.72 cM olarak bulunmuştur. Yapılan tek markör analizi sonucunda çırçır randımanı ile ilişkili 10, lint indeksi ile ilişkili 11, hav oluşumu ile ilişkili 16 ve 100 tohum ağırlığı ile ilişkili olarak 32 adet QTL belirlenmiştir. Composite Interval haritalama (CIM) yöntemine göre yapılan analizde: çırçır randımanı ile ilişkili 3, lint indeksi ile ilişkili 3, hav oluşumu ile ilişkili 2 ve tohum ağırlığı ile ilişkili 9 adet QTL belirlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: Pamuk lifi, havsız tohum, lif oluşumu, genetik haritalama, QTL, SSR, AFLP

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Mart / 2012

Danışman: Doç. Dr. Yüksel BÖLEK

Sayfa sayısı: 141

MAPPING OF GENES RELATED TO FIBER AND FUZZ FORMATION IN COTTON (*Gossypium hirsutum* L.) GENOME AND QTL ANALYSIS

(Ph.D. THESIS)

ADEM BARDAK

ABSTRACT

Genetic studies in cotton related with fiber initiation mechanism is important due to speed up breeding programs. The goal of this work is to determine QTLs related to fuzz and fiber initiation using SSR and AFLP marker systems. F₂ populations were constructed by crossing three different cotton genotypes (Stoneville 453, PI 528429 and Lifsiz) to each other. Three different F₂ populations showed 1:3 segregation for fuzz initiation and 15:1 for fiber initiation. Ranges were 2 to 40% for gin turnout, 0-4% for lint index, 5.5 to 15.9 g for 100 seed weight in Stoneville 453 x PI 528429 population while the same characters are changed 2-36%, 0-4.6%, 9.45-15.42 g, respectively for PI 528429 x Stoneville 453 population. The last F₂ population (Lifsiz x Stoneville 453) showed segregation values from 0 to 42% for gin turnout, from 0 to 4.5% for lint index and from 5.56 to 12.98 g for 100 seed weight.

In this study, 307 SSR markers and 72 AFLP marker combinations were used and 188 F₂ genotypes including parents were screened. In result, 27 linkage groups were obtained using 17 SSR and 394 AFLP markers being polymorphic. Average distance between markers was 21.72 cM. Single marker analysis found 10 QTLs for lint turnout, 11 QTLs for lint index, 16 QTLs for fuzz initiation and 32 QTLs for 100 seed weight while composite interval mapping (CIM) method resulted 3, 3, 2 and 9 QTLs for the characters inspected, respectively.

Key Words: Cotton fiber, fuzzless seed, fiber initiation, genetic mapping, QTL, SSR, AFLP

Kahramanmaraş Sütçü İmam University
Institute for Graduate Studies in Science and Technology
Department of Field Crops, March / 2012

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Yüksel BÖLEK

Page number: 141

TEŞEKKÜR

“Lif ve Hav Oluşumuyla İlişkili DNA Markörlerinin Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) Genomunda Haritalanması ve QTL Analizi” adlı tezimin her aşamasında bilgi ve tecrübeleriyle bana yol gösteren, değerli hocam Sayın Doç. Dr. Yüksel BÖLEK’e, ayrıca manevi desteklerinden ve varlıklarından mutluluk duyduğum eşim İclal, çocuklarım Ömer Nezir ve Fatma Nur’a, laboratuvar ve arazi çalışmalarında yaptıkları yardımlarından dolayı Hamdullah KORHAN, Halil TEKEREK ve Ulaş ÇINAR’a, yazım çalışmalarında destek veren Yrd. Doç. Dr. Ziya DÜMLÜPINAR’a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZ	I
ABSTRACT	II
TEŞEKKÜR	III
İÇİNDEKİLER.....	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ	X
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	XIV
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Pamukta Lif ve Hav Oluşumunun Genetik Mekanizması.....	1
1.2. Pamukta Lif ve Hav Oluşumunun Kantitatif Kalıtımı	3
1.3. Markörlere Dayalı Seleksiyon ve QTL.....	5
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	7
2.1. Hav veya Lif Oluşumunun Genetiksel Kalıtımı ile İlgili Yapılan Çalışmalar	7
2.2. Hav ve Lif Oluşumu ile İlgili Genetik Haritalama Çalışmaları.....	10
2.3. Pamukta (<i>Gossypium</i> spp.) Yapılan Diğer Genetik Haritalama Çalışmaları.....	10
2.4. Lif Oluşumuyla İlgili Belirlenen Genler	11
3. MATERYAL ve METOT	13
3.1. Materyal.....	13
3.1.1. Bitki materyali	13
3.1.2. Deneme yeri ve yılı	14
3.1.3. Deneme alanının genel tanımı	15
3.1.4. Deneme yerinin iklim özellikleri.....	15
3.2. Metot.....	16
3.2.1. Toprak hazırlığı, ekim, kültürel işlemler ve hasat	16
3.2.1.1. Toprak hazırlığı	16
3.2.1.2. Ekim	16

3.2.1.3.	Kültürel işlemler	16
3.2.1.3.1.	El ve traktör çapası	16
3.2.1.3.2.	Sulama ve üst gübrelemesi	17
3.2.1.4.	Hasat ve çırçırılama	17
3.2.2.	Lif ve hav oluşumu yönünden açılım popülasyonlarının oluşturulması	17
3.2.2.1.	Kısırlaştırma (emasculation).....	17
3.2.2.2.	Tozlayıcı çiçeklerin hazırlığı	17
3.2.2.3.	Melezleme ve kendileme	18
3.2.3.	İncelenen özellikler.....	18
3.2.3.1.	Hav ve lif fenotiplerinin sınıflandırılması	18
3.2.3.2.	Lif oranlarının saptanması (çırçır randımanı) (%).....	19
3.2.3.3.	Tohum ağırlıklarının belirlenmesi (g)	20
3.2.3.4.	Popülasyonlara ait her bir bireyde lint indeksinin belirlenmesi (g).....	20
3.2.4.	Moleküler çalışmalar	21
3.2.4.1.	Yaprak örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu.....	21
3.2.4.1.1.	DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması	21
3.2.4.1.2.	DNA izolasyonu	21
3.2.4.2.	SSR (Simple Sequence Repeat) analizleri.....	22
3.2.4.2.1.	Elektroforez ve görüntüleme	23
3.2.4.2.2.	DNA bantlarının skorlanması.....	23
3.2.4.3.	AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) analizleri	24
3.2.4.3.1.	DNA'nın enzimlerle kesilmesi.....	24
3.2.4.3.2.	Adaptörlerin hazırlanması ve birleştirme	25
3.2.4.3.2.1.	Adaptörlerin hazırlanması	25
3.2.4.3.2.2.	Adaptörlerle birleştirme.....	25
3.2.4.3.3.	Ön çoğaltma (Pre-Amplification).....	26

3.2.4.3.4. Seçici çoğaltma	27
3.2.4.3.5. AFLP PCR ürünlerinin ABI 3130xl Genetic Analyzer cihazında elektroforez yapılması	30
3.2.4.3.6. İstatistiksel analizler	30
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	32
4.1. Hav ve Lif Oluşumunun Kantitatif Kalıtımı	32
4.2. İncelenen Özellikler	33
4.2.1. Çırcır randımanı	33
4.2.2. Lint indeksi	37
4.2.3. Tohum ağırlığı	41
4.2.4. Hav	45
4.3. İncelenen Özellikler Arasındaki İlişkiler	47
4.4. Genetik Bağlantı (Linkage) Haritalarının Oluşturulması	53
4.4.1. Markör segregasyonu (χ^2) ve genotip frekansları	58
4.4.2. Kromozom lokasyonunun belirlenmesi	59
4.5. Kantitatif Karakter Lokus (QTL) Analizleri	59
4.5.1. ‘‘Tek Markör’’ analizi	59
4.5.1.1. QGene programı kullanılarak incelenen özellikler ile önemli ilişki gösteren markörlerin belirlenmesi	60
4.5.1.1.1. Çırcır randımanı ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	60
4.5.1.1.2. Lint indeksi ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	63
4.5.1.1.3. Hav ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	67
4.5.1.1.4. Tohum ağırlığı ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	71
4.5.1.2. WinQTLCart programı kullanılarak incelenen özellikler ile önemli ilişki gösteren markörlerin belirlenmesi	76

4.5.1.2.1. Çırçır randımanı ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	76
4.5.1.2.2. Lint indeksi ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	76
4.5.1.2.3. Hav ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	77
4.5.1.2.4. Tohum ağırlığı ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi	78
4.5.2. Composit interval haritalama (CIM) (WinQTLCart Programı)	80
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	90
KAYNAKLAR	94
EKLER	104
ÖZGEÇMİŞ	139

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

SSR	: Basit Dizi Tekrarı (Simple Sequence Repeat)
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
QTL	: Quantitative Trait Locus (Kantitatif Karakter Lokusu)
LOD	: Logarithm of Odds (LOD Skoru)
dpa	: Days Post Anthesis (Çiçeklenmeden Sonraki Gün)
cM	: Santimorgan
bp	: Baz Çifti
kb	: Kilo Baz Çifti
ER	: Endoplazmik Retikulum
MAS	: Marker Asisted Selection (Markör Yardımıyla Seleksiyon)
RFLP	: Resricted Fragment Lengt Polymorphism (Kesilmiş Parça Farklılığı)
AFLP	: Amplified Fragment Lengnt Polymorphism (Çoğaltılmış Parça Farklılığı)
STS	: Sequenced-Tagged Sites
EST-SSR	: Exppressed Sequence Tags-SSR
RT-PCR	: Real Time PCR (Gerçek Zamanlı PCR)
dNTP	: Deoksiribonükleozid trifosfat
UV	: Ultra-Viole
U	: Ünite
R	: Reverse (Geri)
F	: Forward (İleri)
PC	: Principal Component (Temel Bileşenler)

BG	: Bağlantı Grubu
BP	: Bağlantı Pozisyonu
A	: Ana
B	: Baba
H	: Heterozigot
χ^2	: Ki-kare
ÖD	: Önem Düzeyi
MS	: Markör Segregasyonu
CMD	: Cotton Marker Database (Pamuk Markör Veritabanı)
CIM	: Composite Interval Mapping (Composite Interval Haritalama)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 1.1. Lif ouşum evreleri	2
Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan ebeveynlerin hav ve lif durumları.....	13
Şekil 3.2. F ₂ popülasyonlarının oluşturulmasında takip edilen çalışma planı	14
Şekil 3.3. F ₂ bireylerindeki hav durumu	19
Şekil 3.4. Pamuk popülasyonlarının çırçırılama aşaması	20
Şekil 3.5. İzole edilen pamuk DNA'larının % 1'lik agaroz jelde görünümü	22
Şekil 3.6. SSR markörlerinin PCR cihazında tutulma programı.....	23
Şekil 3.7. NAU2173 SSR markörünün ebeveynler ve F ₂ generasyonunda oluşturduğu bantlar	23
Şekil 3.8. Jel üzerinde DNA bantlarının skorlanması	24
Şekil 3.9. Ön çoğaltma solüsyonlarının PCR da tutulma şartları	26
Şekil 3.10. Ön çoğaltma aşamasında çoğaltılan PCR ürünlerinin görünümü	27
Şekil 3.11. Seçici çoğaltma PCR çalışma programı	28
Şekil 3.12. ABI Marka 3130xl Genetic Analyzer cihazında elektroforez yapılan EcoR I-AAC/ Mse I- CAT markör kombinasyonunun oluşturduğu bantlar	30
Şekil 4.1. Çırçır randımanı yönünden Stn 453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	34
Şekil 4.2. Çırçır randımanı yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	34
Şekil 4.3. Çırçır randımanı yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	35
Şekil 4.4. Lint indeksi yönünden Stn453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	38
Şekil 4.5. Lint indeksi yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	38
Şekil 4.6. Lint indeksi yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	39
Şekil 4.7. Tohum ağırlığı yönünden Stn 453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	42

Şekil 4.8. Tohum ağırlığı yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	42
Şekil 4.9. Tohum ağırlığı yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği	43
Şekil 4.10. Stn 453 x PI popülasyonunda HV yöntemine göre tohum havının gruplandırılması.....	45
Şekil 4.11. Stn 453 x PI popülasyonunda HV ₁ yöntemine göre tohum havının gruplandırılması.....	46
Şekil 4.12. Stn 453 x PI popülasyonunda HV ₂ yöntemine göre tohum havının gruplandırılması.....	46
Şekil 4.13. PI x Stn 453 popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri	48
Şekil 4.14. Stn 453 x PI popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri	50
Şekil 4.15. Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri.....	52
Şekil 4.16. Genetik bağlantı haritaları (1-6).....	54
Şekil 4.17. Genetik bağlantı haritaları (7-12).....	55
Şekil 4.18. Genetik bağlantı haritaları (13-18).....	56
Şekil 4.19. Genetik bağlantı haritaları (19-24).....	57
Şekil 4.20. Genetik bağlantı haritaları (25-27).....	58
Şekil 4.21. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması	61
Şekil 4.22. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması	61
Şekil 4.23. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	62
Şekil 4.24. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması	62
Şekil 4.25. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması.....	64
Şekil 4.26. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması.....	64

Şekil 4.27. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması.....	65
Şekil 4.28. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG17 bağlantı grubunda haritalanması.....	65
Şekil 4.29. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması.....	66
Şekil 4.30. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG23 bağlantı grubunda haritalanması.....	66
Şekil 4.31. HV'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması	68
Şekil 4.32. HV'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması	68
Şekil 4.33. HV'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	69
Şekil 4.34. HV ₁ 'e göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması	69
Şekil 4.35. HV ₁ 'e göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	70
Şekil 4.36. HV ₂ 'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	70
Şekil 4.37. HV ₂ 'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması	71
Şekil 4.38. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması	72
Şekil 4.39. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması	73
Şekil 4.40. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG3 bağlantı grubunda haritalanması	73
Şekil 4.41. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG4 bağlantı grubunda haritalanması	74
Şekil 4.42. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	74
Şekil 4.43. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması	75

Şekil 4.44. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması	75
Şekil 4.45. CIM metoduna göre çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	82
Şekil 4.46. CIM metoduna göre çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması	82
Şekil 4.47. CIM metoduna göre çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması	83
Şekil 4.48. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması.....	83
Şekil 4.49. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması.....	84
Şekil 4.50. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması.....	84
Şekil 4.51. CIM metoduna göre qthv ₁ QTL'nin BG1 bağlantı grubunda haritalanması.....	85
Şekil 4.52. CIM metoduna göre qthv ₂ QTL'nin BG13 bağlantı grubunda haritalanması...	85
Şekil 4.53. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması	86
Şekil 4.54. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG4 bağlantı grubunda haritalanması	86
Şekil 4.55. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması	87
Şekil 4.56. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması	87
Şekil 4.57. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG24 bağlantı grubunda haritalanması	88

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan ebeveynler, özellikleri ve elde edilen melezler.....	13
Çizelge 3.2. Deneme yılı ve uzun yıllar ortalamasına ait bazı iklim verileri.....	15
Çizelge 3.3. Polimorfik bant elde edilen markörlerin listesi ve dizileri.....	22
Çizelge 3.4. Kesme enzim reaksiyon içeriği.....	24
Çizelge 3.5. EcoR I ve Mse I adaptör dizileri.....	25
Çizelge 3.6. EcoR I ve Mse I adaptör solüsyonlarının hazırlanması.....	25
Çizelge 3.7. Adaptör birleştirme solüsyonu bileşenleri.....	25
Çizelge 3.8. Ön çoğaltmada kullanılan seçici pirimerler ve dizileri.....	26
Çizelge 3.9. Ön çoğaltma solüsyonunun bileşenleri.....	26
Çizelge 3.10. Seçici PCR solüsyonunun hazırlanması.....	27
Çizelge 3.11. Çalışmada kullanılan EcoR I ve Mse I markörleri ve dizileri.....	28
Çizelge 3.12. Çalışmada kullanılan AFLP seçici markör kombinasyonları.....	29
Çizelge 4.1. Ebeveynlerin tahmini genotipleri, lif oranları, fenotipleri ve orijinleri.....	32
Çizelge 4.2. F ₂ popülasyonlarında hav ve lif oluşumunun kalıtım (segregasyon) oranları	32
Çizelge 4.3. F ₂ popülasyonlarında çırcır randımanı değerleri.....	33
Çizelge 4.4. Çırcır randımanı (%) yönünden öne çıkan bazı genotipler.....	36
Çizelge 4.5. F ₂ popülasyonlarında lint indeksi değerleri.....	37
Çizelge 4.6. Lint indeksi (g) yönünden öne çıkan bazı genotipler.....	40
Çizelge 4.7. F ₂ popülasyonlarında tohum ağırlığı değerleri.....	41
Çizelge 4.8. Tohum ağırlığı (g) yönünden öne çıkan bazı genotipler.....	44
Çizelge 4.9. PI x Stn 453 F ₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları.....	47
Çizelge 4.10. Stn 453 x PI F ₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları.....	49
Çizelge 4.11. Lifsiz x Stn 453 F ₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları.....	51

Çizelge 4.12. Tek markör analizinde çırcır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	60
Çizelge 4.13. Tek markör analizinde lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	63
Çizelge 4.14. Tek markör analizinde hav ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	67
Çizelge 4.15. Tek markör analizinde tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	72
Çizelge 4.16. Tek markör analizinde çırcır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	76
Çizelge 4.17. Tek markör analizinde lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	77
Çizelge 4.18. Tek markör analizinde hav ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	78
Çizelge 4.19. Tek markör analizinde tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri.....	79
Çizelge 4.20. CIM metoduna göre incelenen özelliklerle ilgili ilişkili QTL'ler.....	81

1. GİRİŞ

Pamuk (*Gossypium* spp.), yaklaşık 70 ülkede ekimi yapılan ve 180 milyon insanın geçim kaynağını oluşturan çok önemli bir lif bitkisidir. Gerek doğal lifi ve gerekse tohumundan elde edilen yağı ve diğer yan ürünlerinden dolayı ekonomik önemi yüksek olan bir endüstri bitkisidir. Pamuk, % 94–96 selüloz içeren lifleri ve % 17–24 yağ içeren tohumları ile 50’den fazla endüstri dalına hammadde sağlamaktadır (Akçar, 1986). Bu nedenle dünyanın en önemli tarım ürünlerinden biri olarak görülmektedir. Lifleri tekstil sanayinde, tohumundan elde edilen yağı insan beslenmesinde, sabun yapımında ve yağlı boya sanayisinde kullanılmaktadır.

Dünyada 32 milyon hektar alanda yetiştirilmekte olan pamuk 212 kg/da verimle, 68 milyon tonluk kütlü pamuk üretimine sahiptir. Ülkemizde 481 bin hektar alanda ekimi yapılmakta ve 448 kg/da verimle, 2.15 milyon ton kütlü pamuk elde edilmektedir (Anonim, 2010a).

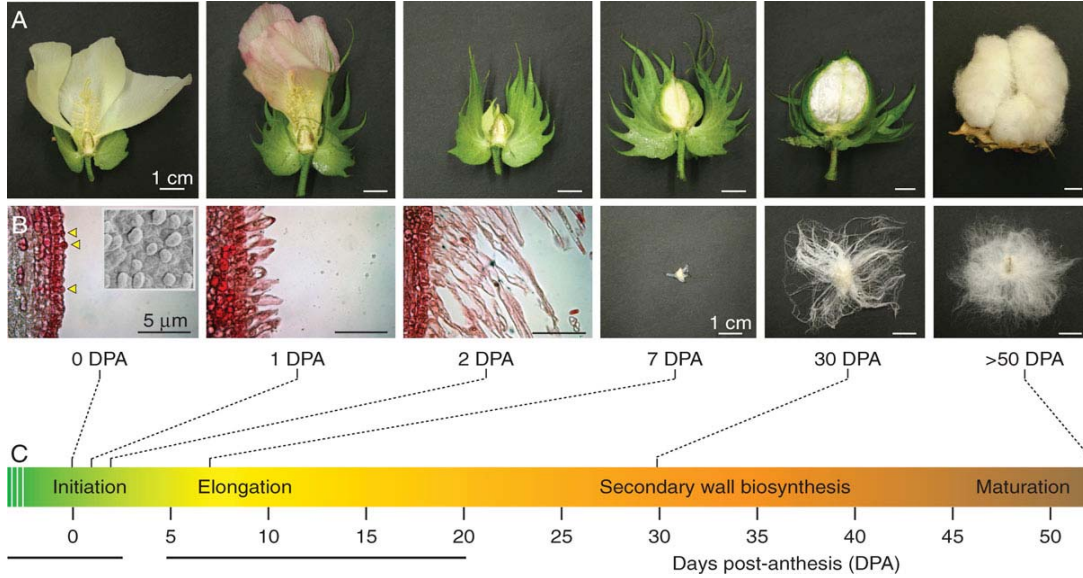
Pamuk, gerek insanlara sağladığı istihdam imkânları ve gerekse insanlığa sunduğu yararlardan dolayı önemli bir endüstri bitkisi olarak değerlendirilmektedir. Bu bitkiden daha etkin bir faydalanma sağlayabilmek ve üstün ekonomik özelliklere sahip çeşitlerin geliştirilmesi çalışmalarında; çeşidin adaptasyon bölgesi, agronomik özellikleri, verim ve kalitesinin yanı sıra bu unsurları temelde etkileyen genetik yapının belirlenmesi ve bu bilginin ıslah programlarında kullanılabilecek olanaklarının araştırılması önem arz etmektedir.

1.1. Pamukta Lif ve Hav Oluşumunun Genetik Mekanizması

Pamuk lifleri, tohum taslaklarının (ovules) epidermis hücrelerinin (dış integument) (outer integument) dışa doğru uzaması sonucu oluşmaktadır. Epidermis hücrelerinden, tohumun bombeli kısmındaki (chalazal) (iç göbek) stoma hücreleri ile sivri (micropylar) kısımdaki hücreleri dışında kalan hücrelerin çoğunluğu lif oluşturmaktadır (Tokumoto ve ark., 2002).

Lif büyüme ve gelişmesinde: başlangıç (initiation), uzama (primary wall synthesis), sekonder çeperde selülöz birikimi (secondary wall synthesis) ve olgunlaşmanın tamamlanması devrelerinden de söz edilebilmektedir (Lee ve ark., 2007; Basra ve Malik, 1984). Bu dört evre (Şekil 1.1), iç içe birbirini takip etmekte ve lif uzaması sona ermeden

16-17 dpa'da (çiçeklenmeden 16-17 gün sonra) selüloz birikmesi başlamaktadır. Upland pamuklarında, lif uzaması tamamlanmadan, sekonder çeper ağırlığının % 40'ının oluştuğu belirtilmektedir (Schuber ve ark.,1976).



Şekil 1.1. Lif oluşum evreleri (Lee ve ark., 2007)

Epidermis hücrelerinden iki tip lif oluşmaktadır. Bunlardan kısa olanlara “Hav” ve uzun olanlara ise “Lif” denilmektedir. Hav lifleri 1 mm ila 5 mm (dokuma sanayisinde kullanılamaz) uzunluğunda olup, hav hücreleri çiçeklenmeden sonra 5 -6. günlerde uzamaya başlamakta ve çiçeklenmenin 10-11. günlerine kadar uzayarak, azami uzunluğunu almaktadır.

Lif hücrelerinin farklılaşması için gerekli sinyaller mutlaka lif oluşumundan önce gerçekleşmektedir. Başlangıç lif hücreleri (cell initials) ya çiçeklenmede ya da çiçeklenmeden önce çıkar ve çiçeklenmeden 5 gün sonraya kadar (5 dpa) gelişmeye devam eder. Lif oluşumunda, -2 dpa ile 2 dpa arasında epidermal hücreler farklılaşmaya başlar (Graves ve Stewart, 1988). Bu aşamadan sonra hücre uzaması ve primer hücre duvarının biyosentezi başlamakta ve hızlı bir şekilde uzama gerçekleşmektedir (5-20 dpa). Selüloz (sekonder hücre duvarı) yığılması yaklaşık 15 dpa'da başlamakta ve en üst seviyesine 25 dpa'da ulaşmaktadır (Meinert ve Delmer, 1977). Takiben olgunlaşma ve kozaların açılması (yaklaşık) 50 dpa'ya kadar sürmektedir. Tohum üzerindeki bütün epidermal hücrelerin lif oluşturma potansiyellerinin olmasına karşın yaklaşık olarak % 15-25 kadarı ticari olarak kullanılan lifleri oluşturur (Basra ve Malik, 1984; Kim ve Triplett, 2001; Wilkins ve

Jernstedt, 1999; Tiwari ve Wilkins, 1995). Hangi hücrelerin lif oluşturacağını belirlenmesi, lif veriminin artırılmasında kullanılabilecek önemli bir unsurdur.

Lif oluşumunun ikinci döngüsünde, kısa lifler (fuzz) oluşmaktadır. Lif oluşumunda birkaç gün sonra, kısa lifler büyümeye başlamakta ve çok nadir olarak 5 mm'nin üzerine çıkmaktadırlar. Lif oluşumu ve gelişimi için brassinosterol üretiminin gerekliliği (Sun ve ark., 2004) ve dışardan yapılan brassinosteroid uygulaması sonucu, % 9.5'e kadar lif uzunluğu ve mukavemetinde bir artışın olduğu bildirilmiştir. Aynı şekilde, lifsiz mutant pamuk ovullarına yapılan uygulama ile kontrole göre, lif uzunluğunda % 16.5, lif üretiminde % 26.1 artış sağlanmıştır. Bununla birlikte yapılan farklı çalışmalarda da lif oluşum ve uzamasında etkili olabilecek genler/proteinler ortaya çıkarılmıştır. *GhDWF1* geni brassinosteroid'lerin biyosentezinde de önemli bir gendir (Ming ve ark., 2007). Çiçeklenme günü, ayrıca, golgi aygıtı ve ER (Endoplazmik Retikulum) miktarında artış gözlenmiş (Ryser, 1999; Berlin, 1986), 1 dpa'da lif uçları ovul yüzeyinden çıkmaya başlamış ve protein biyosentezi ve çekirdeğin boyutu artmıştır (Van't, 1998). Ayrıca, lif oluşumu için transkripsiyon ve dolayısıyla da transkripsiyon faktörlerine ihtiyaç vardır. *Myb109* ve *Myb2* lif oluşumu sırasında ifade edilen (ekspres) transkripsiyon faktörleridir (Suo ve ark., 2003). Öte yandan, hücre yapısının oluşmasında, yağ asitleri ve sterol biyosentezinde görev alan genler lif-mutant pamuklarda ya çok az bulunmuş veya hiç bulunmamıştır (Li ve ark., 2002).

1.2. Pamukta Lif ve Hav Oluşumunun Kantitatif Kalıtımı

Kültürü yapılan pamuk tohumunun üzeri lif ve hav (kısa lif) ile örtülüdür. Kütlü pamuk çırçırlandıktan sonra tohum üzerinde kalan normal lif artıkları ve hav liflerinin oluşturduğu yapıya "linter" denilmektedir. Lif tekstil endüstrisinin en önemli hammadde olup kolaylıkla tohumdan ayırt edilmesine karşın, linterin tohumdan ayrılması için lintergin'den geçirilmesi gerekmektedir ve bu amaç içinde işgücü ve enerjiye gereksinim duyulmaktadır. Bu şekilde linterin alınması ile tohumun ekim sırasında mibzerde akışkanlığını sağlamak mümkündür. Homojen bir ekim yapılabilmesi için tohumların üzerindeki linterin alınması gerekmektedir. Tohum üzerindeki linter asit ile yakılarak da (delintasyon) temizlenmektedir. Dolayısı ile delintasyon işlemi için masraf ve işgücüne ihtiyaç olduğu gibi bunun yanında asit kullanımının çevreye ve direkt olarak delintasyon işlemini yapan insanların sağlığına zararlı etkilerinin de düşünülmesi gerekmektedir. Bu nedenle, hav sayısı az yada çıplak tohumlu, lif yüzdesi

ve kalitesi yüksek pamuk çeşitlerinin geliştirilmesi önemlidir. Çeşitli çalışmalar sonucu elde edilmiş mutant (tamamen çıplak) yani hav ve lif oluşturmeyen genotipler mevcuttur. Bu genotipler istediğimiz özelliklere sahip çeşitleri geliştirmede gen kaynağı olarak kullanılabileceği gibi, lif oluşturma karakterinin moleküler temellerini anlamada ve araştırmada da kullanılabilirler.

Lif mutant bitkilerin bazı farklı özellikleri mevcuttur. Tohumu lif oluşturan ve çırpılamadan sonra üzerinde kısa lif (linter) kalmayan mutant tipler bulunduğu gibi bazı mutantlar ise hem lif hemde hav oluşturmazlar ve bunların havsızlık üzerine dominant özellik gösterdiği bildirilmiştir (Musaev ve Abzalov, 1972; Nadarajan ve Rangasamy, 1988; Zang ve Pan, 1991; Du ve ark., 2001). Pamukta, bir çok mutant genotipe spesifik kromozomlar üzerinde lif gelişmesi ile ilgili genlerin belirlendiği bildirilmiştir (Endrizzi ve ark. 1985; Percy ve Kohel 1999; Karaca ve ark. 2002; Kohel ve ark. 2002). Onlardan, Li_1 (Karaca ve ark. 2002) ve Li_2 'nin monogenik ve dominant olduğu, olgunlaşmış tohum üzerinde lif uzunluğunda (10 mm'den çok daha kısa) azalmalara sebep olduğu vurgulanmıştır (Griffie ve Ligon, 1929; Kohel ve ark. 1992).

Thadani (1923), (1925) havsızlık özelliğinde $N-n$ ile gösterilen tek bir genin etkili olduğunu bildirmiştir. Hav ve lif oluşumu havsız/lifsiz ile havlı/lifli genotiplerin melezlenmesiyle kantitatif genetik incelemeler yapılmış (Du ve ark., 2001; Turley ve Kloht, 2002; Turley ve ark., 2007; Turley ve Kloht, 2008) ve çıplak (havsız) tohum özelliğinin dominant ve resesif alleller tarafından kontrol edildiği bildirilmiştir. Diğer taraftan, havın niceliğini, olmasını ya da olmamasını kontrol eden birkaç gen bilinmektedir (Endrizzi ve ark. 1984; Kohel, 1973). Bunun en iyi karakterize olanı çıplak tohum lokusu, N_1N_1 ve n_2n_2 dir. Tohum üzerinde hav oluşmaması dominant N_1 lokusu tarafından kontrol edilmektedir (Turley ve Kloht, 2002). N_1 dominant allelinin olması durumunda bazen havsız tohum olarak adlandırılan, tamamen çıplak tohum oluşmaktadır. n_2n_2 resesif geni ticari pamuk varyetelerinin çoğunda mevcuttur. Genelde, bu bitkilerde, % 30'un üzerinde gerçek lif vardır. Tohumlar tamamen çıplak değildir, fakat çok az hav vardır. Turley ve Kloht (2002) bir üçüncü havsız tohum lokusunu (n_3) belirlemişler ve N_1n_1 , N_2n_2 ve N_3n_3 genlerinin pamukta lif yüzdesi üzerine etkili olduğunu ayrıca $n_1n_1N_2N_2N_3N_3$ genlerine sahip genotiplerde lif yüzdesinin % 40.5 olduğunu saptamışlardır. Çıplak tohum lokuslarına sahip bu mutant pamuk genotipleri hav oluşumu ve lif oluşumu ile ilgili kantitatif özellik lokuslarının (Quantitative Trait Locus) (QTL) belirlenmesinde önemli bir anahtar rol oynayabilir.

1.3. Markörlere Dayalı Seleksiyon ve QTL

Klasik bitki ıslahı çalışmaları fazla işgücü ve uzun yıllar alabilmektedir. Öte yandan klasik bitki ıslahı ile moleküler yöntemlerin kullanılması klasik ıslahın dezavantajlarını ortadan kaldırılabılır. Moleküler yöntemlerle istenilen özelliklere bağlı markörler tespit edilerek, erken açılım gösteren ıslah generasyonlarında markörlere dayalı seleksiyon (marker assisted selection) (MAS) mümkün olabilmektedir. Dolayısıyla zamandan ve işgücünden kazanç sağlanabilir.

Moleküler bitki ıslahında kullanılan DNA markörleri moleküler bağlantı (linkage) haritalarının oluşturulmasında göz ardı edilemez bir öneme sahiptir (Tanksley ve McCough 1997). DNA markörlerinin kullanımı ve bu markörlerin önemli özellikler ile yüksek ilişki göstermesi, ıslah hedeflerine ulaşmada bir ilerleme sağlayabilir. Pamukta moleküler bağlantı haritalarının yapılmasında çeşitli DNA markörleri kullanılmaktadır. RFLP (Restricted Fragment Length Polymorphism) markörleri ve polimeraz zincir reaksiyonuna (PCR) dayalı DNA markörleri; AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence Repeat), STS (Sequenced-Tagged Sites) ve EST-SSR (Expressed Sequence Tags-SSR) pamukta genetik haritaların yapılmasında geniş bir şekilde kullanılmaktadır (Rong ve ark., 2004; Nguyen ve ark., 2004; Han ve ark., 2004, 2006; Guo ve ark., 2007; Yu ve ark., 2007; Wu ve ark., 2009; Wan ve ark., 2007).

DNA markörleri ile oluşturulan linkage haritaları ile belirlenebilen QTL'lerin ilgilenilen agronomik ve lif özelliklerinin geliştirilmesine katkı sağlaması mümkündür. Çalışmaların çoğu özellikle lif kalite karakterleri üzerine odaklanmaktadır (Jiank ve ark., 1998; Shaply ve ark., 1998b; Ulloa ve Meredith, 2000; Kohel ve ark., 2001; Ulloa ve ark., 2002, 2005; Zhang ve ark., 2003, 2005; Lin ve ark., 2005; Park ve ark., 2005; Shen ve ark., 2005, 2006; Frelichowski ve ark., 2006; Yu ve ark., 2007; Wu ve ark., 2009). Çalışmaların lif kalitesi üzerine yoğunlaşılması, çırcır randımanı ve hav oranı üzerine çalışmaların göz ardı edilmesi anlamına gelmemelidir.

Mikrosatelitler olarak da adlandırılan SSR'lar rastgele ardışık olarak tekrarlanan ve genellikle 2 ila 6 nükleotid uzunluğundaki gruplardan oluşan DNA dizileridir. Pamuk genomu içerisinde çok sayıda bulunmaları, polimorfik yapıları, birlikte hareket edebilirlikleri (co-dominance) ve polimeraz zincir reaksiyonunda (PCR) kullanılabilirlikleri gibi özelliklerinden dolayı genetik farklılığın belirlenmesinde ve genetik

haritalamada kullanılmaktadırlar (Reddy ve ark., 2001). SSR'ları çevreleyen DNA dizileri, genellikle aynı türün bireyleri arasında temelde korunmuş oldukları için farklı genotiplerde bulunan SSR'lar iki primer (başlatıcı) ile çoğaltılarak seçimine izin vermektedir. Ardışık SSR tekrarlarının sayısındaki farklılık, PCR sonucu farklı uzunlukta DNA parçalarını çoğaltır. Tekrarlar, yakın tür ve çeşitler arasında tekrarlanan ünitelerin sayısında değişikliğe neden olan DNA'daki farklılıkları ile oldukça polimorfiktirler. SSR'ları çevreleyen korunmuş DNA dizileri primer olarak kullanılarak PCR metodu ile lokustaki farklı alleller tespit edilebilmektedir.

Mikrosatellitler farklı türlerde yüksek oranlarda farklı bantlar vermesine rağmen aynı tür içerisindeki popülasyonlardaki polimorfizm oranı düşük kalabilmektedir. Bu dezavantajı gidermek için güvenilirliği, doğruluğu ve polimorfizm oranı yüksek markör sistemleri (AFLP gibi) kullanmak isabetli olacaktır.

AFLP markörleri uygulanabilirliği kolay, kısa sürede yapılabilmesi, PCR temelli olması ve yüzlerce polimorfik bant üretmeleri gibi avantajlara sahiptir. Ancak dominant markör olmalarından dolayı heterozigot (co-dominance) bireylerin saptanmasında ve heterozigotluk testlerinde kullanılamazlar. Ayrıca birçok organizmada genom boyunca çok sayıda polimorfik bant belirlenmesine ihtiyaç duyulduğundan genetik haritalama yapmak oldukça zordur (Lynch ve Walsh, 1998; Mitchell-Olds, 1995). Ancak AFLP markörlerinin genomu hakkında bilgilerin kısıtlı olduğu bitki yada mikroorganizmaların genetik haritalarının çıkartılmasında etkili bir markör sistemi olduğu söylenebilir.

Hav oranı düşük ve lif yüzdesi yüksek genotipleri belirlemek ve bu karakterlerle ilişkili markörlerin elde edilmesi, yapılacak ıslah çalışmalarında avantaj sağlayacaktır. Bu çalışmada; lif ve hav oluşumunun genetik kalıtımının incelenmesi ve bu özellikler ile ilgili genetik haritalar hazırlanarak bu karakterleri kontrol eden gen bölgeleri/QTL'lerin belirlenmesi hedeflenmiştir. Ayrıca, az hav ve çok lif oluşturan genotipleri bu karakterle ilişkili markörleri belirleyerek bundan sonra yapılacak ıslah çalışmalarına katkı sağlamak amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Hav veya Lif Oluşumunun Genetiksel Kalıtımı ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Griffie ve Ligon (1929), hiç lif olmayan düz tohuma sahip lifsiz diye adlandırdıkları bir pamuk bitkisi elde etmişlerdir. Lifsiz karakter yönünden yaptıkları genetik analiz sonucunda tek bir genin etkili olduğunu ve bir mutasyon sonucunda meydana gelebileceğini bildirmişlerdir.

Ware (1940), pamuk tohumlarında iki tip lifin olduğunu ve kısa olan lifin (hav) çırpılamadan sonra tohum yüzeyinde kaldığını belirtmiştir. Çeşitlerin verimliliği ve havın miktarı arasında bir korelasyonun olduğunu ve araştırmacıların dikkatini çektiğini belirtmiştir. Yaptığı çalışmada hav oluşumunun genotipik dağılımını 1:2:1 olarak bulmuştur.

Ware ve ark. (1947), upland pamuklarda çıplak tohum x havlı tohum melezinde çalışmış ve havsızlığın dominant karaktere sahip olduğunu göstermiştir. Çalıştığı Acala mex x Acadien brown popülasyonun genotipik olarak 13:3 dağılım gösterdiğini saptamıştır. Bu dağılımın epistatik etkiden değil dominant genlerden etkilendiğini bildirmiştir.

Kohel (1972), Texas College Station'da yürütülen bir çalışmada linkage analiz sonuçlarını bildirmiştir. "Ligon lindles" çeşidinin çeşitli kombinasyonlar ile linkage analiz testine tabi tutulduğunu ve dominant basit bir kalıtım gösterdiğini ve *Li* ile sembolize edildiğini bildirmiştir.

Nadarajan ve Sree Rangasamy (1988), 1984 yılında MCU-5 pamuk genotipi içerisinde belirlenen lifsiz-havsız mutant tipin kalıtımını incelemişlerdir. Havlı-lifli ve havsız-lifsiz açılım oranları ilk melezlemede 15:1, ikinci melezlemede 63:1, üçüncü, dördüncü ve beşinci melezlemede 255:1 olarak bulmuşlardır. Bu oranlardan, inceledikleri karakter üzerine 2-4 genin etkili olabileceğini ve havsız-lifsiz karakterinin havlı-lifli karakterlere resesif olduğunu bildirmişlerdir.

Narbuth ve Kohel (1990), 1984'de Texas tarımsal deneme istasyonunda Dr. G. A. Niles tarafından ıslah hattında anormal kısa liflere sahip *Gossypium hirsutum* L. türüne ait bir bitki bulunmuştur. Bu bitkinin "ligon lindles"e benzer kısa lifler ürettiğini gözlemlemişlerdir. "Ligon lindles" in aksine normal bir vejetatif gelişme gösterdiği, bu yeni mutant bitkinin "ligon lintles" ile allelik olmadığını bildirmişlerdir. Bu yeni mutant ile

normal bir bitkinin melezlenmesinde yeni mutant karakterin dominant tek bir gen tarafından kontrol edildiğini belirlemişler ve bu yeni mutant “ligon-lindles 2” olarak adlandırmışlar “ Li_2 ” olarak sembolize edilmiştir.

Endirizi ve Ray (1991), Amphidiploid pamuklarda (*Gossypium hirsutum* L.), monosomik stokların spesifik kromozomlara genetik markörlerin ilişkilendirilmesinde kullanılabileceğini belirtmişlerdir. Bir genin spesifik bir kromozomla ilişkilendirilmesinde, monotelodisomesler, kromozomun kısa yada uzun kolu ile ilişkilerinin belirlenmesinde kullanılabilirler. Otuz dört mutant gen kullanarak yaptıkları araştırmada çıplak tohum lokusunun (N^1_1) 26. kromozomun uzun kolunda olduğunu ve basit bir dominant segregasyon gösterdiğini, n_2 lokusu ile benzerlik gösterdiğini ve N^1_2 şeklinde sembolize edildiğini bildirmişlerdir.

Zang ve Pan (1991), Çin’de bulunan; N_1 , n_2 ve çıplak tohum genlerine sahip havsız-lifsiz mutan pamukların kalıtlarını inceledikleri bu çalışmada, havsız-lifsizlik karakterlerinin iki resesif gen tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir. Bu genlerden bir tanesi hav oluşumunu, diğeri ise lif oluşumunun engellenmesini kontrol etmektedir. Havsızlık geni, çıplak tohum geni n_2 ile benzerlik gösterirken, dominant havlılık geni N_2 lifsizlik geni üzerine epistatik dominans etki göstermektedir. Kısaca melezleme sonucu elde ettikleri F_2 popülasyonu güzel bir dihibrit segregasyonu (9:3:4) göstermiştir. Bu mutantın genotipinin $li_3li_3n_1n_1N_2N_2$ olabileceğini bildirmiş ve lifsizlik genini li_3 ile sembolize etmişlerdir.

Du ve ark. (2001), lifsiz ile normal genotiplerin melezlenmesi ile oluşturduğu F_2 ve BC_1 popülasyonlarında hav ve lif olup olmama durumlarını incelemek için yaptığı çalışmada; havsız-lifsiz x havlı lifli melezinden elde edilen F_2 popülasyonunda havsız-lifsiz, havsız-lifli ve havlı-lifli açılımlarını 45:15:4 olarak bulmuşlardır. Havsız-lifli x havlı-lifli melezinin F_2 açılım oranlarını 9:39:16 olarak BC_1F_1 açılım oranlarını ise 1:3:4 olarak bulmuşlardır. Homolog olmayan dört gen lokusunun interaksiyonu tarafından kontrol edildiğini ve bu genlerin N_1 , N_2 , Li_3 ve Li_4 olduğunu bildirmişlerdir. Burada N_1N_1 geninin hav oluşması yada gelişmesinden, N_2N_2 geninin ise hav oluşması yada gelişmesini engellediğini, Li_3Li_3 ve Li_4Li_4 genlerinin de lif oluşmasından sorumlu olduğunu bildirmişlerdir.

Turley ve Kloth (2002), havsızlık fenotipinin kalıtımını incelemek için bir açılım popülasyonu oluşturmuşlardır. Hat (accession) 143 havsızlık fenotipi göstermekte ve

DP5690 ile melezlenmesi sonucu geliştirilen F_2 , BC_1F_1 , $F_{2:3}$ ve BC_1F_2 popülasyonlarını kullanmışlardır. Havsız tohumlar ikinci bir resesif lokusa sahip olan n_2n_2 bitkilerinden elde edilmiştir. Dominant N_3 allelini DP5690 çeşidinin taşıdığından, n_2 bitkilerine bu bitkiden geçmiştir. 243 nolu genotip, tohumda havın bulunmasını sağlayan dominant N_1 lokusunu taşımaktadır. DP5690 x 243 melezinden geliştirilen popülasyonlarda bir varyasyon elde edilememiş ve N_3 allelinin N_1 alleleline bir etkisinin olmadığını bildirmişlerdir. 243 x 143 aksesyonları arasında yapılan melezlemede, birkaç bitkinin tamamen lif ve hav oluşturmadığını gözlemlemiş ve bu bitkiden yeni bir lifsiz hat geliştirmişler ve bu hattı MD 17 olarak adlandırmışlardır. Bu yeni hattı DP5690 ile melezlediklerinde, lifsizlik fenotipinin görülebilmesi için en az 3 lokus bulunması gerektiğini görmüşlerdir.

Ding Y-Z ve ark. (2007), lif mutant pamukların genetik ve fonksiyonel genomik araştırmalarında çok önemli olduğunu bildirmişlerdir. XinWX havsız-lifsiz ve XinWX'den oluşturulan FLM ise havsız lifli mutant pamuklardır. Bu iki lif mutant pamuk genotiplerinin melezlenme sonucu oluşturulan 5 farklı F_2 döl kuşağında kalıtımlarını incelemişlerdir. Genetik analizler sonucunda lif ve hav gelişimi sırasında XinWX ve TM-1 arasında iki farklı lokusun olduğunu ve XinWX'den elde edilen FLM'nin lif gelişmesinde bir farklı dominant locusa sahip olduğunu saptamışlardır. Allelik testler XinWX'nin havsız-lifsiz genlerinin XZ142WX genotipi ile allelik olduğunu ve FLM'nin havsız-lifli genleri ile resesif çıplak-tohum geni n_2 'nin allel olduğunu göstermiş ve lif gelişmesinde bir farklı lokusun etkili olduğunu belirlemişlerdir.

Turley ve ark. (2007), ulusal pamuk germplasm koleksiyonundan elde ettikleri 15 havsız pamuk hattını değerlendirmişler ve bu hatların 14'ünün dominant alleli N_1 'in homozigot olduğunu bulmuşlardır. Sadece 1 hatta resesif allel n_1 'in homozigot olduğunu saptamışlardır.

Turley ve Kloth (2008), upland (*Gossypium hirsutum* L.) pamuk olan SL1-7-1 hattının lifsiz tohum fenotipinin kalıtımını değerlendirmek için bir açılım popülasyonu geliştirmişlerdir. SL1-7-1 ile yabancı tip DP5690, havsız 143 hattı, havsız 243 hattı ve MD17 genotiplerini melezlemişler ve SL1-7-1 X DP5690 melezlemesi sonucu oluşturulan F_1 , F_2 ve $F_{2:3}$ soy hatlarında dominant havsız tohum alleli N_1 'in 2:1 fenotipik dağılım gösterdiğini belirlemişlerdir. SL1-7-1 genotipinin resesif n_2 allelinden yoksun olduğunu ve resesif n_3 alleleline sahip olduğunu belirlemişlerdir. SL1-7-1 genotipinin fenotipinin $N_1N_1fl_1fl_1n_3n_3$ olduğunu saptamışlardır.

2.2. Hav ve Lif Oluşumu ile İlgili Genetik Haritalama Çalışmaları

Rong ve ark. (2005), daha önceden belirlenmiş, dört tanesi dominant (Li_1 , Li_2 , N_1 ve Fbl) ve üç tanesi resesif (n_2 , $sma-4(h_a)$, ve $sma-4(fz)$) özellik gösteren yedi adet lif mutant pamukları kullanarak 6 farklı F_2 popülasyonu oluşturmuşlar ve genetik haritalama yapmışlardır. Daha önceden bildirilen linkage (baglantı) analizlerine göre n_2 hariç bütün haritalama lokasyonlarının uyumlu olduğunu, üç mutasyonun hav (N_1 , Fbl , n_2) üzerine etkilerinin benzer popülasyonlarda lif verimliliğinden etkilenen QTL'lere yakın haritalandığını bildirmişlerdir. Bununla birlikte, sadece Li_1 mutant olmayan melezlerde belirlenen 191 lif QTL'ler ile haritalanmamış ve bu mutasyonun pamuk lif oluşumunda erken rol alan genlerde meydana gelebileceğini bildirmişlerdir.

Abdurakhmonov ve ark. (2007), kendilenmiş akraba pamuk hatlarında (RILs) yaptıkları genetik haritalama çalışmalarında 304 SSR markörü kullanmışlar ve bu markörlerden 17'sinin lif oranı ile önemli ilişki gösterdiğini ve bu markörlerin 12, 18, 23 ve 26. kromozomlar üzerinde olduğunu belirtmişlerdir.

An ve ark. (2010), havsız-lifsiz MD17'den oluşturulmuş iki F_2 popülasyonunda yaptıkları genetik haritalama çalışmasında; 26. kromozom üzerinde lif oranı ve indeksiyle ilişkili BNL3482-138 markörleri arasında bir QTL bölgesi belirlemişlerdir. Ayrıca tek markör analizinde 12. kromozomun uzun ucunda lif oranı ve indeksiyle önemli derecede ilişkili bir QTL (STV79-108) saptamışlardır.

2.3. Pamukta (*Gossypium* spp.) Yapılan Diğer Genetik Haritalama Çalışmaları

Zhang ve ark. (2003), lif mukavemetini kontrol eden QTL bölgesini tespit etmek için kullandıkları TM-1 x 7235 (*G. anomalum*) melezinden elde edilen F_3 generasyonunda 9 moleküler markör tespit etmişlerdir. Bu markörlerden 3'ü SSR ve 6'sı ise RAPD olup lif mukavemetini kontrol eden 2 QTL'e bağlı olduğunu tespit etmişlerdir. Bu QTL'lerden 1 tanesinin (FS1), 8 markörle bağlantılı olduğu, % 30 varyasyonu tahmin edebilen ve 10. kromozom üzerinde haritalandığı belirtilmiştir.

Lin ve ark. (2005), lif kalitesiyle ilgili karakterleri çalışmak amacıyla *G. barbadense* ve *G. hirsutum* türleri arasında melezleme yaptıklarını ve SRAP, SSR, RAPD markörlerini moleküler çalışma amaçlı kullandıklarını belirtmişlerdir. Sonuç olarak F_2 popülasyonunda yaptıkları haritalama sonucunda; lif mukavemeti için 2 QTL, lif uzunluğu

için 4 ve micronaire için 7 QTL belirlediklerini bildirmişlerdir. Lif inceliği için belirlenen 1 QTL'in ise 10. kromozom üzerinde olduğunu bildirmişlerdir.

Bölek ve ark. (2005), pamukta solgunluk hastalığını kontrol eden QTL'lerin belirlenmesi amacıyla yaptığı çalışmada CM23 markörünün solgunluk hastalığını kontrol eden bir QTL'le birlikte segregasyona uğradığını bildirmişlerdir.

Wan ve ark. (2007), bir upland pamuk melezi olan (Yumian 1xT586) ve F₂ popülasyonundan gelen 270 rekombinat inbred hattı kullanarak kromozom 6'nın bir genetik linkage haritalamasını yapmışlar. Bu genetik haritalama bir morfolojik ve 18 SSR lokusu içermekte ve bu iki markör arasındaki ortalama mesafenin 5.34 cM olduğunu saptamışlardır. Lif yüzdesi, lif uzunluğu, lif uzunluk ünüformitesi, lif mukavemet ve dikenli kurt dayanıklılığı (*Earias* spp) ile ilgili QTL'lerin 6. kromozomun t₁ lokus bölgesinde olduğunu saptamışlardır.

Wu ve ark. (2009), on dört agronomik ve lif kalite özellikleriyle ilişkili QTL'ler saptamak için 188 tane kendilenmiş akraba hatta genetik haritalama yapmak amacıyla 141 SSR makörü kullanmışlardır. Bu markörler 125 SSR lokusunda ve 965 cM haritalama uzaklığında 26 linkage grubu oluşturmuşlardır. 24 linkage grubu (115 SSR lokusu) spesifik kromozomlarda bulunmuştur.

2.4. Lif Oluşumuyla İlgili Belirlenen Genler

John ve Crow (1992), yaptıkları çalışmada pamuk lifi cDNA kütüphanesinde “diffenretial screening” yöntemiyle sadece liflerden izole edilen 5 adet cDNA klonu izole etmişlerdir. Bu klonlardan bir tanesi olan pCKE6, liflerde çok miktarda bulunan bir mRNA'ya karşılık gelmektedir. E6 mRNA'sının ürünü olarak iki polipeptid (30-32 kd) belirlenmiştir. E6 mRNA ve protein konsantrasyonları primer hücre duvarının oluşmasının son aşamalarında ve sekonder hücre duvarının başlangıç aşamalarında en yüksek seviyeye ulaşmıştır. E6 ya da homolog genlerinin *Malveceae* familyasının bazı üyelerinde korunduğunu bildirmişlerdir.

Zhu ve ark. (2003), yaptıkları çalışmada pamuktan (*Gossypium hirsutum* L.) WBC (white/brown complex) alt-ailesine ait ATP-binding cassette transporter proteinini kodlayan *GhWBC1* genini izole etmişlerdir. *GhWBC1* geni, gelişmekte olan liflerde yüksek oranda ifade edilen bir gen olup kök haricinde diğer dokularda da transkriptine rastlanmıştır. Transkript seviyesi özellikle hızla uzayan liflerde en üst seviyeye çıkmıştır

(5-9 DPA) ve sonrada azalmıştır. Aynı genin lifsiz pamuklarda ekspresyon seviyesi çok düşük bulunmuştur. Buradan da *GhWBC1* geninin lif uzamasıyla ilgili olduğu sonucuna varılmıştır.

Preuss ve ark. (2004), *GhKCHI* genin mikrotübüller ve aktin mikrofilamentler arasındaki etkileşimde bir rol oynadığını düşünmüşlerdir. Yaptıkları in vitro actin-binding çalışmasında; *GhKCHI* geninin CH domainini içeren N-terminal bölgesinin aktin mikrofilamentlerle direkt olarak interaksiyonunu bulmuşlardır. CH domain içeren kinesinler (KCHs) sadece yüksek bitkilerde belirlenmiştir. Kinesinler, mikrotübüller üzerine, ATP ve hidroliz bakımından etki eden motor proteini olarak bilinmektedir. Sonuç olarak CH domain genellikle actin-binding proteinlerde bulunmasından dolayı, *GhKCHI* (kinesin protein) aktin network ağını düzenleyici bir görevi olduğunu bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2004), RT-PCR ve *in situ* analiz yöntemiyle yaptıkları çalışmada *GaMYB2* geninin gelişmekte olan liflerin erken dönemlerinde yoğun bir şekilde ifade edildiğini bulmuşlardır. Aynı geni Arabidopsise aktardıklarında (*GL1*, *GaMYB2*) *gll* mutantında trikom oluşumunu sağladığını ve tohumda trikom oluşumunu uyardığını gözlemlemişlerdir. Ayrıca *GL1* ve *GaMYB2* genlerinin ilk intronlarının trikomların yapısal düzenlenmesinde rol oynadıklarını bildirmişlerdir. Belirtilen dizilim (ilk intron) trikomu artırıcı, trikom üretmeyen hücrelerde ise represör görev yaptığını bulmuşlardır. *GL1* *WEREWOLF* *GaMYB2* genlerinin birinci intronlarında korunmuş olan MYB motifinin trikom üretimini etkilemiştir. Bu sonuçlara göre pamuk ve Arabidopsis'in trikomların düzenlenmesinde benzer transkripsiyon faktörlerini kullandıklarını ve *GaMYB2* geninin pamuk lifi gelişmesinde anahtar düzenleyici olarak görev aldığını bildirmişlerdir.

Lee ve ark. (2006), yaptıkları çalışmada lif hücresinin gelişmesinde görülen moleküler ve hücresel olayları lifsiz (*NINI*) ve onun izogenik hatlarında çalışmışlardır. Dominant mutasyonun sadece lif hücresinin oluşumu ve uzamasını geciktirmediğini aynı zamanda toplam lif hücrelerinin sayısını azalttığını ve sonuçta aralıklı dağılmış kısa liflerin oluştuğunu bulmuşlardır. Gen ekspresyon değişimleri (TM-1, *NINI*) mutant hatlarında pamuk microarray'leri kullanılarak dört dokuda incelenmiştir. Ovül, lif taşıyan ovüller, lifler ve lifsiz dokularda bulunan 23 adet lifle ilişkili genlerin kantitatif RT-PCR analizi sonucunda lif gelişiminin erken dönemlerinde hücre farklılaşması sinyal iletimi, iletimsel ve transkripsiyonal düzenlemede görev alan genlerin geçici olarak düzenlendiğini bildirmişlerdir.

3. MATERYAL ve METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki materyali

Çalışma materyali *Gossypium hirsutum* L. türüne dahil üç farklı ebeveynden oluşmaktadır (Çizelge 3.1). Stoneville 453 (Stn 453) ebeveyni Güney Doğu Anadolu Bölgesi'nde yetiştirilen standart çeşitlerden birisi olup, normal olarak lif veren ve tohumları yoğun havlı olan bir çeşittir. PI 528429 (PI) genotipi ABD orijinli, çok az miktarda lif oluşturan ve havsız bir genotiptir. Lifsiz genotipi ise tamamen çıplak ve lif oluşturmayan bir genotiptir (Şekil 3.1).

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan ebeveynler, özellikleri ve elde edilen melezler

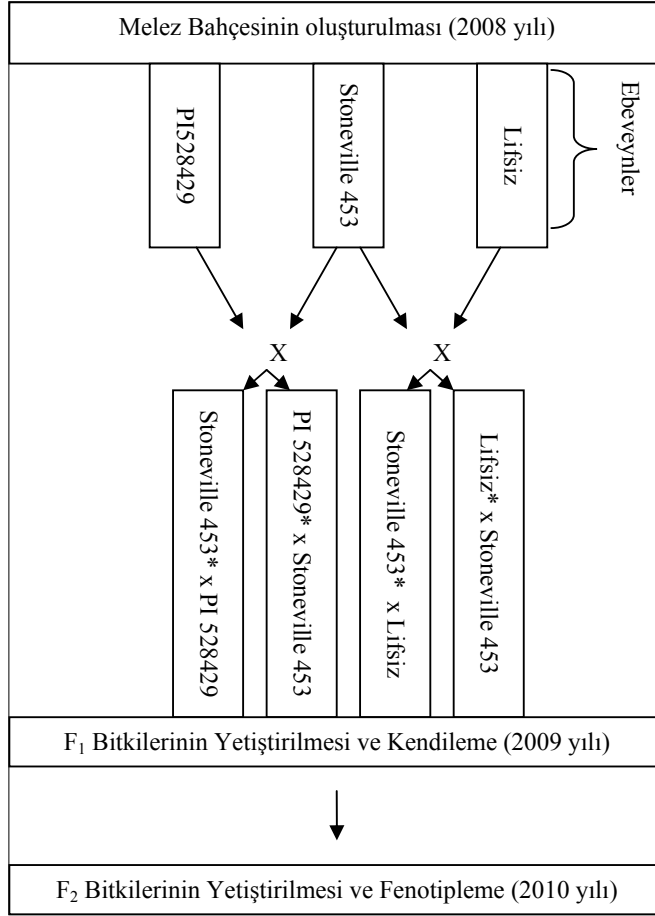
Ebeveynler	Türü	özellikleri
1 Stoneville 453 (Stn 453)	<i>G. hirsutum</i> L.	yogun havlı-lifli
2 PI 528429 (PI)	<i>G. hirsutum</i> L.	havsız-çok az lifli
3 Lifsiz	<i>G. hirsutum</i> L.	havsız-lifsiz

*: Melezlemede ilk yazılanlar ana, ikinci yazılanlar baba olarak kullanılmıştır.



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan ebeveynlerin hav ve lif durumları (A: Stn 453, B: PI, C: Lifsiz)

Bu 3 farklı ebevynden 4 farklı melezleme (Stn 453 x PI, PI x Stn 453, Stn 453 x Lifsiz ve Lifsiz x Stn 453) yapılmış, fakat Lifsiz x Stn 453 melezinde yeterli sayıda F₂ bitkisi elde edilemediğinden çalışmadan çıkartılmıştır. Fenotipik analizlerde diğer 3 adet F₂ döl kuşağı kullanılmış olup moleküler çalışmalarda ise en fazla sayıda F₂ bitkisi elde edilmiş olan Stn 453 x PI melez F₂ döl kuşağı kullanılmış ve Melezlemeden F₂ bitkilerinin yetiştirilmesine kadar geçen dönemde uyulan çalışma planı Şekil 3.2’de gösterilmiştir.



Şekil 3.2. F₂ popülasyonlarının oluşturulmasında takip edilen çalışma planı (*:ana olarak kullanılan ebeveyn)

3.1.2. Deneme yeri ve yılı

Bu çalışma, 2008-2010 yıllarında, Kahramanmaraş Tarımsal Araştırma Enstitüsü deneme tarlalarında, 2010 yılında KSÜ, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü Tohumluk laboratuvarında ve 2010-2011 yıllarında KSÜ-ÜSKİM Bitki Moleküler Genetik Laboratuvarlarında yürütülmüştür.

3.1.3. Deneme alanının genel tanımı

Kahramanmaraş ili, 37-38° kuzey paralelleri ile 36-37° doğu meridyenleri arasında yer almaktadır. Merkez ilçe deniz seviyesinden 568 m yükseklikte olup, ilin kuzey kesimleri oldukça dağlıktır. İlin toprakları, yükseltileri 3000 m'ye varan Torosların uzantıları olan dağlar arasında kalan bir yerdir. Yeryüzü şekilleri genellikle Güneydoğu Torosların uzantıları olan dağlarla bunlar arasında kalan çöküntü alanlarından oluşmaktadır. 14 bin 327 km²'lik alanla Türkiye yüzölçümünün % 1.8'ini kaplayan Kahramanmaraş toprakları, hem Akdeniz hem de Doğu Anadolu bölgesinde yer aldığından iklim, bitki örtüsü ve toprak çeşitleri yönünden doğal bir zenginliğe sahiptir (Anonim, 2006a)

3.1.4. Deneme yerinin iklim özellikleri

Çalışmanın yürütüldüğü Kahramanmaraş İli, Türkiye'nin Doğu-Akdeniz Bölgesinde, 37-38° kuzey paralelleri ve 36-37° doğu meridyenleri arasında bulunan, rakımı ise 568 m'dir. Yörede esas itibarıyla Akdeniz iklimi etkili olup, gece-gündüz arası sıcaklık farkı düşük, mevsimler arası sıcaklık farkı ise büyüktür. Kışları genellikle ılık ve yağışlı, yazları ise sıcak ve kurak geçmektedir.

Araştırmanın yapıldığı aylara ait bazı iklim verileri uzun yıllar ortalaması ile birlikte Çizelge 3.2'de verilmiştir (Anonim, 2010b).

Çizelge 3.2. Deneme yılı ve uzun yıllar ortalamasına ait bazı iklim verileri

Aylar	Yağış (mm)		Ort. Sıcaklık (°C)		Nispi Nem (%)	
	2010	Uzun Yıllar (1975-2009)	2010	Uzun Yıllar (1975-2009)	2010	Uzun Yıllar (1975-2009)
Nisan	82.8	75.9	16.8	15.3	57.2	58.5
Mayıs	28.4	39.6	22.1	20.3	57.3	54.6
Haziran	5.0	6.0	26.1	25.1	55.9	50.6
Temmuz	0	1.1	29.3	28.3	58.5	52.4
Ağustos	0	0.5	32.3	28.3	55.5	54.3
Eylül	1.1	7.4	27.7	25.0	52.5	51.6
Ekim	137.4	50.7	19.0	19.0	59.9	55.1
Toplam	286.4	181.2	173.3	161.3	396.8	377.1
Ortalama	40.9	25.8	24.7	23.04	56.6	53.8

Çizelge 3.2 de Kahramanmaraş'ta uzun yıllar ortalamasına göre yetiştirme sezonu toplam yağış miktarı 181.2 mm'dir. Araştırmanın yürütüldüğü 2010 yılı yetiştirme sezonu toplam yağış miktarı 286.4 mm olmuştur. Uzun yıllar ortalamasına göre, 2010 yılında

105.2 mm daha fazla yağış olmuştur. Yağışlar bitkilerin gelişimi için yetersiz olduğundan bitkilerin ihtiyaç duydukları su 7–10 gün aralıklarla salma sulama ile verilmiştir.

Uzun yıllar ortalamasına göre, Kahramanmaraş'ta deneme aylarındaki ortalama sıcaklık 23.04 °C'dir. Araştırmanın yürütüldüğü 2010 yılındaki deneme aylarına ait ortalama sıcaklık değeri 24.7 °C olmuştur. Deneme yılı, uzun yıllar ortalamasına göre daha yüksek ortalama sıcaklık değerlerine sahip olduğu görülmektedir. Bu durumda deneme yılının nispeten daha sıcak ve kurak geçtiği söylenebilir.

Denemenin yürütüldüğü bölgede uzun yıllar ortalamasına göre yıllık ortalama nispi nem % 53.8'dir. Araştırmanın 2010 yılındaki deneme aylarına ait nispi nem değerleri ise % 56.6 olmuştur. Bu değer uzun yıllar ortalamasından daha yüksek olmuştur (Çizelge 3.2).

3.2. Metot

3.2.1. Toprak hazırlığı, ekim, kültürel işlemler ve hasat

3.2.1.1. Toprak hazırlığı

Tarla, yabancı ot durumuna göre iki kez kültivatör ile yüzlek olarak işlenmiştir. Deneme alanına, ekim zamanı toprak işleme öncesinde, dekara saf olarak 7 kg azot (N) ile 7 kg fosfor (P_2O_5) baz alınarak gübreleme (20-20-0) yapılmıştır. Gübreler toprak yüzeyine gübre dağıtıcısı ile dağıtıldıktan sonra kültivatör ile yüzlek olarak toprağa karıştırılmış ve iki kez tapan çekilerek toprak ekime hazır hale getirilmiştir.

3.2.1.2. Ekim

Tohum kaybını önlemek için 27 Nisan 2010 tarihinde önce viyollere ekilmiş ve daha sonra 25 Mayıs 2010 tarihinde gerçek yaprak sayıları 2-3'e ulaşan fideler toprağa şaşırtılmıştır. Fidler, 12 m uzunluğundaki parsellere 20 cm sıra üzeri ve 70 cm sıra aralığı olacak şekilde dikilmiş ve can suyu verilmiştir.

3.2.1.3. Kültürel işlemler

3.2.1.3.1. El ve traktör çapası

Yeni gelişmekte olan pamuk fidelerini yabancı otların rekabetinden korumak ve fide köklerinin gelişmesini ve derinlere inmesini sağlamak için 3 kez el çapası ve elle boğaz doldurma, 3 kez traktör çapası ve 2 kez ot temizliği yapılmıştır.

3.2.1.3.2. Sulama ve üst gübrelemesi

Üst gübresi olarak; 10.4 kg/da saf azot olacak şekilde gübreleme (% 26'lık Amonyum Nitrat) düşünülmüş ve iki aşamalı olarak uygulanmıştır. İlk aşamada 5.2 kg/da ilk sulamadan önce gübre mibzeri ile sıra aralarına uygulanmış ve azotun geri kalan kısmı ise ikinci sulamadan önce gübre mibzeri ile sıra aralarına uygulanmıştır. Uygulama sonrası karık usulü sulama yapılmıştır. Sulama işlemi bitkinin ihtiyacı ve toprağın durumu dikkate alınarak 8–10 gün aralıkla toplam 10 kez yapılmış ve kozaların % 20-30'u açıldığı devreye doğru sulamalara son verilmiştir.

3.2.1.4. Hasat ve çırçırılama

Her bir melez kombinasyonuna ait melez kozalar ayrı ayrı elle hasat edilerek elle çırçırılanmıştır. F₁ kuşağında ise kendilenmiş kozalar ayrı ayrı hasat edilmiş ve çırçır makinası ile çırçırılanmıştır. F₂ döl kuşağında yetiştirilen her bir tek bitki ayrı ayrı el ile hasat edilmiş ve Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü Tohumluk laboratuvarına getirilerek, 2010 yılında örnekler ayrı ayrı deneme çırçırı ile çırçırılama işlemi yapılmıştır.

3.2.2. Lif ve hav oluşumu yönünden açılım popülasyonlarının oluşturulması

Bu çalışma, 2008-2010 yıllarında tarlada kurulan ve Şekil 3.2'de gösterilen plana uygun olarak yürütülmüştür.

3.2.2.1. Kısırlaştırma (emasculation)

2008 yılında kurulan melez bahçesinde, bir gün sonra açacak olan pamuk çiçekleri saat 15.00 ile 18.00 arasında erkek organların (anter) çiçekten uzaklaştırılması ile kısırlaştırma işlemi gerçekleştirilmiştir. Kısırlaştırılan çiçekler pipet ile kapatılarak etiketlenmiş ve melezleme işlemine hazır hale getirilmiştir.

3.2.2.2. Tozlayıcı çiçeklerin hazırlığı

Yine kısırlaştırma işleminin yapıldığı saatlerde, bir gün sonra açacak olan çiçekler ince tel ile bağlanarak melezlemede kullanılacak çiçeklerin yabancı çiçek toz alması engellenmiştir. İnce tel öncelikle çiçek sapına bağlanmış ve sonrasında çiçek taç yaprakları bağlanarak tozlayıcı çiçek hazır hale getirilmiştir.

3.2.2.3. Melezleme ve kendileme

Bir sonraki gün sabah tozlayıcı çiçekler polenlerini serbest bıraktıklarında, kısırlaştırılan çiçeklere polen sürülerek melezleme yapılmış ve yine polenle muamele edilen çiçek etiket bağlanarak koruma altına alınmıştır. Bu şekilde her bir melezen 3'er koza melez elde edilmiştir.

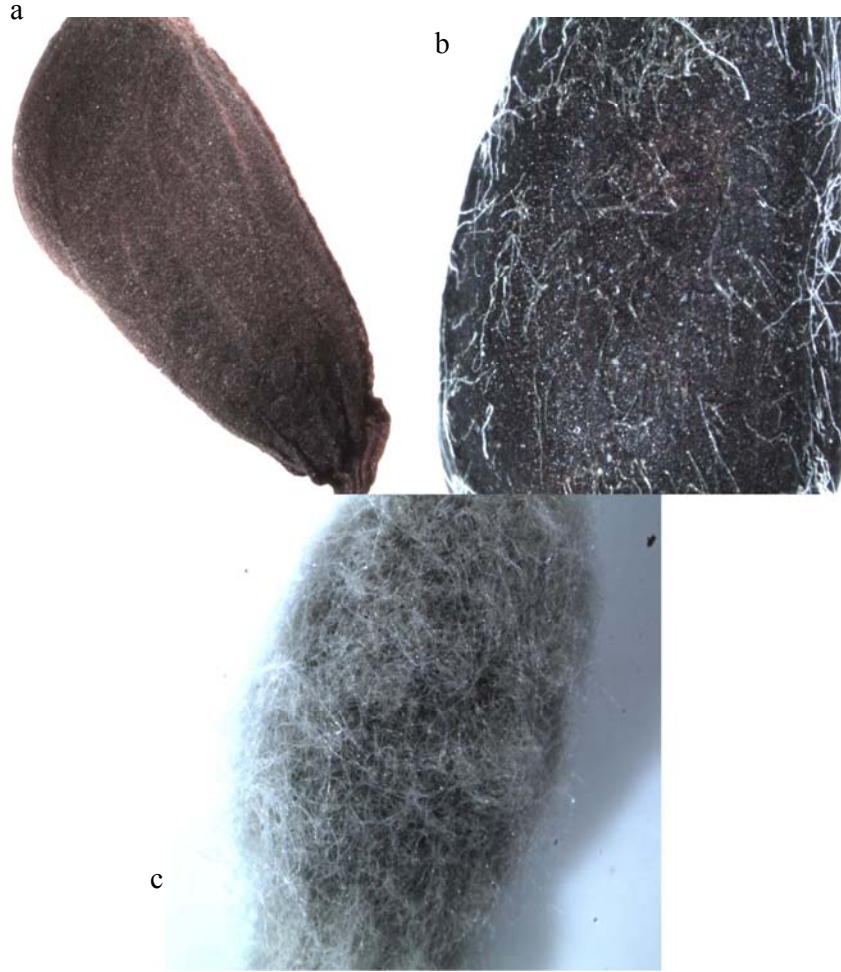
2009 ve 2010 yılında F_1 ve F_2 bitkileri yetiştirilerek yabancı tozlanmayı engellemek amacıyla çiçekler, tozlayıcı çiçeklerin hazırlığı kısmında olduğu gibi kapatılarak kendileme işlemi yapılmış ve F_1 kuşağında her bir popülasyondan 5'er adet kendilenmiş koza hasat edilmiştir.

3.2.3. İncelenen özellikler

Fenotiplemeler 2010 yılında F_2 döl kuşağında yapılmış ve incelenen özellikler aşağıda verilmiştir.

3.2.3.1. Hav ve lif fenotiplerinin sınıflandırılması

Lif fenotipleri; lifli veya lifsiz olarak 2 sınıfa ayrılmıştır. Havsız tohumlar; tohum yüzeyinin çoğunda hav içermeyen sadece mikropil yada şalazal ucunda az hav olan tohumlardır. Havlı tohum ise, tohumun bütün yüzeyinde yoğun şekilde kısa lifler içeren tohumlardır. F_2 tohumlarındaki hav durumu yönünden gruplandırmada 3 farklı metot uygulanmıştır. Bu metotlardan ilki HV_1 ; tohumlar hav yönünden havlı ve havsız olarak iki gruba ayrılmıştır. Şekil 3.3a ve Şekil 3.3b'deki tohumlara benzer tohumlar havsız (1) olarak, Şekil 3.3c'ki tohumlara benzer olanlar havlı (2) olarak gruplandırılmıştır. İkinci gruplama yöntemi ise HV_1 ; havlı, çok az havlı ve havsız olacak şekilde bireyler 3 gruba ayrılmış ve 1-3 arasında numara verilerek kodlanmıştır. Şekil 3.3a'daki tohumlara benzer olanlara havsız (1), Şekil 3.3b'deki tohumlara benzer olanlara çok az havlı (2) ve Şekil 3.3c'deki tohumlar havlı (3) olarak gruplandırılmıştır. Üçüncü fenotipleme yöntemi HV_2 ; bu grupta tohumlar hav durumlarına göre 6 gruba ayrılmış ve 1-6 arasında numara verilmiştir. Gruplamada tohum yüzeyinde % 0 (1), % 2.5 (2), % 5 (3) % 10 (4), % 20 (5) ve % 100 (6) hav kaplı olarak yapılmıştır. Burada 1 ile 5 arasındaki gruplar havsız sınıfa dahil, 6. grup havlı sınıfındadır. Her üç grupta ayrı ayrı çalışılarak sonuçlar tartışılmıştır. Benzer uygulamalar daha önce Du ve ark. (2001), Ware (1947), Turley ve Kloth (2002) tarafından da kullanılmıştır.



Şekil 3.3. F₂ bireylerindeki hav durumu

3.2.3.2. Lif oranlarının saptanması (çırçır randımanı) (%)

Tarladan hasat edilen kütlü pamuklar yine her bitkide ayrı ayrı olmak üzere tartılmış (yabancı madde yok denecek derecede) ve rollergin çırçır makinesi ile çırçırılmıştır (Şekil 3.4). Çırçırılama işleminden sonra lifleri ve tohum ağırlıkları saptanmış ve aşağıdaki formüle göre lif oranları belirlenmiştir.

Lif Oranı (%) (çırçır randımanı) = $\frac{\text{Lif Ağırlığı (g)}}{[\text{Lif Ağırlığı (g)} + \text{Tohum Ağırlığı (g)}]} \times 100$



Şekil 3.4. Pamuk popülasyonlarının çırçırılama aşaması

3.2.3.3. Tohum ağırlıklarının belirlenmesi (g)

Tohumlar saf sülfürik asit ile tohum üzerindeki havlar kayboluncaya kadar muamele edilerek delintasyon işlemine tabi tutulmuş ve su ile yıkanıp kireçli suya daldırılarak belli bir süre bekledikten sonra tekrar su ile iyice yıkanarak kurumaya bırakılmıştır. Daha sonra kuruyan tohumlardan 100'er adet sayılarak tohum ağırlığı saptanmıştır.

3.2.3.4. Popülasyonlara ait her bir bireyde lint indeksinin belirlenmesi (g)

Lint indeksi, 100 tohumdaki liflerin g olarak ağırlığıdır. Lint indeksi ile çırçır randımanı arasında pozitif bir ilişki (korelasyon) vardır. Lint indeksi çırçır randımanı ile tohum indeksinden yararlanılarak bulunur. Bir başka şekilde ifade edecek olursak;

Lint İndeksi (g)=100 tohum ağırlığı (g) x çırçır randımanı (%) / 100 – çırçır randımanı(%)

3.2.4. Moleküler çalışmalar

Moleküler çalışmalar da Stn 453 x PI melez popülasyona ait F₂ bitkileri kullanılmış olup; DNA izolasyonu, SSR analizleri ve AFLP analizleri olmak üzere üç bölümden oluşmaktadır.

3.2.4.1. Yaprak örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu

3.2.4.1.1. DNA izolasyonu için yaprak örneklerinin alınması

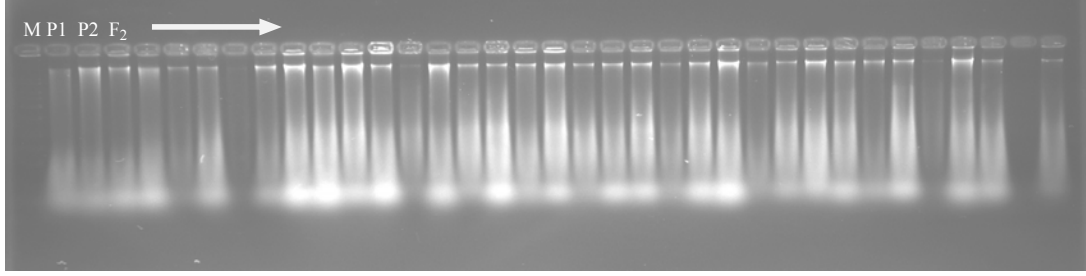
Bitkiler 4-5 gerçek yaprak oluşturdıklarında, her bir popülasyon için her bir bitki ayrı ayrı etiketlenmiş ve popülasyonlardan ve ebeveynlerinden yaprak örnekleri (3-4 g) alınarak kuru buz içerisinde laboratuvara taşınmış ve kullanılıncaya kadar -80 °C’de saklanmıştır.

3.2.4.1.2. DNA izolasyonu

Zhang ve Stewart (2000)’in geliştirdiği DNA izolasyon protokolü modifiye edilerek aşağıdaki gibi yapılmıştır.

1.5 ml’lik ependorf tüplere 0.5 ml izolasyon solüsyonu {0.1 M Tris-HCl (pH:8), 1 M NaCl, 0.02 M EDTA(pH:8), % 2 w/v CTAB, % 2 Polyvinyl-pyrrolidone-40, 1 mM 1,10-Phenanthroline monohydrate, % 0.2 P-mercaptoethanol} eklenmiştir. Bitkiden alınan 3-4 adet genç yaprak sıvı azot ile porselen havanda iyice ezilmiş, bu ezilen yaprak parçaları tüplere konularak ağızları kapatılmış ve hafif çalkalanarak 65 °C sıcaklıktaki su banyosunda 1 saat bekletiletilmiştir. Su banyosundan alınıp üzerine 0.5 ml chloroform:isoamyl alkol (24:1) eklenerek 12000 (rpm) devirde, +4 °C’de 10 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonunda yaprak parçaları tüplerin dibine çökmüş ve sıvı kısım tüplerin üst kısmına birikmiştir. Bu sıvı kısmın yaprak parçalarıyla karışmamasına dikkat edilerek yeni tüplere aktarılmış, üzerine 0.5 ml isopropanol eklendikten sonra 1 saat, -20 °C’de bekletilmiştir. 12000 devirde, +4 °C’de 10 dakika santrifüj yapılarak DNA’ların tüplerin dibine çökmesi sağlanarak sıvı kısım uzaklaştırılmıştır. Sonra % 70 etanol ile 13000 devir de, +4 °C’de 2 dakika ve % 100 etanol ile 13000 devirde, +4 °C’de 2 dakika santrifüj yapılarak DNA’lar temizlenmiş ve kurumaya bırakılmıştır. Kuruyan DNA’lara, 300 µl Tris-EDTA solüsyonu {10 mM Tris (pH:8), 1 mM EDTA (pH:8), 1 M NaCl} eklenerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır. Daha sonra bu DNA örneklerini test etmek amacıyla %1’lik agaroz jelde elektroforez yapılmış ve jel görüntüleme sistemi ile görüntülenerek resmi alınmıştır (Şekil 3.5). Ayrıca Nanodrop spektrofotometre (Thermo Nanadrop 2000 spektrofotometre) ile

DNA konsantrasyonları ve izolasyon saflıkları belirlenerek, DNA örneklerinin konsantrasyonları 50 ng/μl olacak şekilde seyreltilmiştir.



Şekil 3.5. İzole edilen pamuk DNA'larının % 1'lik agaroz jelde görünümü (M: Markör (1 kb); P1:Stn 453, P2: PI, F₂: F₂ Populasyonuna ait bireyler)

3.2.4.2. SSR (Simple Sequence Repeat) analizleri

Çalışmada daha önce izole edilmiş 307 adet SSR (iontek) markör (Ek Çizelge 1) çifti öncelikle ebeveynlerde test edilmiş olup bunlardan 17 markör (Çizelge 3.3) çifti polimorfik bant vermiştir. Bu markörler daha sonra tüm popülasyonda taranmıştır.

Çizelge 3.3. Polimorfik bant elde edilen markörlerin listesi ve dizileri

Markör Adı	Tekrar Motifi	İleri Markör Dizisi (5'→ 3')	Geri Markör Dizisi (5'→ 3')
BNL1317	(ag)14	aaaaatcagccaaattggga	cgtcaacaattgtccaaga
BNL1395	(at)11,(ag)10	aagcagccaagaataaccga	tcgataacggctacagtaatct
BNL1694	(ag)19, (tc)19	cgtttgtttctgtgaacagg	tggtggattcacatccaaag
BNL3031	(ag)27	aggctgacctttaaggagc	aaccaactttccaacaccg
BNL3255	(gc)6,at(ac)14	gacagtcaaacagaacagatatgc	ttacacgactgtgtccacg
BNL852	(ca)13	tgtttcagccaatgacttg	aacaatgcccccaatattca
BNL946	(ga)14	gctgttgctccacatctcct	gggcaaacagataggcagaa
BNL3140	(ga)11	caccattgtggcaactgagt	ggaaaagggaagccattgt
CIR081	(ac)7	aaagaacccatgagaaga	gctgtctatgttggtgg
NAU1125	(ggcttc)5	aagaagccactgaagcagag	gtagaacagctccattgctg
NAU2251	(aga)8	ttctccagtaaccaaaaagg	aaaatatcatccccgtcaaa
NAU2173	(aag)17	gccaaataggtcacacacaa	agcgagaaggagacagaaaa
MGHES16	(ct)10, (tct)4	acccaataacaacccattt	gcagagaaaaggacagagg
MGHES31	(cat)9	aagtagcggcttctgttg	gggtcagaactggacaagga
JESPR65	(gaa)25	ccaccaatttaagaagaattg	ggtagttgtattagggtcgtg
JESPR153	(cta)18	gattaccttcataggccactg	gaaaacatgagcatcctgtg
JESPR114	(gt)12	gatttaagggtctttgatccg	caagggttagtaggtgtgtatac

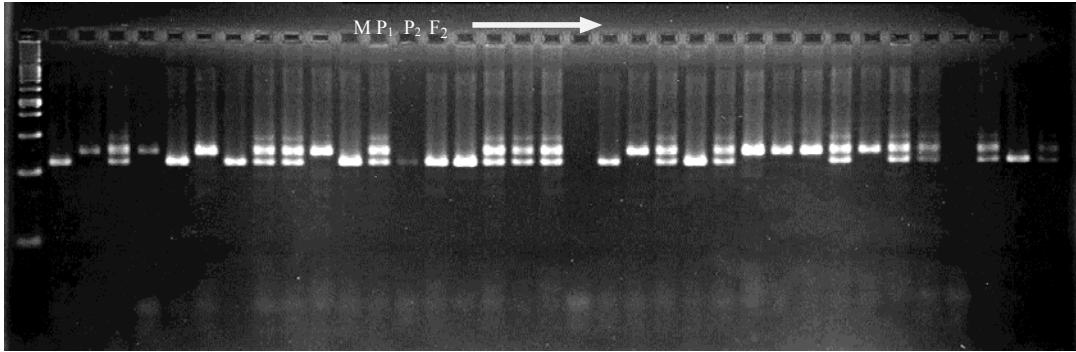
PCR; 0.2 ml hacminde 96'lık PCR tüplerine; 1 μl dNTP (5mM) (Vivantis), 2 μl 10x PCR solüsyonu, 2.5 μl MgCl₂ (25mM), SSR markör çifti (1 μl (10 pmol) F ve 1 μl (10 pmol) R), 1 μl genomik DNA (10 ng), 11 μl dH₂O, ve 0.5 μl DNA Taq polimeraz (vivantis) olacak şekilde toplam 20 μl solüsyon hazırlanmıştır ve Şekil 3.6'daki gibi PCR programlanarak çalıştırılmıştır.

PCR Programı:	94 °C'de 3 dak.	
	94 °C'de 30 sn.	35 döngü
	50-60 °C'de 30 sn.	
	72 °C'de 60 sn.	
	72 °C'de 10 da.	
	4 °C'de ∞	

Şekil 3.6. SSR markörlerinin PCR cihazında tutulma programı

3.2.4.2.1. Elektroforez ve görüntüleme

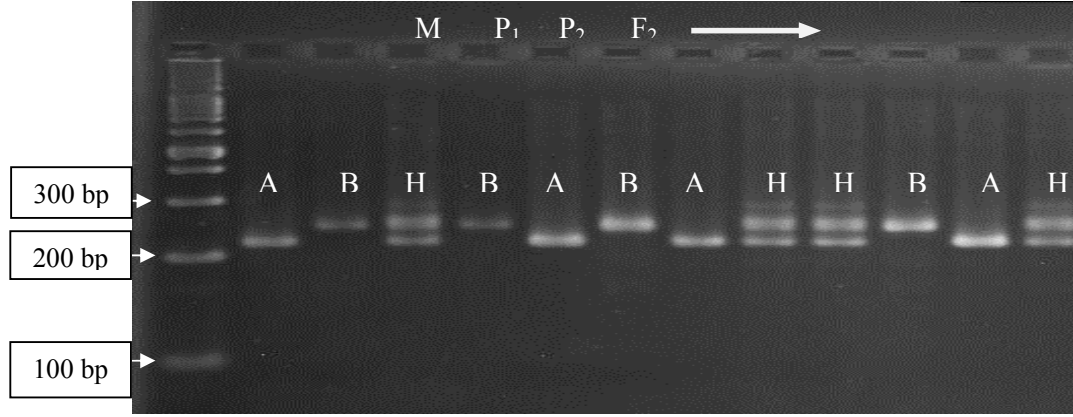
Görüntüleme işlemi için elde edilen PCR ürünleri 0.5X TBE (1 lt H₂O + 5.4 g Tris + 2.75 g Borik Asit + 0.5 M 2 ml EDTA (pH:8)) ile % 3'lük agaroz jel hazırlanarak PCR ürünleri yükleme solüsyonu ile yükleme kuyularına, 10 µl PCR ürünü ve 3 µl yükleme solüsyonu olacak şekilde karıştırılarak yüklenmiş ve 50 mili Amper de yaklaşık 4 saat koşturulmuştur. Elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra jel etidium bromüde solüsyonunda (100 ml 1x TBE için 30 µl etidium bromüde) 10 dakika bekletilerek, jel görüntüleme cihazında, UV altında görüntülenmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. NAU2173 SSR markörünün ebeveynler ve F₂ generasyonunda oluşturduğu bantlar (M: Markör (100 bp); P₁:Stn 453, P₂: PI, F₂: F₂ popülasyonuna ait bireyler)

3.2.4.2.2. DNA bantlarının skorlanması

PCR işlemi sonucunda Şekil 3.8'de görüldüğü gibi resimler elde edilmiş ve skorlama işlemi Stn 453 (P₁) ebevyni ile aynı uzunlukta bant veren genotiplere A, PI (P₂) ebevyni ile aynı uzunlukta bant veren genotiplere B ve heterozigot olan yani hem Stn 453'de görülen hemde PI'da görülen bandın her ikisinininde bir genotipte görülen bireylere H şeklinde kodlama yapılarak genotipik veriler elde edilmiştir.



Şekil 3.8. Jel üzerinde DNA bantlarının skorlanması (M: Markör, P₁:Stn 453, P₂: PI, F₂: F₂ popülasyonuna ait bireyler)

3.2.4.3. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) analizleri

Kesme enzimleri kullanılarak DNA'nın kesilmesi, kesilen DNA parçalarına adaptörlerin birleştirilmesi, ön PCR aşaması ve seçici PCR aşaması olmak üzere dört aşamadan oluşur. AFLP analizleri Hazen ve ark. (2002)'nin oluşturdukları protokol değiştirilerek aşağıda anlatıldığı gibi yapılmıştır.

3.2.4.3.1. DNA'nın enzimlerle kesilmesi

Öncelikle DNA'lar nanodrop spektrofotometre cihazı kullanılarak konsantrasyonları belirlenmiş ve 50 ng olacak şekilde seyreltilmiştir. Çizelge 3.4'deki gibi karışım oluşturularak 37 °C'de 2 saat ve 70 °C'de 15 dakika tutularak DNA'ların kesimi tamamlanmıştır.

Çizelge 3.4. Kesme enzim reaksiyon içeriği

kimyasallar	Miktar (µl)
EcoR I 10x solüsyon	1
Mse I 10x solüsyon	1
EcoR I enzim (12 u/ µl)	0.25
Mse I enzim (10 u/ µl)	0.25
BSA (10 µg/µl)	0.2
DNA (50 ng/ µl)	5
dH ₂ O	12.3
Toplam	20

3.2.4.3.2. Adaptörlerin hazırlanması ve birleştirme

2.4.1.1.1.1. Adaptörlerin hazırlanması

İontek firmasına sentezlettirilen adaptör markörler (Çizelge 3.5) 1 µg/ µl olacak şekilde şeyreltilerek adaptör ligation solüsyonu hazırlanmıştır (Çizelge 3.6). Bu hazırlanan solüsyon vortex ile karıştırılmış ve PCR’da 65 °C’de 10 dakika, 37 °C’de 10 dakika ve 25 °C’de 10 dakika tutularak adaptör birleştirme aşamasına hazır hale getirilmiştir.

Çizelge 3.5. EcoR I ve Mse I adaptör dizileri

Adaptör	Dizisi (5’→3’)
EcoR I R adaptör	aattggtacgcagtctac
EcoR I F adaptör	ctcgtagactgcgtacc
Mse I R adaptör	tactcaggactca
Mse I F adaptör	gacgatgagtctgag

Çizelge 3.6. EcoR I ve Mse I adaptör solüsyonlarının hazırlanması

EcoR I adaptör solüsyonu		Mse I adaptör solüsyonu	
Kimyasallar	Miktar (µl)	Kimyasallar	Miktar (µl)
EcoR I F	3.4	Mse I F	32
EcoR I R	3	Mse I R	28
multicore 10x solüsyon	6	multicore 10x solüsyon	7
dH ₂ O	107.6	dH ₂ O	60
Toplam	120	Toplam	127

2.4.1.1.1.2. Adaptörlerle birleştirme

Kesilen her bir örnek üzerine aşağıda belirtilen oranlarda hazırlanan adaptör birleştirme solüsyonundan (Çizelge 3.7) 4 µl ilave edilmiştir. Örnekler 20 °C’de 3 saat bekletilmiş ve -20 °C’de 2 saat tutularak EcoRI ve MseI adaptörlerinin kendilerine özgü uçlara bağlanması sağlanmıştır.

Çizelge 3.7. Adaptör birleştirme solüsyonu bileşenleri

Kimyasallar	Miktar (µl)
EcoR I adaptör	0.4
Mse adaptör	0.4
10x T4 ligaz solüsyonu	0.4
T4 ligaz	0.132
dH ₂ O	2.68
Toplam	4.012

3.2.4.3.3. Ön çoğaltma (Pre-Amplification)

EcoRI ve MseI primerlerine 1 seçici baz ilave edilerek ön çoğaltma yapılmıştır. Ön seçici olarak 2 adet EcoRI, 1 adet MseI markörü kullanılmış olup, Çizelge 3.8’de isimleri ve dizileri verilmiştir. Ön çoğaltma solüsyonu Çizelge 3.9’da verilmiştir.

Çizelge 3.8. Ön çoğaltmada kullanılan seçici pirimerler ve dizileri

Primer İsmi	Markör Dizisi (5'→ 3')
Mse I_PS_C	gatgagtcctgagtaac
EcoR I_PS_T	gactgcgtaccaattct
EcoR I_PS_A	gactgcgtaccaattca

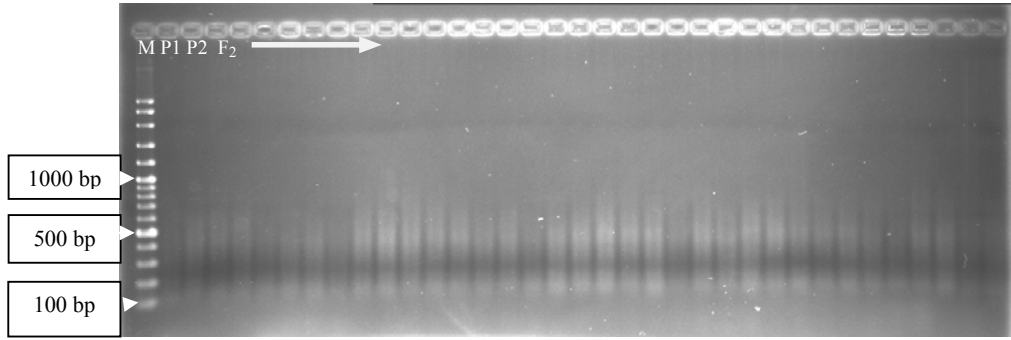
Çizelge 3.9. Ön çoğaltma solüsyonunun bileşenleri

Kimyasallar	Miktar (µl)
EcoR I_PS_A ya da EcoR I_PS_T (10 pmol)	0.5
Mse I +C (10 pmol)	0.5
dNTP (5 mM)	2
10xPCR solüsyonu	2
MgCl ₂	2.5
Adaptör birleştirilmiş DNA	2
DNA Taq Polimeraz	0.5
dH ₂ O	10
Toplam	20

Ön PCR çoğaltma solüsyonları Şekil 3.9’daki çalışma programına göre PCR yapılmış ve PCR çalışmasını tamamladıktan sonra bir çoğaltmanın olup olmadığını görmek için örnekler % 1.5’lik agaroz jele 10 µl yüklenerek görüntülenmiştir (Şekil 3.10).

PCR Programı: 94 °C'de 3 dak.	
94 °C'de 30 sn.	20 döngü
56 °C'de 30 sn.	
72 °C'de 60 sn.	
72 °C'de 10 da.	
4 °C'de ∞	

Şekil 3.9. Ön çoğaltma solüsyonlarının PCR da tutulma şartları



Şekil 3.10. Ön çoğaltma aşamasında çoğaltılan PCR ürünlerinin görünümü. M: Markör (100 bp); P1:Stn 453, P2: PI, F₂: F₂ popülasyonuna ait bireyler)

3.2.4.3.4. Seçici çoğaltma

Ön PCR ürünlerinden 10 µl alınmış üzerine 50 µl dH₂O ilave edilerek seyreltme uygulanmıştır. Daha sonra Çizelge 3.10'da belirtilen seçici PCR solüsyonu hazırlanmış ve Şekil 3.11'deki PCR çalışma programına göre DNA'ların çoğaltılması gerçekleştirilmiştir. Çalışmada 72 adet EcoR I-Mse I primer kombinasyonu (Çizelge 3.12) kullanılmıştır. EcoR I seçici primerleri flüoresan boya ile işaretlenmiş olarak, Mse I seçici primerleri ise normal olarak sentezletirilmiştir (Çizelge 3.11). Kullanılan florasan boyalar FAM, VIC, PED ve NED olarak belirlenmiştir. İşgücü ve zamandan tasarruf sağlamak amacıyla iki farklı primer kombinasyonu aynı PCR solüsyon karışım içerisinde yapılmıştır.

Çizelge 3.10. Seçici PCR solüsyonunun hazırlanması

Kimyasallar	Miktar (µl)
EcoR I +ANN (5 pmol) fam	0.25
EcoR I +ANN (5 pmol) vic	0.25
Mse I +CNN (5 pmol)	0.5
dNTP (5 mM)	1
10x PCR solüsyonu	2
MgCl ₂	2.5
DNA Taq Polimeraz	0.5
DNA	1
dH ₂ O	13
toplam	20

PCR Programı: 94 °C'de 3 dak.		
94 °C'de 30 sn.	10 döngü Markör yapışma sıcaklığı her döngüde 1 °C azalmakta	}
65 °C'de 30 sn.		
72 °C'de 60 sn.		
94 °C'de 30 sn.	25 döngü	}
56 °C'de 30 sn.		
72 °C'de 60 sn.		
72 °C'de 10 da.		
4 °C'de ∞		

Şekil 3.11. Seçici çoğaltma PCR çalışma programı

Çizelge 3.11. Çalışmada kullanılan EcoR I ve Mse I markörleri ve dizileri

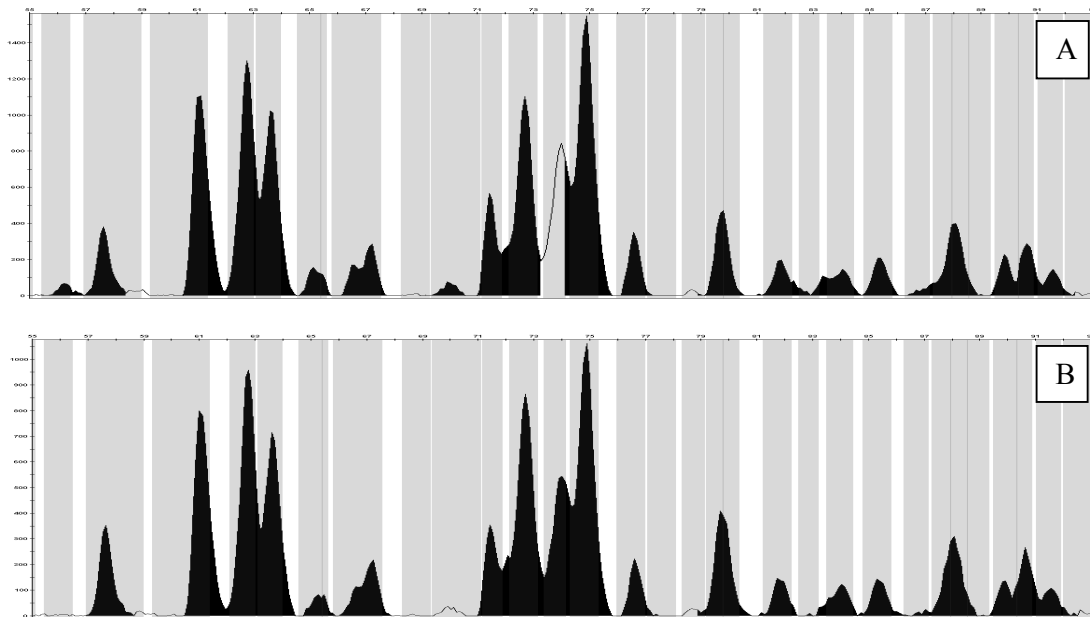
Primer İsmi	Markör Dizisi (5'.....3')	Florasana Boya
EcoR I-aat	gactgcgtaccaattcaat	Fam
EcoR I-aag	gactgcgtaccaattcaag	Ped
EcoR I-aac	gactgcgtaccaattcaac	Ned
EcoR I-ata	gactgcgtaccaattcata	Vic
EcoR I-aga	gactgcgtaccaattcaga	Fam
EcoR I-aca	gactgcgtaccaattcaca	Ped
EcoR I-act	gactgcgtaccaattcact	Ned
EcoR I-agt	gactgcgtaccaattcagt	Vic
EcoR I-tat	gactgcgtaccaattctat	Fam
EcoR I-tag	gactgcgtaccaattctag	Ped
EcoR I-tac	gactgcgtaccaattctac	Ned
EcoR I-tta	gactgcgtaccaattctta	Vic
EcoR I-tga	gactgcgtaccaattctga	Fam
EcoR I-tca	gactgcgtaccaattctca	Ped
EcoR I-tct	gactgcgtaccaattctct	Ned
EcoR I-tgt	gactgcgtaccaattctgt	Vic
Mse I-cgt	gatgagtctgagtaacgt	-
Mse I-cct	gatgagtctgagtaacct	-
Mse I-ctc	gatgagtctgagtaactc	-
Mse I-ctg	gatgagtctgagtaactg	-
Mse I-cta	gatgagtctgagtaacta	-
Mse I-cga	gatgagtctgagtaacga	-

Çizelge 3.12. Çalışmada kullanılan AFLP seçici markör kombinasyonları

No	Markör Kombinasyonu	Polimorfik Band Sayısı	No	Markör Kombinasyonu	Polimorfik Band Sayısı
1	EcoR I-aat / Mse I-cat	14	37	EcoR I-aca / Mse I-cgt	10
2	EcoR I-aat / Mse I-cgt	14	38	EcoR I-aca / Mse I-cct	10
3	EcoR I-aat / Mse I-cct	10	39	EcoR I-aca / Mse I-ctc	15
4	EcoR I-aat / Mse I-ctc	9	40	EcoR I-aca / Mse I-ctg	10
5	EcoR I-aat / Mse I-ctg	10	41	EcoR I-aca / Mse I-cta	15
6	EcoR I-aat / Mse I-cta	8	42	EcoR I-aca / Mse I-cga	13
7	EcoR I-aat / Mse I-cga	7	43	EcoR I-act / Mse I-cat	10
8	EcoR I-aag / Mse I-cat	19	44	EcoR I-act / Mse I-cgt	23
9	EcoR I-aag / Mse I-cgt	13	45	EcoR I-act / Mse I-cct	10
10	EcoR I-aag / Mse I-cct	8	46	EcoR I-act / Mse I-ctc	9
11	EcoR I-aag / Mse I-ctc	20	47	EcoR I-act / Mse I-ctg	14
12	EcoR I-aag / Mse I-ctg	16	48	EcoR I-act / Mse I-cta	14
13	EcoR I-aag / Mse I-cta	11	49	EcoR I-act / Mse I-cga	13
14	EcoR I-aag / Mse I-cga	13	50	EcoR I-agt / Mse I-cat	14
15	EcoR I-aac / Mse I-cat	13	51	EcoR I-agt / Mse I-cgt	11
16	EcoR I-aac / Mse I-cgt	10	52	EcoR I-agt / Mse I-cct	7
17	EcoR I-aac / Mse I-cct	4	53	EcoR I-agt / Mse I-ctc	15
18	EcoR I-aac / Mse I-ctc	16	54	EcoR I-agt / Mse I-ctg	5
19	EcoR I-aac / Mse I-ctg	14	55	EcoR I-agt / Mse I-cta	3
20	EcoR I-aac / Mse I-cta	12	56	EcoR I-agt / Mse I-cga	8
21	EcoR I-aac / Mse I-cga	20	57	EcoR I-tgt / Mse I-cat	9
22	EcoR I-ata / Mse I-cat	18	58	EcoR I-tca / Mse I-cat	8
23	EcoR I-ata / Mse I-cgt	7	59	EcoR I-tta / Mse I-cat	35
24	EcoR I-ata / Mse I-cct	5	60	EcoR I-tac / Mse I-cat	10
25	EcoR I-ata / Mse I-ctc	9	61	EcoR I-tag / Mse I-cat	10
26	EcoR I-ata / Mse I-ctg	11	62	EcoR I-tat / Mse I-cat	20
27	EcoR I-ata / Mse I-cta	10	63	EcoR I-tct / Mse I-cat	14
28	EcoR I-ata / Mse I-cga	7	64	EcoR I-tga / Mse I-cat	11
29	EcoR I-aga / Mse I-cat	14	65	EcoR I-tgt / Mse I-ctc	11
30	EcoR I-aga / Mse I-cgt	4	66	EcoR I-tca / Mse I-ctc	8
31	EcoR I-aga / Mse I-cct	8	67	EcoR I-tta / Mse I-ctc	18
32	EcoR I-aga / Mse I-ctc	13	68	EcoR I-tac / Mse I-ctc	9
33	EcoR I-aga / Mse I-ctg	8	69	EcoR I-tag / Mse I-ctc	17
34	EcoR I-aga / Mse I-cta	11	70	EcoR I-tat / Mse I-ctc	20
35	EcoR I-aga / Mse I-cga	8	71	EcoR I-tct / Mse I-ctc	7
36	EcoR I-aca / Mse I-cat	18	72	EcoR I-tga / Mse I-ctc	11

3.2.4.3.5. AFLP PCR ürünlerinin ABI 3130xl Genetic Analyzer cihazında elektroforez yapılması

Seçici PCR ürünleri dört farklı boyalı primer kombinasyonu ile aynı tüplere eşit oranlarda karıştırılmıştır. PCR ürünleri ABI marka 3130xl genetic analyzer model gen sekans cihazı kullanılarak fragment analizine geçilmiştir. PCR ürünleri Hi-Di™ Formamide ve Liz500 karışımı (10 µl Hi-Di™ Formamide + 0.5 µl Liz500) üzerine her bir kombinasyondan 1'er µl olmak üzere toplam 4 farklı markör (fam, vic, ned, ped boyalı) kombinasyonundan 4 µl ilave edilmiştir. Daha sonra bu karışım 94 °C'de 2 dakika tutulmuş ve bekletmeden buz içerisine alınmıştır. Cihazda 36 cm'lik kapilerde, Pop7 polimer kullanılarak ve gerekli sıcaklık ve elektrik ayarları kalibre yapıldıktan sonra elektroforez başlatılmıştır. Cihaz elektroforez işlemini tamamladıktan sonra GeneMapper Software Version 4.0 kullanılarak analiz edilmiş (Şekil 3.12) ve genotipik bant var (1) yada yok (0) şeklinde elde edilmiştir. Daha sonra bu datalar A (P1) yada B (P2) olarak dönüştürülmüş ve genetik haritalama programına uygun hale getirilmiştir.



hesaplamalar Microsoft Excel yardımı ile yapılmıştır. Bunun yanında incelenen özelliklerin birbirleriyle olan ilişkileri JMP istatistik paket programı ile analiz edilmiştir (JMP, 2007).

Melez bireyler arasında gözlenen markör segregasyon oranları χ^2 analizleri kullanılarak Mendel açılım oranları JoinMap 4 (Van Ooijen, 2004) programında hesaplanmıştır. Programda herhangi iki markör arasındaki bağlantı, rekombinasyon oranı % 25 olarak ayarlanmış, ancak bağlantı grupları % 20'ye göre seçilmiştir. Haritalamada markör uzaklıkları için Kosambi fonksiyonu (Kosambi 1944) seçilmiştir. Sonuç olarak bağlantı grupları ve bu gruplar üzerindeki markörlerin kapladıkları alan ve birbirlerine olan uzaklıkları tespit edilmiştir. Bu alan ve uzaklık cM olarak belirlenmiştir. Her bir bağlantı grubu içindeki markör sırasını belirleyebilmek için hesaplamalarda standart Joinmap parametre ayarları kullanılmıştır.

Kantitatif karakter lokusları (QTLs) 2 farklı yöntem kullanılarak belirlenmiştir. Bu yöntemlerden ilki olan tek markör analizleri QGene (Joehanes ve Nelson, 2008) ve WinQTLCart (Wang ve ark., 2007) programı kullanılarak belirlenmiştir. Programlarda standart tek markör analizleri parametreleri kullanılmıştır. Kantitatif karakter lokuslarını belirlemede kullanılan “composit interval” haritalama (CIM) yöntemi WinQTLCart Programı kullanılarak yapılmış ve program standart ayarları kullanılmıştır.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

4.1. Hav ve Lif Oluşumunun Kantitatif Kalıtımı

Ebeveynlerin tahmin edilen genotipleri, lif oranları, fenotipleri ve orijinleri Çizelge 4.1’de özetlenmiştir. F₁ döl kuşağına (F₂ bitkilerini oluşturacak tohumlar) ait veriler çalışmada verilememesine karşın bütün F₁’lerde yoğun lif oluşumunun olduğu ve tohumlarının havsız olduğu gözlenmiştir. F₁ generasyonlarında lif oluşmasının gözlemlenmesi lif oluşumunun dominant karakter gösterdiği, tohumların havsız olmasında havsızlığın havlılık üzerine dominant olduğunun bir göstergesidir.

Çizelge 4.1. Ebeveynlerin tahmini genotipleri, lif oranları, fenotipleri ve orijinleri

Varyete	Tahmin edilen genotipleri		Lif Oranı (%)
	Hav	Lif	
Stn 453	$n_1n_1N_2N_1$	$Li_3Li_3Li_4Li_4$	35.0
PI	$N_1N_1N_2N_2$	$li_3li_3Li_4Li_4$ veya $Li_3Li_3li_4li_4$	1.8
Lifsiz	$N_1N_1n_2n_2$	$li_3li_3li_4li_4$	0

Çalışmada ele alınan 3 farklı melez popülasyonda havsızlık ve lif oluşumu karakterleri yönünden dominant bir açılım olduğu çizelge 4.2’den anlaşılmaktadır. Ayrıca F₁’lere ait bireylerde 3 popülasyonda da bütün bireylerin lifli ve tohumlarının havsız olduğu gözlenmiştir. PI x Stn 453 melez popülasyonunda havsızlık karakterinin basit tek gen kalıtımı gösterdiği ve genotipik olarak 1:3 dağılıma sahip olduğu ayrıca yapılan χ^2 (Ki kare) analizine göre bu genotipik oranın uyumlu olduğu (P=0.05) görülmektedir. Benzer sonuçlar bu popülasyonun resiproku olan Stn 453 x PI melez popülasyonunda da görülmektedir (Çizelge 4.2). Lifsiz x Stn 453 melez popülasyonunda genotipik açılımın 3:12:1 şeklinde olduğu, iki gen tarafından kontrol edildiği ve yapılan χ^2 analizi sonucunda bu açılım oranıyla uyduğu (P=0.05) anlaşılmaktadır.

Çizelge 4.2. F₂ popülasyonlarında hav ve lif oluşumunun kalıtım (segregasyon) oranları

		Bitki Sayısı			Beklenen Oran	χ^2	P=0.05
		Havlı- Lifli	Havsız- Lifli	Havsız- -Lifsiz			
PI x Stn 453	F ₂	33	92	0	1:3:0	0.344	3.84
Stn 453 x PI	F ₂	55	159	0	1:3:0	2.12	3.84
Lifsiz x Stn453	F ₂	38	139	11	3:12:1	5.24	5.99

Du ve ark. 2001’de yaptıkları çalışmada, kullandığımız genotiplere (Stn 453 ve PI) benzer olan TM-1 (normal) ve XXH10 (havsız, çok az lifli) genotipleri ile yaptıkları çalışmada 1:3 (havlı-havsız) genotipik açılım belirlemişlerdir. Buda bizim bulduğumuz sonuçlarla örtüşmektedir. Ayrıca benzer bulgular Ware (1940), Zang ve Pan (1991), Rong ve ark. (2005)’nın yaptıkları çalışmalarda kullandıkları bazı hatlarda 1:3 genotipik açılım belirledikleri görülmüştür. Burada kullandığımız bu iki genotipde hav oluşumu yönünden tek bir lokusun farklılık gösterdiği ve lif oluşumu yönünden iki genin etkili olduğu, bu genlerden birinin resesif olması durumunda hav oluşumunu kontrol eden genlerle epistatik bir etkinin olduğunu ve çırcır randımanın düşük olmasına sebep olduğu bildirilmektedir (Du ve ark., 2001). Çırcır randımanı yönünden yapılan frekans dağılımı sonucu oluşturulan grafiklerde (Şekil 4.1) dağılımın normal değil iki parçalı olması lif oluşumu yönünden 2 genin etkili olduğunun bir göstergesi olabilir. Yine benzer bulgular Lifsiz ve Stoneville 453 genotiplerinden oluşturulan popülasyonda da görülmektedir.

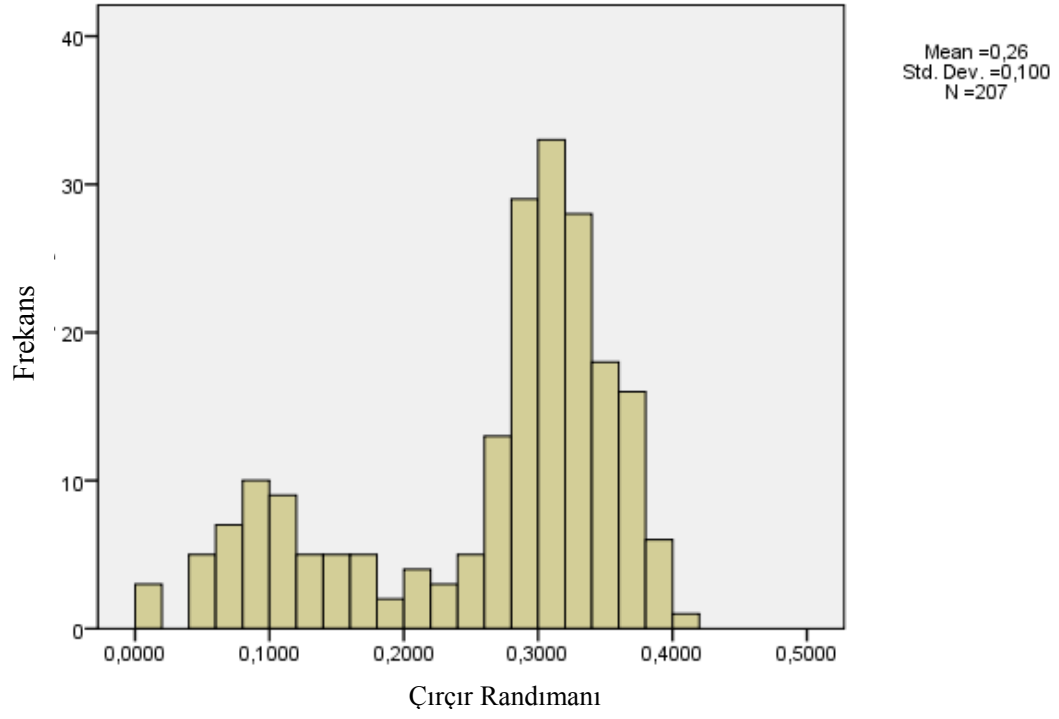
4.2. İncelenen Özellikler

4.2.1. Çırcır randımanı

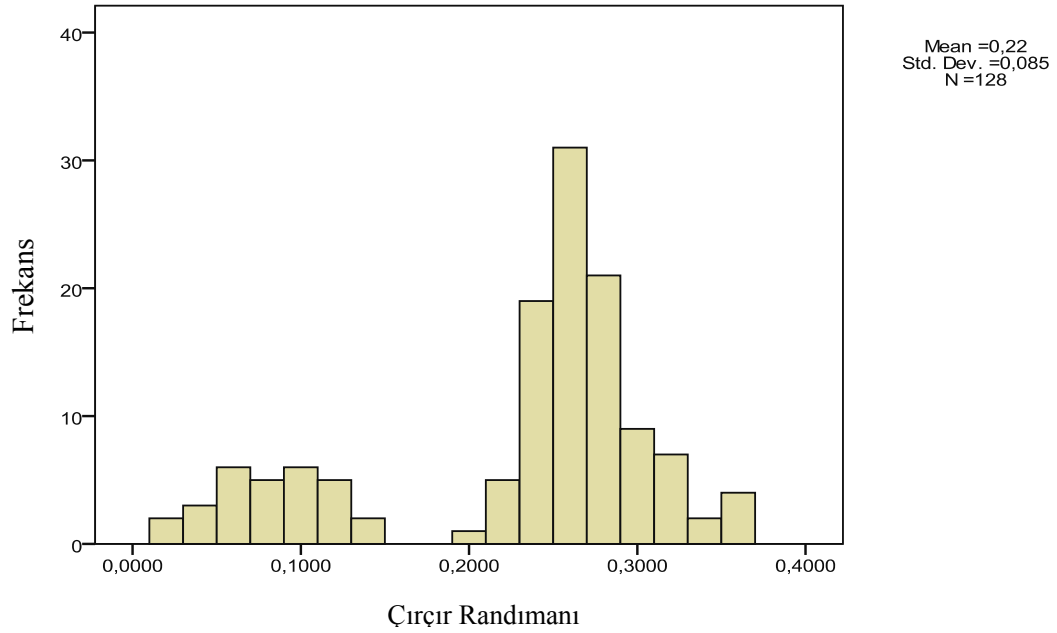
Her bir popülasyona ait çırcır randımanı istatistikleri Çizelge 4.3’de frekans dağılım grafikleri Şekil 4.1-4.3’de verilmiştir. Yapılan analizlere göre çırcır randımanı ortalamaları, PI x Stn 453 popülasyonunda % 22, Stn 453 x PI popülasyonunda % 26 ve Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda % 33 olarak bulunmuştur. Popülasyonlarda gözlenen minimum ve maksimum çırcır randımanı değerleri sırasıyla % 2-36 (PI x Stn 453), % 2-40 (Stn 453 x PI) ve % 0-42 (Lifsiz x Stn 453) arasında değiştiği görülmektedir. Popülasyonlar arasında çırcır randımanı yönünden bir farklılık görülmektedir. Bu farklılığa popülasyonun genetik yapısı etkili olabileceği gibi incelenen F₂ bitki sayısında etkili olabilir.

Çizelge 4.3. F₂ popülasyonlarında çırcır randımanı değerleri

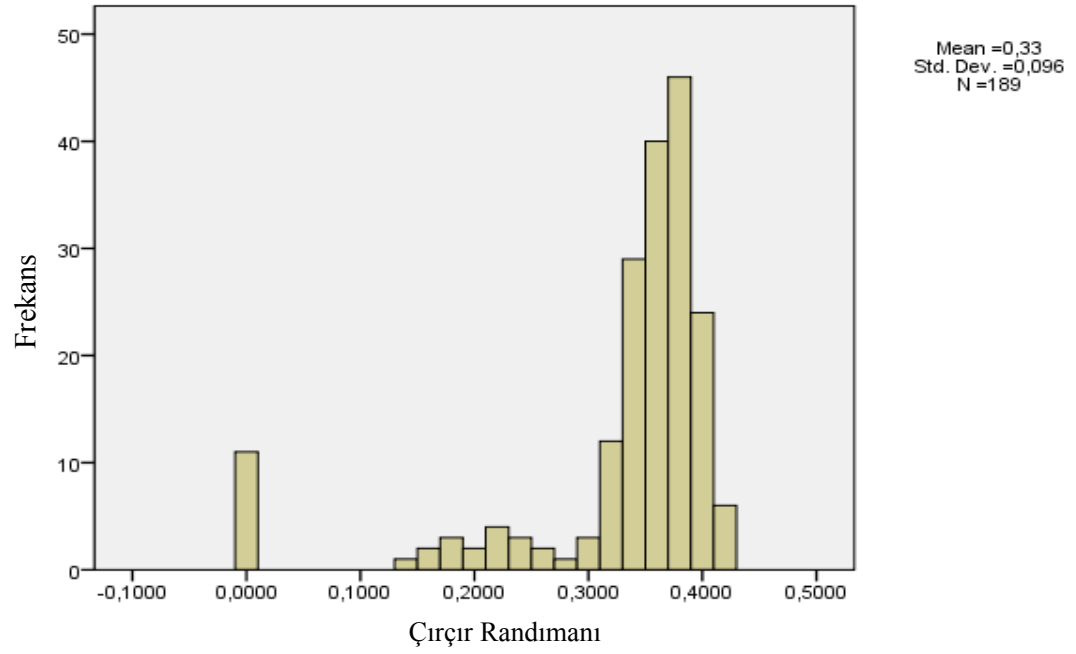
	Çırcır Randımanı (%)		
	PI x Stn 453	Stn 453 x PI	Lifsiz x Stn 453
Bitki Sayısı (adet)	136	208	189
Ortalama	22	26	33
Standart Hatanın Ortalaması	0.075	0.07	0.07
Standart Sapma	8.5	10	9.6
Minimum	2	1	0
Maksimum	36	40	42



Şekil 4.1. Çırçır randımanı yönünden Stn 453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.2. Çırçır randımanı yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.3. Çırçır randımanı yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği

Her bir popülasyonda çırçır randımanına göre öne çıkan genotipler Çizelge 4.4’de verilmiştir. An ve ark. 2010’da yaptıkları çalışmada MD17 x FM966 melez F_2 popülasyonunda çırçır randımanını ortalama % 24.01 ve minimum ve maksimum çırçır randımanı değerlerinin % 0-40.76 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bu değerler bizim çalıştığımız genetik haritalamada kullandığımız Stn 453 x PI popülasyonu ile örtüşmektedir.

Çizelge 4.4. Çırçır randımanı (%) yönünden öne çıkan bazı genotipler

PI x Stn 453		Stn 453 x PI		Lifsiz x Stn 453	
Genotip	ÇR (%)	Genotip	ÇR (%)	Genotip	ÇR (%)
Stn 453	35	Stn 453	35	16	38
2	29	1	39	22	38
3	32	6	36	34	39
5	30	11	34	35	40
7	29	15	35	37	39
10	31	18	34	38	40
11	27	21	37	47	38
17	27	23	34	48	39
19	28	24	38	60	40
23	30	26	34	64	38
24	31	32	33	74	41
26	27	36	34	76	38
37	30	39	36	84	39
39	27	41	34	85	38
42	28	42	38	87	40
43	28	58	36	93	40
44	28	60	36	96	41
45	27	62	34	97	38
46	27	71	36	98	40
48	28	72	38	105	38
49	29	82	35	107	39
56	30	99	33	114	39
58	30	100	34	118	39
59	27	104	34	131	38
70	32	107	38	134	39
71	34	109	36	139	41
79	28	112	37	141	40
81	32	116	36	142	39
85	27	121	35	143	39
88	30	128	36	144	38
95	31	130	37	145	39
97	27	140	36	156	38
107	28	142	34	160	41
109	36	144	39	161	42
114	27	150	36	163	38
115	33	155	37	168	39
116	32	162	35	169	39
117	28	173	34	172	38
121	35	179	35	173	39

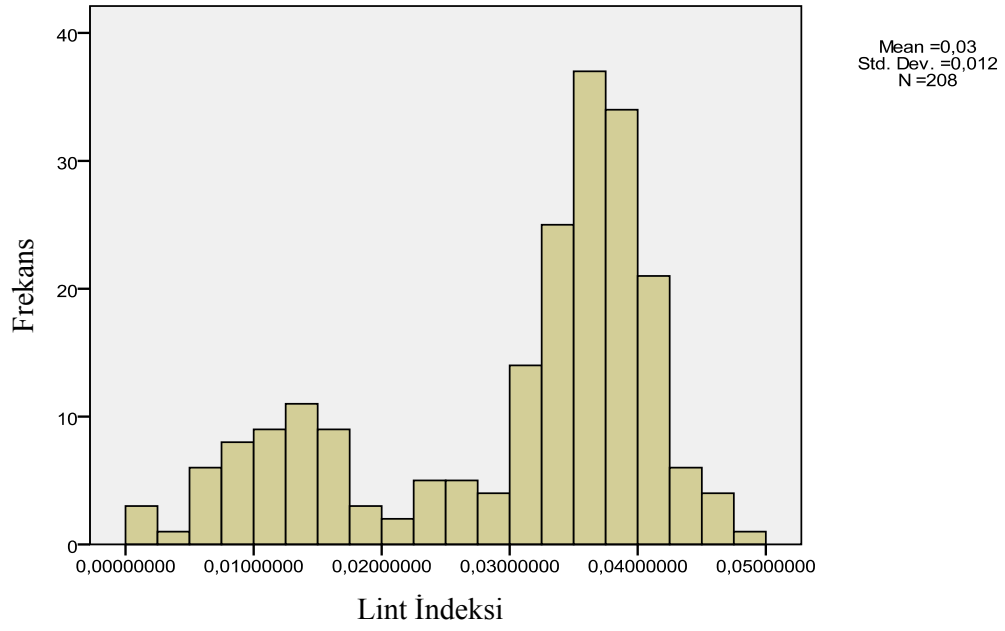
ÇR: Çırçır randımanı

4.2.2. Lint indeksi

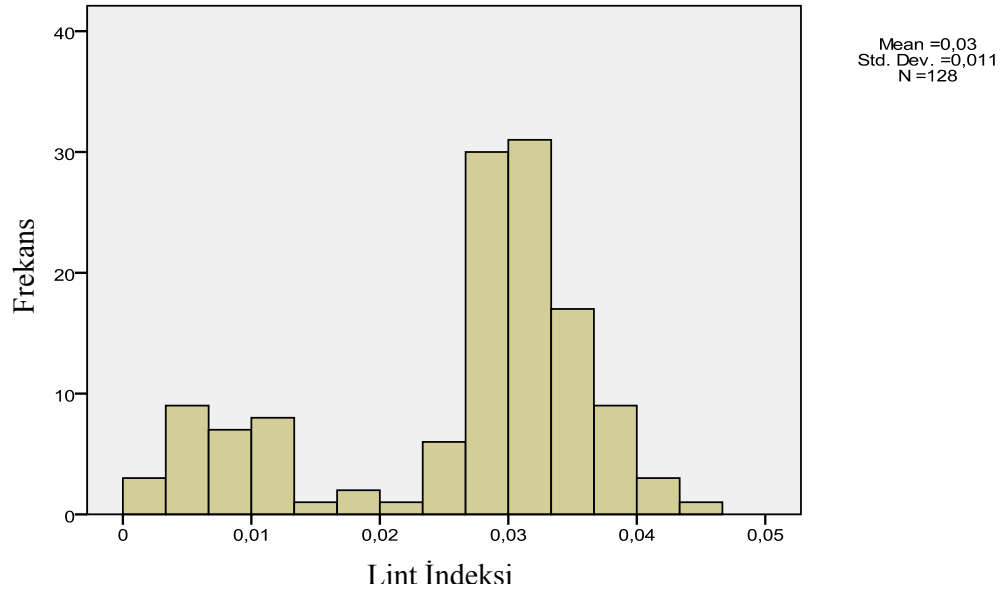
Lint indeksi bir tohumun tohum büyüklüğü ile ilgili olmaksızın ortalama ürettiği lif miktarıdır. Yaptığımız çalışmada ortalama lint indeksi, PI x Stn 453 popülasyonunda 0.026 g, Stn 453 x PI popülasyonunda 0.03 g ve Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda 0.031 g olarak saptanmıştır (Çizelge 4.5). Minimum ve maksimum lint indeksi sırasıyla 0.00-0.046 g (PI x Stn453), 0.00-0.047 g (Stn 453 x PI) ve 0.00-0.045 g (Lifsiz x Stn 453) olarak bulunmuştur. Lint indeksi yönünden her bir popülasyonun kendi içinde geniş bir varyasyonun olduğu söylenebilir. An ve ark. (2010)'da yaptıkları çalışmada MD17 x 181 melezinde lint indeksini 0.00-0.45 g olarak bulmuşlardır. Buda bizim bulgularımızla örtüşmektedir. Lint indeksi yönünden yapılan frekans dağılım grafikleri, çırcır randımanında olduğu gibi iki parçalı olarak gruplanmıştır (Şekil. 4.4-4.6). Burada çırcır randımanında olduğu gibi bir gen etkileşiminin olduğu söylenebilir. Lint indeksi yönünden popülasyonlarda öne çıkan genotipler Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.5. F₂ popülasyonlarında lint indeksi değerleri

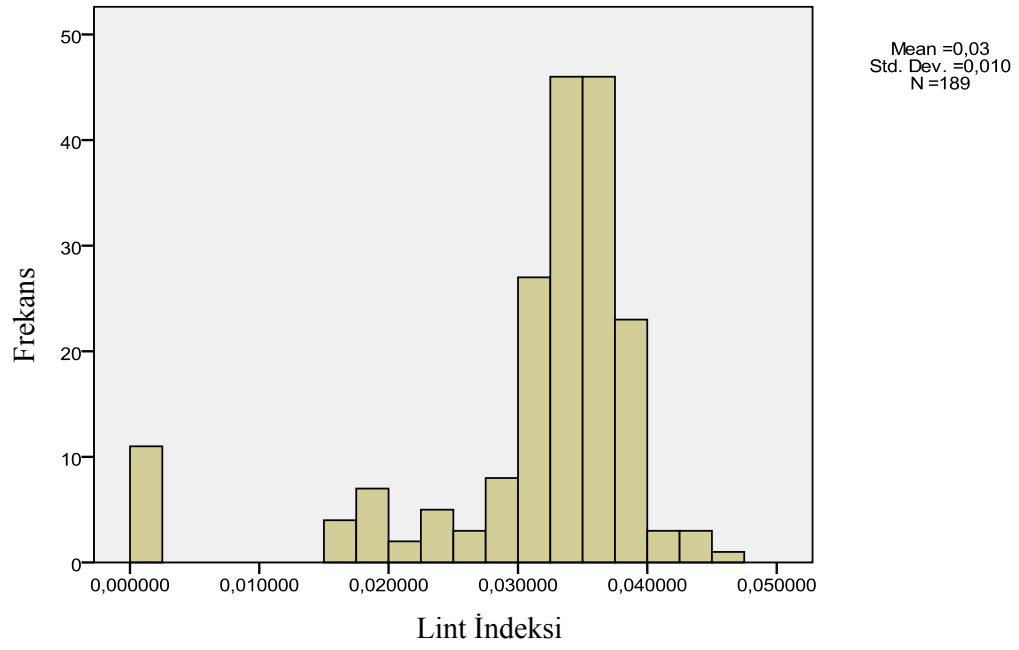
	Lint İndeksi (g)		
	PI x Stn 453	Stn 453 x PI	Lifsiz x Stn 453
Bitki Sayısı (adet)	136	208	189
Ortalama	0.026	0.03	0.031
Standart Hatanın Ortalaması	0.0009	0.0008	0.0006
Standart Sapma	0.01	0.01	0.0095
Minimum	0	0	0
Maksimum	0.046	0.047	0.045



Şekil 4.4. Lint indeksi yönünden Stn453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.5. Lint indeksi yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.6. Lint indeksi yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği

Çizelge 4.6. Lint indeksi (g) yönünden öne çıkan bazı genotipler

PI x Stn 453		Stn 453 x PI		Lifsiz x Stn 453	
Genotip	Lİ (g)	Genotip	Lİ (g)	Genotip	Lİ (g)
Stn 453	0.036	1	0.042	16	0.039
2	0.039	6	0.046	20	0.039
3	0.037	10	0.040	22	0.039
5	0.036	11	0.041	26	0.039
10	0.034	18	0.048	27	0.039
14	0.033	20	0.044	42	0.037
17	0.033	21	0.040	45	0.045
24	0.039	23	0.041	48	0.039
26	0.041	26	0.047	49	0.039
30	0.033	37	0.040	57	0.037
37	0.037	39	0.040	67	0.038
38	0.035	48	0.041	74	0.042
39	0.033	49	0.039	84	0.038
42	0.040	50	0.039	85	0.037
43	0.035	53	0.041	93	0.039
44	0.035	56	0.044	94	0.043
46	0.032	59	0.042	97	0.039
48	0.033	62	0.041	98	0.043
49	0.034	67	0.040	105	0.039
58	0.037	71	0.043	109	0.042
59	0.034	77	0.040	111	0.037
70	0.037	100	0.044	116	0.037
71	0.034	102	0.042	117	0.037
76	0.033	107	0.042	118	0.037
81	0.034	112	0.039	120	0.037
85	0.033	121	0.046	122	0.038
88	0.035	125	0.042	128	0.043
91	0.032	128	0.040	139	0.037
95	0.034	129	0.041	143	0.039
97	0.032	130	0.046	144	0.039
102	0.032	143	0.042	145	0.038
104	0.033	144	0.043	147	0.037
106	0.035	146	0.039	155	0.037
108	0.034	152	0.042	158	0.037
109	0.041	162	0.040	161	0.039
112	0.037	169	0.041	163	0.039
114	0.034	173	0.042	164	0.037

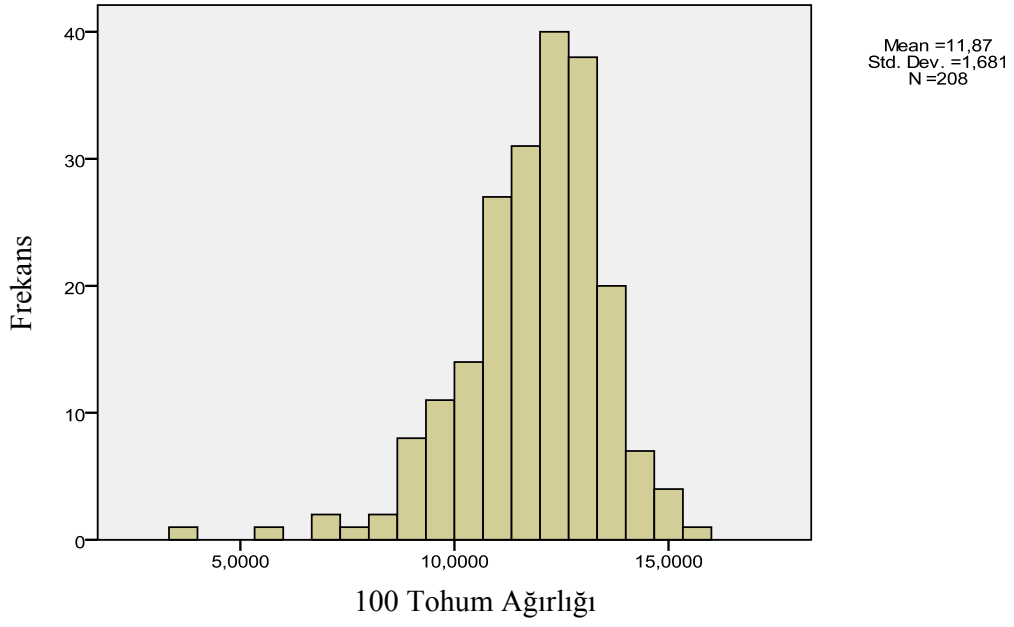
Lİ: Lint indeksi

4.2.3. Tohum ağırlığı

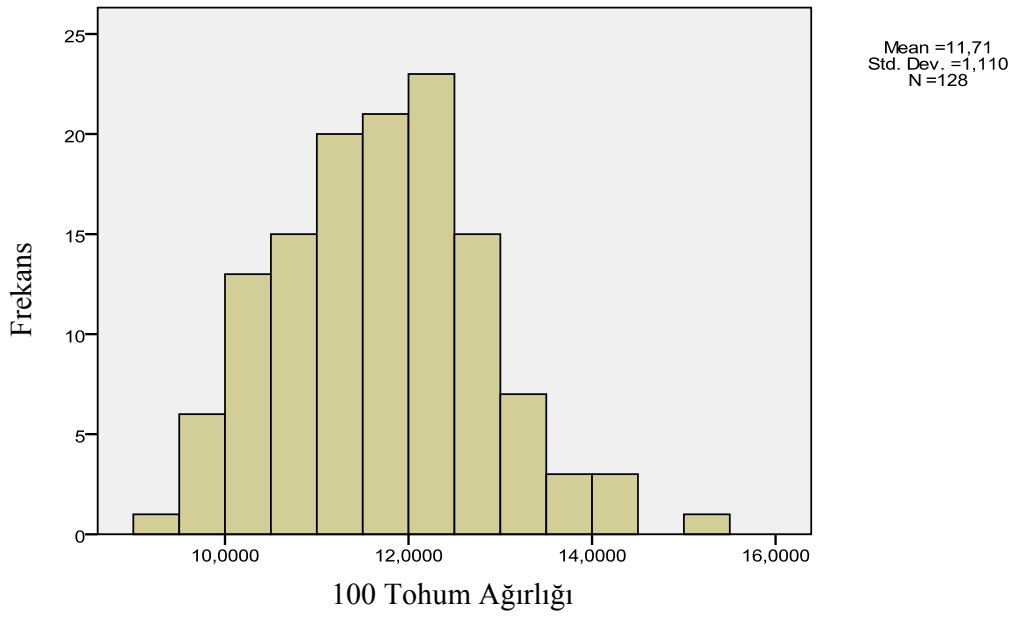
Tohum ağırlığı 100 adet delinte edilmiş tohumun ağırlığı alınarak belirlenmektedir. Tohum ağırlığının PI x Stn 453 (11.71 g) ve Stn 453 x PI (11.9 g) popülasyonlarında birbirine yakın olduğu, Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda (9.59 g) ise diğer popülasyonlara göre düşük olduğu Çizelge 4.7’de görülmektedir. PI x Stn 453 popülasyonunda minimum 9.45 g, maksimum 15.42 g olarak, Stn 453 x PI popülasyonunda sırasıyla 5.5 g ve 15.9 g ve Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda ise 5.56 g ile 12.98 g arasında bulunmuştur. An ve ark. (2010) tohum ağırlığını MD17 x FM966 F₂ popülasyonunda ortalama 10.29 g, MD17 x 181 popülasyonunda 9.55 g olarak bulmuşlardır. Ancak bu değerler bizim bulduğumuz değerlere göre biraz düşük kalmaktadır. Frekans dağılım grafiğine göre tohum ağırlığı bakımından popülasyonların normal bir dağılım gösterdiği söylenebilir (Şekil 4.7-4.9). Ayrıca tohum ağırlığı yönüyle öne çıkan genotipler Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.7. F₂ popülasyonlarında tohum ağırlığı değerleri

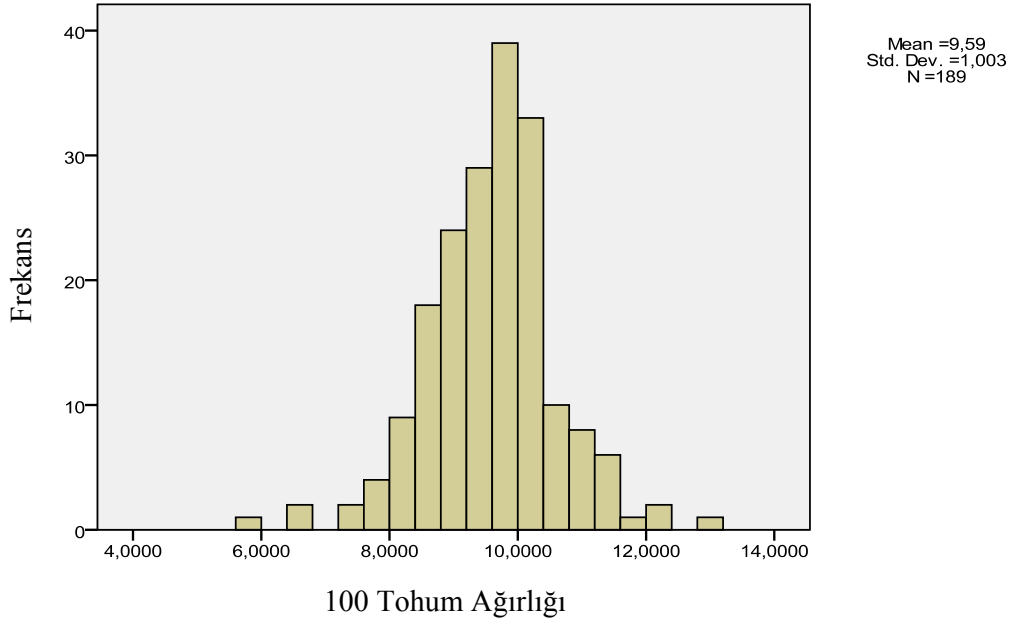
	Tohum Ağırlığı (g)		
	PI x Stn 453	Stn 453 x PI	Lifsiz x Stn 453
Bitki Sayısı (adet)	136	208	189
Ortalama	11.71	11.9	9.59
Standart Hatanın Ortalaması	0.098	0.12	0.073
Standart Sapma	1.11	1.68	1.003
Minimum	9.45	5.5	5.56
Maksimum	15.42	15.9	12.98



Şekil 4.7. Tohum ağırlığı yönünden Stn 453 x PI popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.8. Tohum ağırlığı yönünden PI x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği



Şekil 4.9. Tohum ağırlığı yönünden Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna ait frekans dağılım grafiği

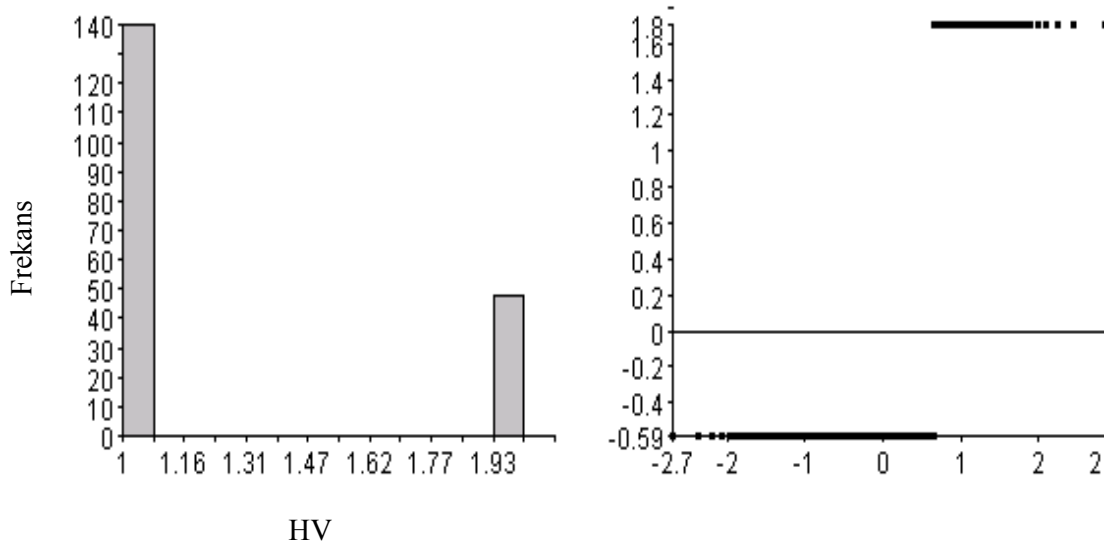
Çizelge 4.8. Tohum ağırlığı (g) yönünden öne çıkan bazı genotipler

PI x Stn 453		Stn 453 x PI		Lifsiz x Stn 453	
Genotip	TA	Genotip	TA	Genotip	TA
2	13.31	6	12.65	7	10.43
13	12.58	10	12.07	10	11.43
14	12.44	11	11.94	15	11.15
24	12.50	18	13.82	17	10.72
26	15.42	20	13.38	20	10.44
30	13.04	23	12.05	21	10.49
38	13.96	25	12.99	22	10.31
41	12.37	26	13.69	24	10.82
42	14.05	37	12.35	26	11.36
44	12.49	48	12.51	27	10.90
58	12.42	49	13.18	31	10.85
59	12.40	50	12.54	32	11.48
66	12.61	53	13.99	42	10.40
76	12.73	54	14.45	45	12.08
83	12.69	56	13.24	49	10.30
84	12.44	59	13.61	50	10.37
85	12.43	62	12.19	53	10.46
89	12.69	67	14.63	57	11.49
91	13.29	77	12.24	58	10.68
92	12.77	100	12.86	67	10.33
94	13.24	101	14.16	68	11.96
96	12.65	102	13.10	69	10.29
98	12.63	121	12.99	70	10.39
101	12.98	123	13.98	71	10.87
104	12.98	125	13.66	77	10.35
106	13.01	129	12.89	82	10.43
108	14.10	130	12.44	94	12.26
110	12.77	143	12.69	95	11.59
112	14.20	146	12.62	98	10.87
114	12.33	152	12.98	109	11.34
116	12.89	159	14.45	111	10.59
120	12.41	169	12.57	122	10.52
125	12.64	173	12.37	128	12.98
127	13.51	180	13.07	167	10.34
129	13.17	188	13.26	168	10.37
130	12.49	191	12.26	179	11.02
133	12.43	204	13.71	180	11.01
134	13.70	211	13.74	185	10.52

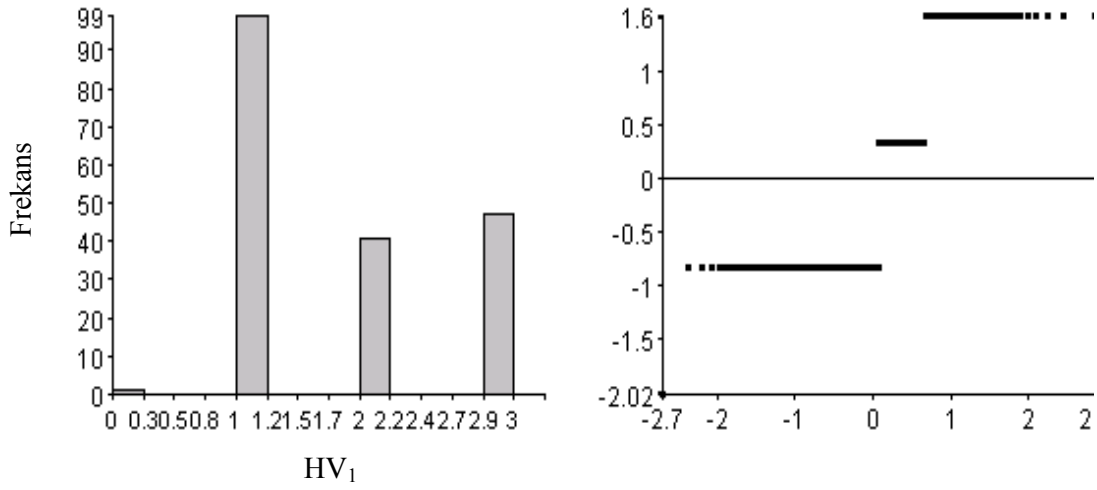
TA: Tohum ağırlığı

4.2.4. Hav

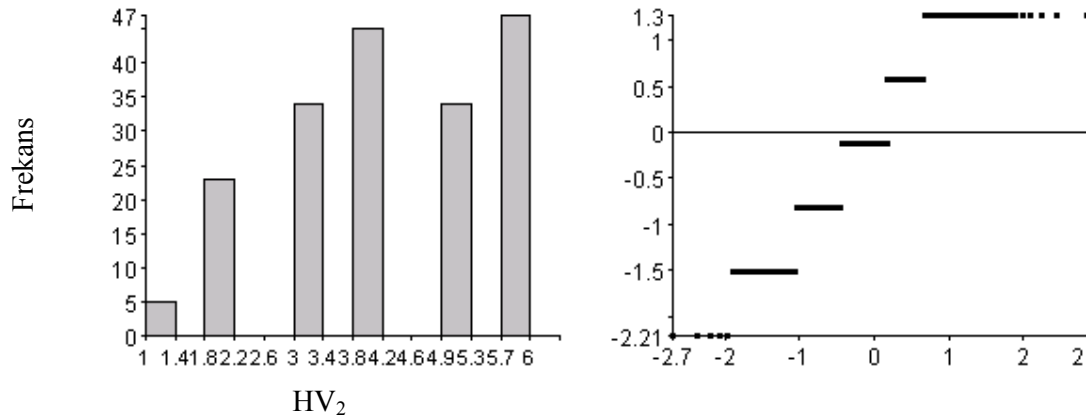
Hav yönünden üç farklı grupta yöntemi kullanılmıştır. Popülasyonlar hav oluşumu yönünden havlı ve havesız olarak sınıflandırıldığında 1:3 Mendel açılımı gösterdikleri belirlenmiştir. Her bir fenotipleme yöntemine göre oluşturulmuş frekans dağılım grafikleri şekil 4.10-4.12’de verilmiştir. Popülasyonlar arasında önemli bir farklılık görülmediğinden burada genetik haritalamada kullanılan Stn 453 x PI popülasyonun hav yönünden frekans dağılımları verilmiştir.



Şekil 4.10. Stn 453 x PI popülasyonunda HV yöntemine göre tohum havının gruplandırılması



Şekil 4.11. Stn 453 x PI popülasyonunda HV_1 yöntemine göre tohum havının gruplandırılması



Şekil 4.12. Stn 453 x PI popülasyonunda HV_2 yöntemine göre tohum havının gruplandırılması

Buraya kadar yapılan analizlerde kalıtımın Stn 453 x PI ve PI x Stn 453 popülasyonlarına göre tek gen ve Lifsiz x Stn 453 popülasyonuna göre 2 gen tarafından kontrol edildiğini söyleyebiliriz.

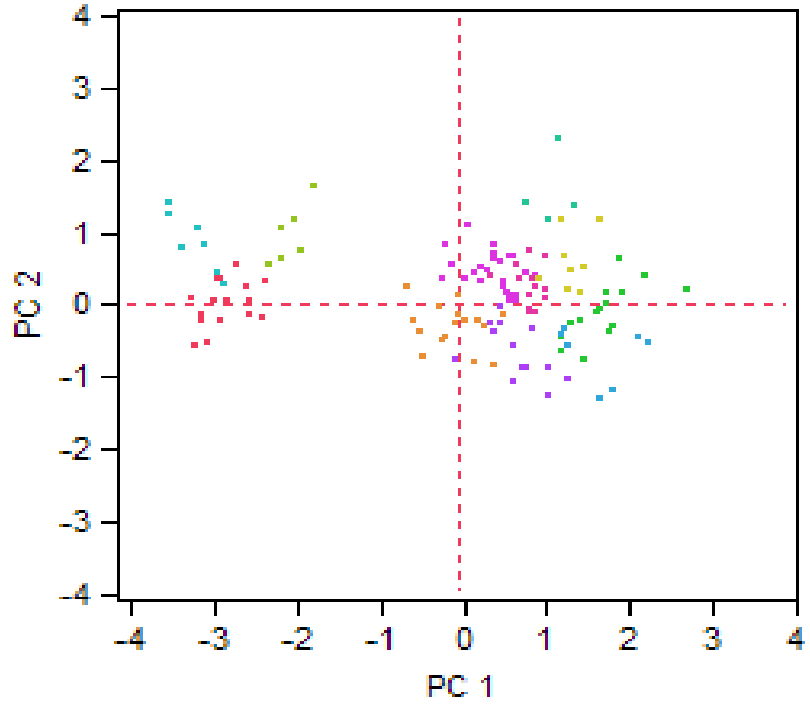
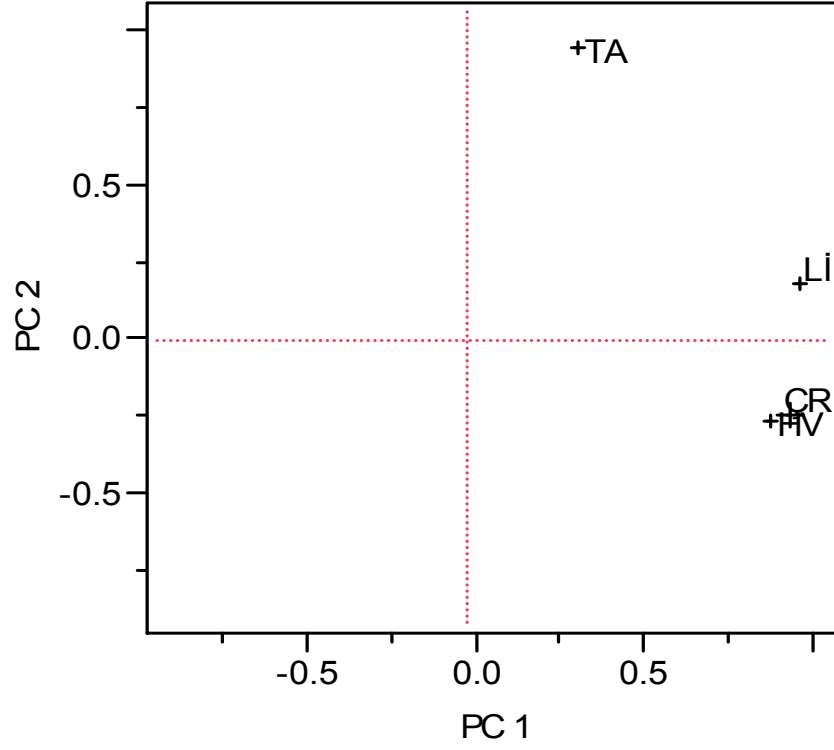
4.3. İncelenen Özellikler Arasındaki İlişkiler

PI x Stn 453 F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları Çizelge 4.9'da, Temel Bileşenler (Principal Component (PC)) analizi PC1 ve PC2'ye göre oluşturulan biplot grafikleri ve araştırmada incelenen fenotipik özelliklerin birbirleriyle olan ilişkisi Şekil 4.13'de verilmiştir.

Çırçır randımanı ile lint indeksi arasında olumlu ve önemli ($r=0.8297^{**}$), çırçır randımanı ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.7372^{**}$) bir ilişkinin olduğu saptanmıştır. Biz bu sonuçlara göre çırçır randımanı arttığı zaman lint indeksinin ve hav oranının arttığını anlayabiliriz. Yine lint indeksi ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.6884^{**}$), lint indeksi ile tohum ağırlığı arasında olumlu ve önemli ($r=0.4612^{**}$) bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlardan da hav oranı yüksek ise lint indeksi yüksek olmakta ve tohum ağırlığı arttığında lint indeksi artmaktadır. Özellikle hav oranı ve çırçır randımanı arasındaki ilişki bizim için önem arz etmektedir. Yapılan çalışmalarda, hav oranının artmasıyla lif oranının artması bu yönde bir ilişkinin olduğunu bildirmektedir (Turley ve ark., 2007). Yaptığımız çalışmada 115 nolu havsız genotip, lif oranı yönüyle % 33'e kadar çıkmıştır. Buna karşılık 109 nolu genotip hem hav oranı hemde lif oranı (% 36) yüksek bulunmuştur.

Çizelge 4.9. PI x Stn 453 F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları

	Çırçır Randımanı	Lint İndeksi	Tohum Ağırlığı
Lint İndeksi	0.8297**		
Tohum Ağırlılığı	0.014	0.4612**	
Hav Oranı	0.7372**	0.6884**	0.1306

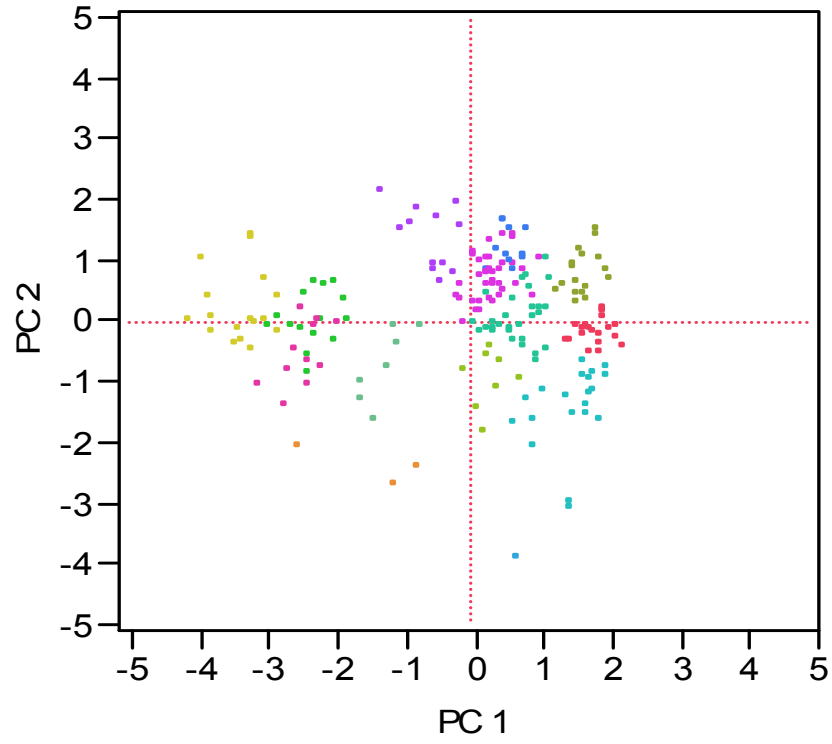
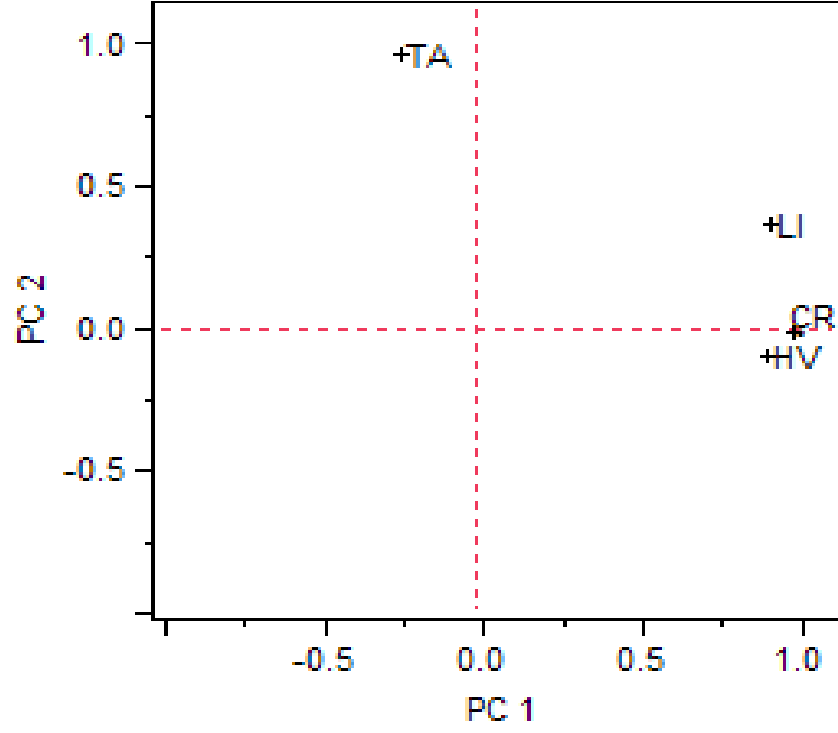


Şekil 4.13. PI x Stn 453 popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri (ÇR: Çırçır randımanı, Lİ: Lint indeksi, TA: Tohum ağırlığı ve HV: Hav oranı)

Stn 453 x PI F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları Çizelge 4.10'de, Temel Bileşenler analizi 1 ve 2'ye göre oluşturulan biplot grafikleri ve araştırmada incelenen fenotipik özelliklerin birbirleriyle olan ilişkisi Şekil 4.14'de verilmiştir. Çırçır randımanı ile lint indeksi arasında olumlu ve önemli ($r=0.7649^{**}$), çırçır randımanı ile tohum ağırlığı arasında olumsuz ve önemli ($r=-0.4004^{**}$), çırçır randımanı ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.8177^{**}$) bir ilişkinin olduğu saptanmıştır. Biz bu sonuçlara göre çırçır randımanı arttığı zaman lint indeksinin arttığını, tohum ağırlığı arttığında çırçır randımanın azaldığını ve tohum hav oranı arttığı zaman çırçır randımanının arttığını söyleyebiliriz. Yine lint indeksi ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.6646^{**}$), tohum ağırlığı ile hav arasında olumsuz ve önemli ($r=-0.2755^{**}$) bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlardan da hav oranı yüksek ise lint indeksi yüksek olmakta ve tohum ağırlığı arttığında hav oranı azalmaktadır.

Çizelge 4.10. Stn 453 x PI F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları

	Çırçır Randımanı	Lint İndeksi	Tohum Ağırlığı
Lint İndeksi	0.7649**		
Tohum Ağırlılığı	-0.4004**	0.1679	
Hav Oranı	0.8177**	0.6646**	-0.2755**



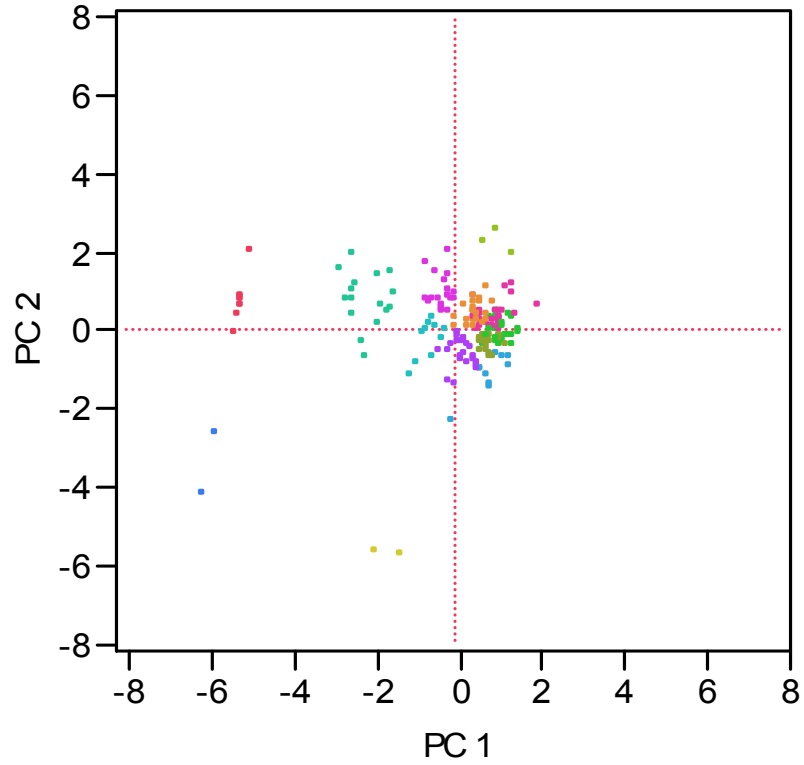
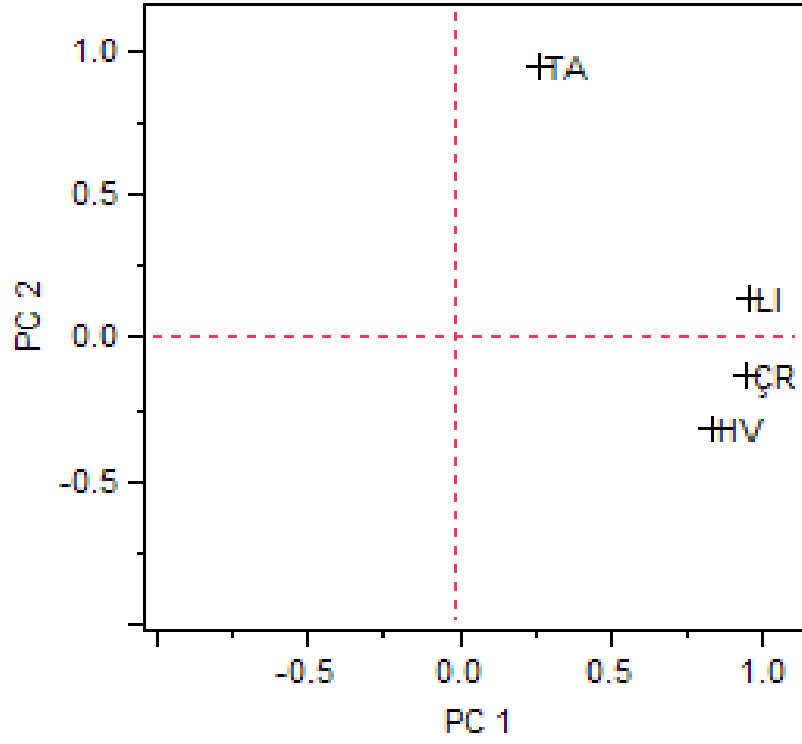
Şekil 4.14. Stn 453 x PI popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri (ÇR: Çırçır randımanı, Lİ: Lint indeksi, TA: Tohum ağırlığı ve HV: Hav oranı)

Lifsiz x Stn 453 F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları Çizelge 4.11’de, Temel Bileşenler analizi 1 ve 2’ye göre oluşturulan biplot grafikleri ve araştırmada incelenen fenotipik özelliklerin birbirleriyle olan ilişkisi Şekil 4.15’ de verilmiştir. Yine bu popülasyonda da çırçır randımanı ile lint indeksi ($r=0.6711^{**}$) ve hav (0.5833**), lint indeksi ile tohum ağırlığı (0.4578**) ve hav (0.476**) arasında önemli ve olumlu bir ilişkinin olduğu görülmüştür.

Çizelge 4.11. Lifsiz x Stn 453 F₂ popülasyonunda incelenen özellikler arası ilişkilere ait pearson korelasyon katsayıları

	Çırçır Randımanı	Lint İndeksi	Tohum Ağırlığı
Lint İndeksi	0.6711**		
Tohum Ağırlığı	-0.2242	0.4578**	
Hav Oranı	0.5833**	0.476**	-0.097

An ve ark., (2010)’da yaptıkları çalışmada lint indeksi ile çırçır randımanı arasında olumlu ve önemli bir ilişki belirlemiş, ancak lint indeksi ile tohum ağırlığı arasında ve çırçır randımanı ile tohum ağırlığı arasında herhangi bir ilişki olmadığını bildirmişlerdir. Bizim yaptığımız çalışma ile lint indeksi ile çırçır randımanı arasındaki önemli ilişki örtüşmektedir. Öte yandan çalıştığımız üç popülasyonda da önemli ilişki belirlediğimiz diğer özellikler yönünden farklı sonuçlar ortaya çıkmıştır. Bu farklılık kullanılan çeşit özelliğinden kaynaklanıyor olabilir.



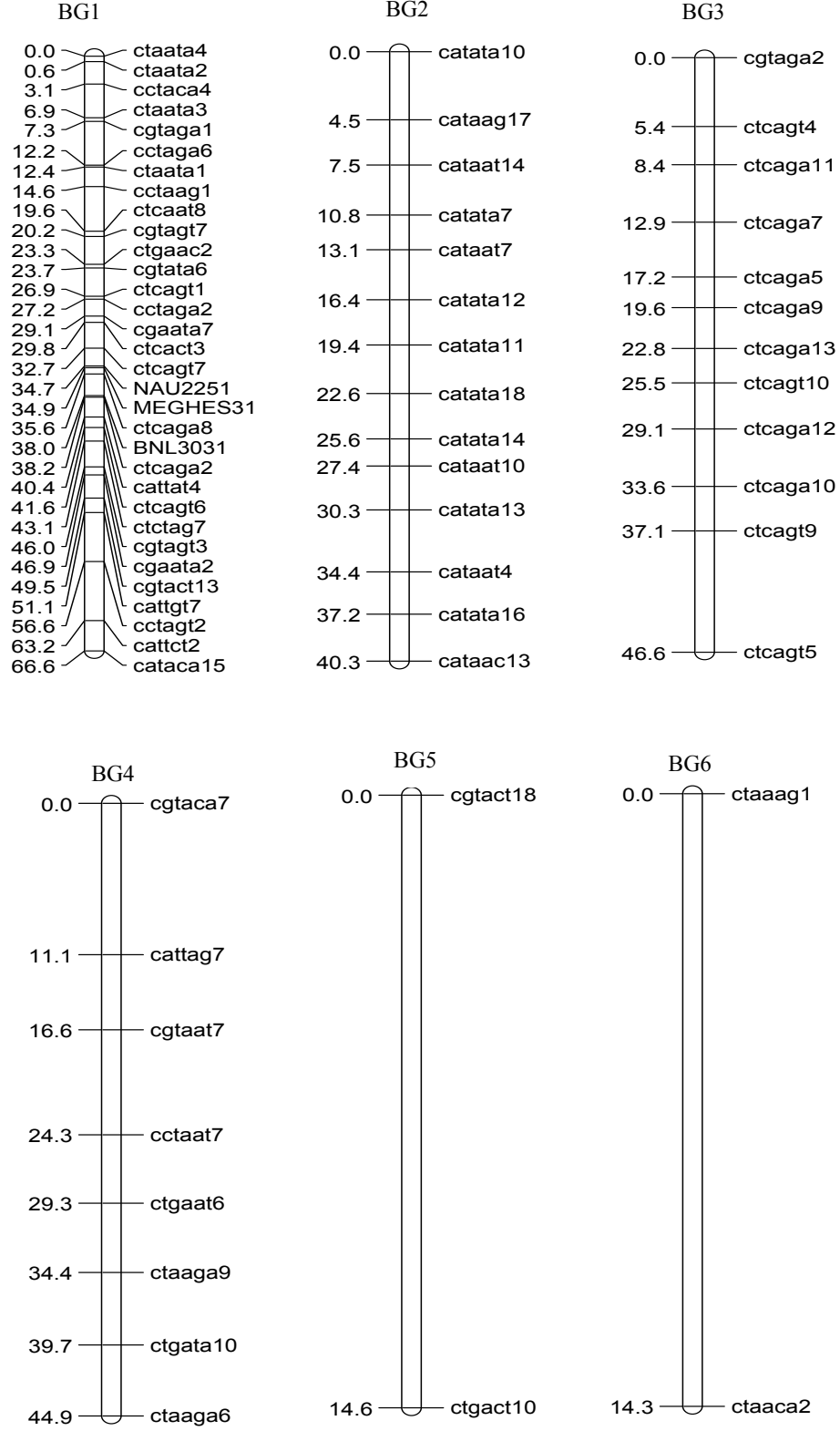
Şekil 4.15. Lifsız x Stn 453 popülasyonunda incelenen özelliklere ait biplot analizleri (ÇR: Çırçır randımanı, Lİ: Lint indeksi, TA: Tohum ağırlığı ve HV: Hav oranı)

4.4. Genetik Bağlantı (Linkage) Haritalarının Oluşturulması

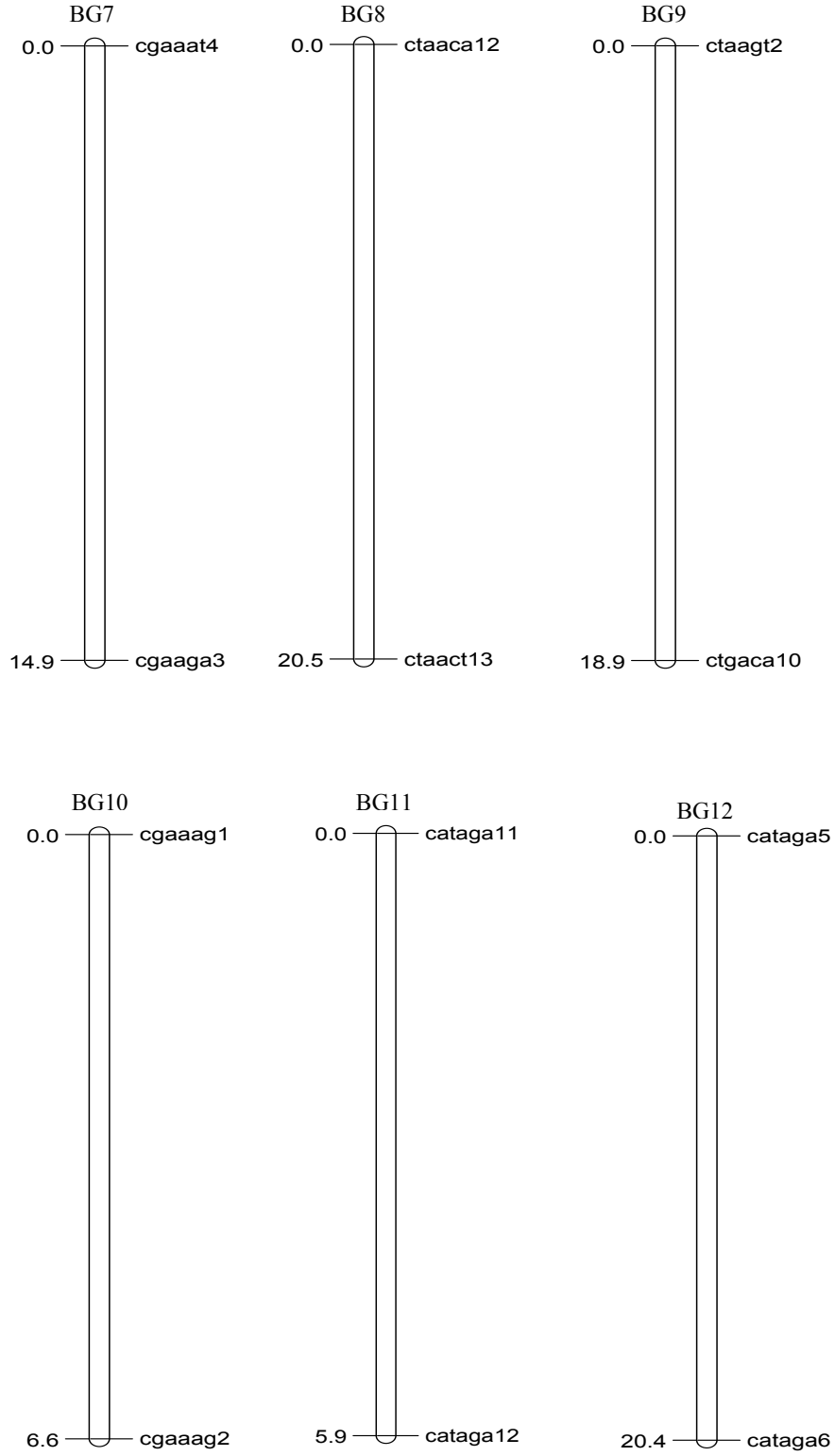
Linkage haritaları maksimum rekombinasyon oranı = %20 olacak şekilde seçilmiştir. Bağlantı gruplarının uzunlukları ve rekombinasyon birimi cM olarak Kosambi (1944)'ye göre hesaplanarak oluşturulmuştur.

Moleküler çalışmalarda, öncelikle 307 SSR kullanılarak ebeveynler taranmış ve bunlardan 17 adedi polimorfik bulunmuştur. Polimorfik bulunan SSR markörleri Çizelge 3.3'de verilmiştir. AFLP analizlerinde ise 72 primer kombinasyonu kullanılmış olup toplam 849 adet polimorfik bant elde edilmiş ve her bir kombinasyonun vermiş olduğu polimorfik bant sayıları Çizelge 3.10'da verilmiştir. Ancak yapılan χ^2 analizi sonucunda markörlerin çoğunluğunun beklenen açılımlara uymamasından ve haritalamanın güvenilirliğini düşüreceğinden sapma gösteren markörler çıkarılarak 17 SSR ve 394 adet AFLP markörü kullanılarak genetik haritalar oluşturulmuştur. Haritaların oluşturulmasında Joinmap 4.0 paket programı kullanılmıştır. Toplam 149 adet markör 27 adet bağlantı grubuna haritalanmış olup, markörler arası mesafe ortalama 21.72 cM, en uzun 66.58 cM ve en kısa mesafe ise 0.071 cM olmuştur (Şekil 4.16-4.20). Pamuk 26 diploid kromozoma sahip olmasına rağmen bizim çalışmamızda 27 bağlantı grubu elde edilmiştir. Bunun sebebi bazı bağlantı gruplarında yeterli çözünürlükte haritalamanın yapılamamış olmasından dolayı küçük olan bağlantı gruplarından birtanesi diğerlerinden ayrı düşmüştür.

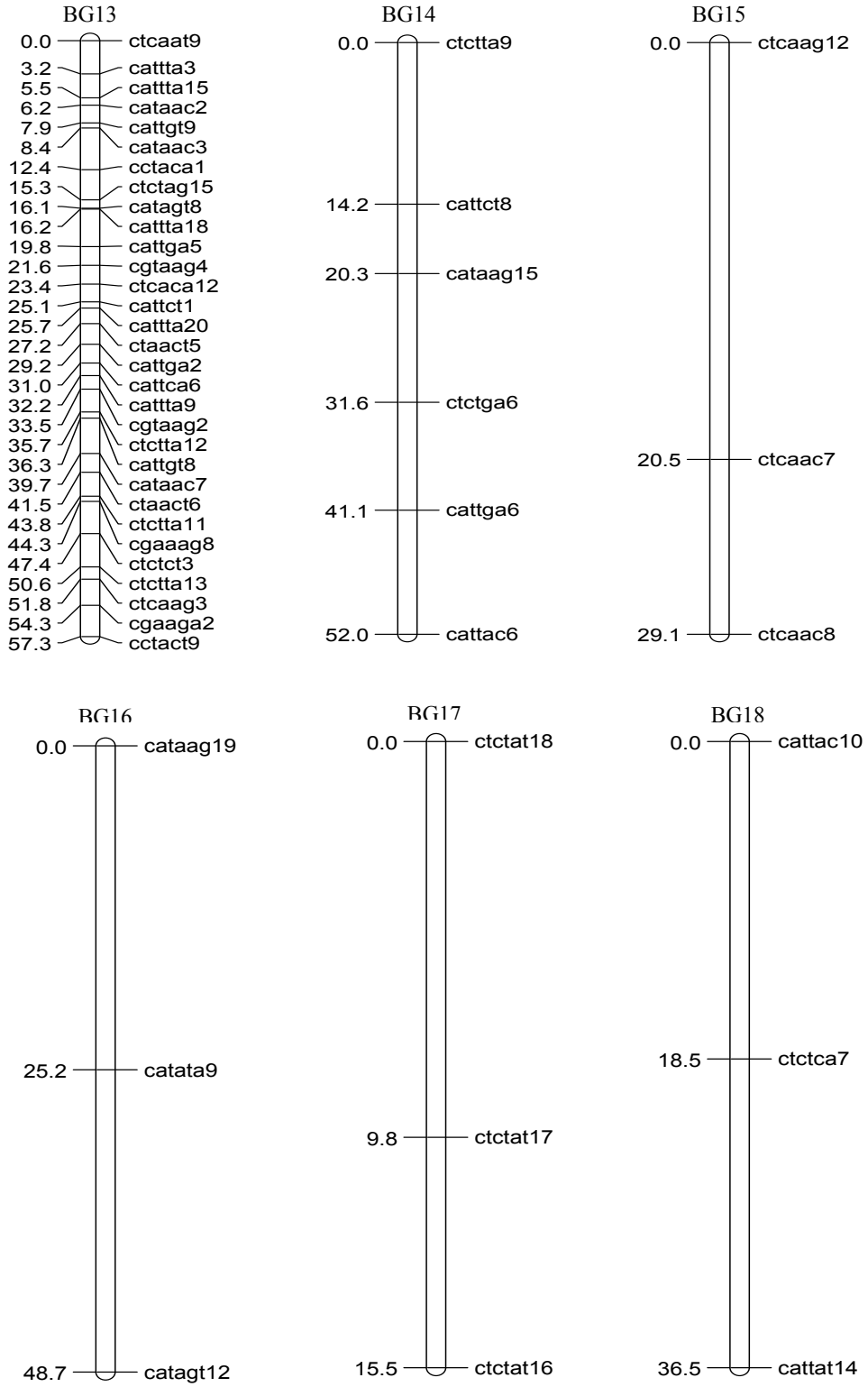
Pamuk bitkisinin tahmin edilen genom büyüklüğü 5000 cM'un üstündedir (Altaf-Khan ve ark., 2008). Yapmış olduğumuz genetik haritalama çalışmasında toplam 3237.04 cM uzunluğunda genetik harita elde edilmiş olup bu uzunluk pamuk genomunun haritalanması için tatminkar bulunabilir. Ancak haritalar üzerinde markör dağılımları sıklaştırıldığında istenilen yoğunlukta genom daha etkin taranmış olur. Özellikle AFLP markörlerini belirlerken aynı bölgeden seçilmesi markörlerin çoğunluğunu belirli kromozom üzerine yoğunlaştırmıştır. Bunun avantajı bu kromozomların daha detaylı haritalanmış olmasıdır. Dejavantajı ise genomun farklı bölgelerinden yeterince bilgi üretememesidir. Çalışmamızda şansımız ise özellikle hav ve lif durumuyla ilişkili QTL'lerin çoğunlukla haritalandığı 26. kromozom (çalışmamızda BG1) AFLP markörlerinin yoğun olarak bulunduğu grup olmuştur. Farklı AFLP primer kombinasyonlarının kullanımı ile diğer bağlantı gruplarında farklı markörler işaretlenebilir.



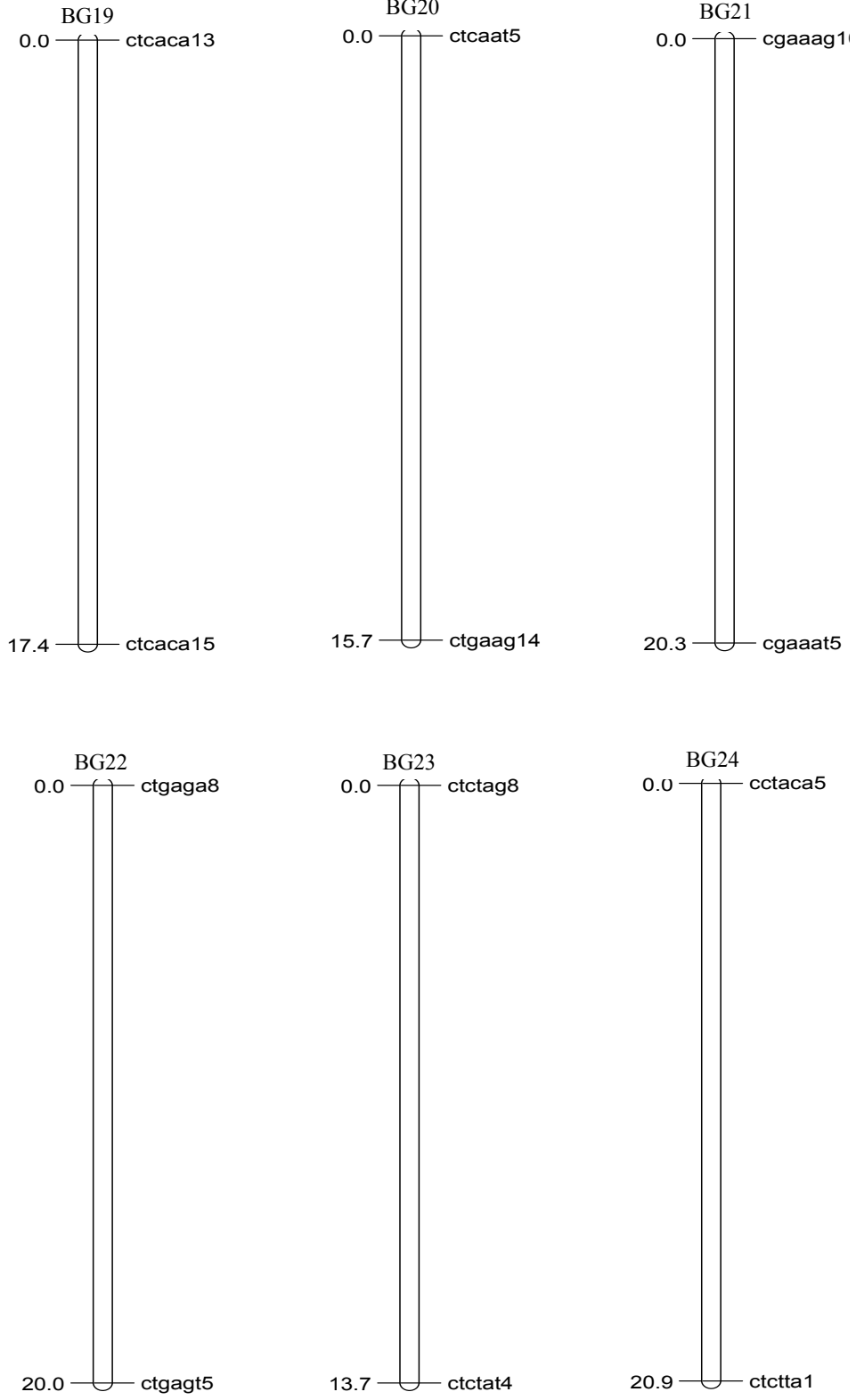
Şekil 4.16. Genetik bağlantı haritaları (1-6)



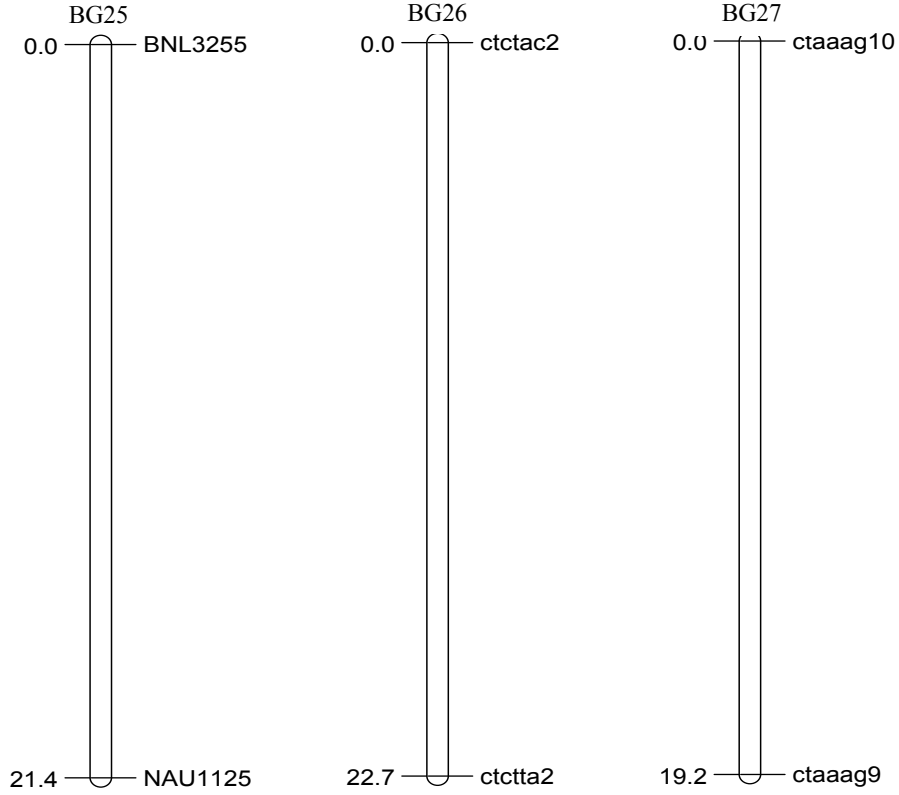
Şekil 4.17. Genetik bağlantı haritaları (7-12)



Şekil 4.18. Genetik bağlantı haritaları (13-18)



Şekil 4.19. Genetik bağlantı haritaları (19-24)



Şekil 4.20. Genetik bağlantı haritaları (25-27)

4.4.1. Markör segregasyonu (χ^2) ve genotip frekansları

Her bir bağlantı grubu için F_2 melez bitkilerine ait markörlerin, beklenen 1:2:1, 1:3 ve 3:1 açılım oranlarına uygunluğunu test etmek için, Joinmap 4.0 paket programı kullanılarak ki-kare (χ^2) değerleri hesaplanmıştır (EK-2). Popülasyonda markörlerin segregasyonunda çoğunluğun beklenen açılımlardan bir sapma (distortion gösterdiği) belirlenmiştir. Bu sonuç markörlerin bağlı olduğu karakterler yönünde veya tersi yönde yapılan seleksiyondan kaynaklanabilir. Genotipleme aşamasında yanlış okumalar ve okunamayan bantlar (eksik data) yine farklı sonuçların oluşmasını sağlayabilir. Ayrıca gen etkileri farklı açılım oranlarının ortaya çıkmasına neden olabilir.

Mendel açılımına uymayan sapmalar, birçok türün genetik haritalarının oluşturulmasını etkileyen oldukça önemli bir faktördür. Markörler arası genetik uzaklık ve bağlantı grupları üzerindeki markörlerin sırası bu sapmalardan etkilenebilmektedir (Özatay, 2007).

4.4.2. Kromozom lokasyonunun belirlenmesi

Daha önce farklı araştırmacılar tarafından yapılan çalışmalarda hav ve lif oluşumu ile ilgili QTL'ler 12 ve 26. kromozomlar üzerinde olduğu bildirilmiştir (An ve ark. 2010; Abdurakhmonov ve ark, 2007). Ayrıca Turley ve ark. (2002) hav oluşumundan en az 5 kromozomun (12, 17, 18, 20 ve 26. kromozom) sorumlu olduğunu bildirmektedirler. Saha ve ark. (2006) 12, 18, 23 ve 26. kromozomlarda çırcır randımanı ile ilgili QTL'ler belirlemişlerdir.

Abdurakhmonov ve ark. (2007)'de yaptıkları çalışmada MEGHES31 SSR markörünü 26. kromozomun uzun kolunda haritalamışlardır. Ayrıca Guo ve ark. (2007)'de NAU2251 SSR markörünü 26. kromozomda haritalamışlardır. Bu sonuçlar bizim yapmış olduğumuz genetik haritalama çalışması sonucu oluşan BG1 bağlantı grubunun 26. kromozom olduğunu göstermektedir. Ayrıca BNL3255 markörünün de 4. yada 8. kromozomda haritalandığı bildirilmektedir (CMD).

4.5. Kantitatif Karakter Lokus (QTL) Analizleri

QTL analiz çalışmalarında farklı istatistiksel modeller kullanılmaktadır. Tek markör analizi (single marker analysis) interval haritalama (interval mapping), composit interval haritalama, multiple interval haritalama bunlardan bazılarıdır. Değişik modellerin birbirlerine göre avantaj ve dezavantajları vardır. Kantitatif karakter lokuslarının belirlenmesinde tek markör analizinde iki farklı analiz programı (QGene Programı, WinQTLCart Programı) kullanılmış olup, composit interval haritalama analizlerinde WinQTLCart Programı kullanılmıştır.

4.5.1. Tek Markör analizi

QTL analiz çalışmalarında kullanılan metotlardan birisi olan tek markör analizi bütün genomu hızlı bir şekilde tarayarak en muhtemel QTL'leri ve eksik verileri bulmak amacıyla kullanılmaktadır (Tanksley ve ark., 1982; Edwards ve ark., 1987).

4.5.1.1. QGene programı kullanılarak incelenen özellikler ile önemli ilişki gösteren markörlerin belirlenmesi

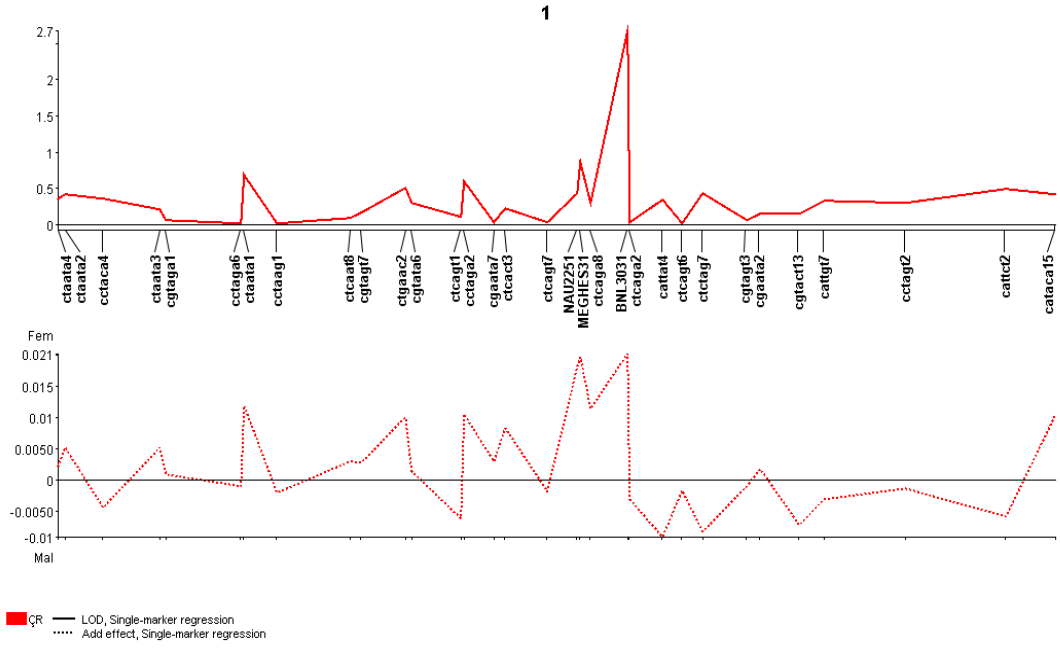
4.5.1.1.1. Çırcır randımanı ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Yapılan tek markör analizinde BG1 (26. kromozom), BG2, BG13 ve BG15 bağlantı gruplarında çırcır randımanı (ÇR) ile ilişkili 5 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.12). bu markörlerden 1 adedi (cataag17) çırcır randımanın düşük olmasıyla ve 4 adedi (BNL3031, ctaact6, cgaaag8 ve BNL3255) çırcır randımanın yüksek olmasıyla ilişkili bulunmuştur. Çizelge 4.12'de önemli ilişki belirlenen markörler verilmiş olup en yüksek LOD değeri BG1'de (2.67) elde edilmiştir. Ayrıca LOD değerine göre oluşturulmuş grafikler Şekil 4.21-4.24'de verilmiştir. Çizelgede görüldüğü gibi BG1 bağlantı grubunda BNL3031 markörleri çırcır randımanı ile önemli ($p=0,01$) bir ilişki göstermiştir. BG2'de cataag17 markörü çırcır randımanı üzerine negatif yönde, BG13'de ctaact6 ve cgaaag8 markörleri olumlu ve BG25'de BNL3255 markörü olumlu ve önemli bir ilişki göstererek yüksek çırcır randımanı ile ilişkili bulunmuşlardır.

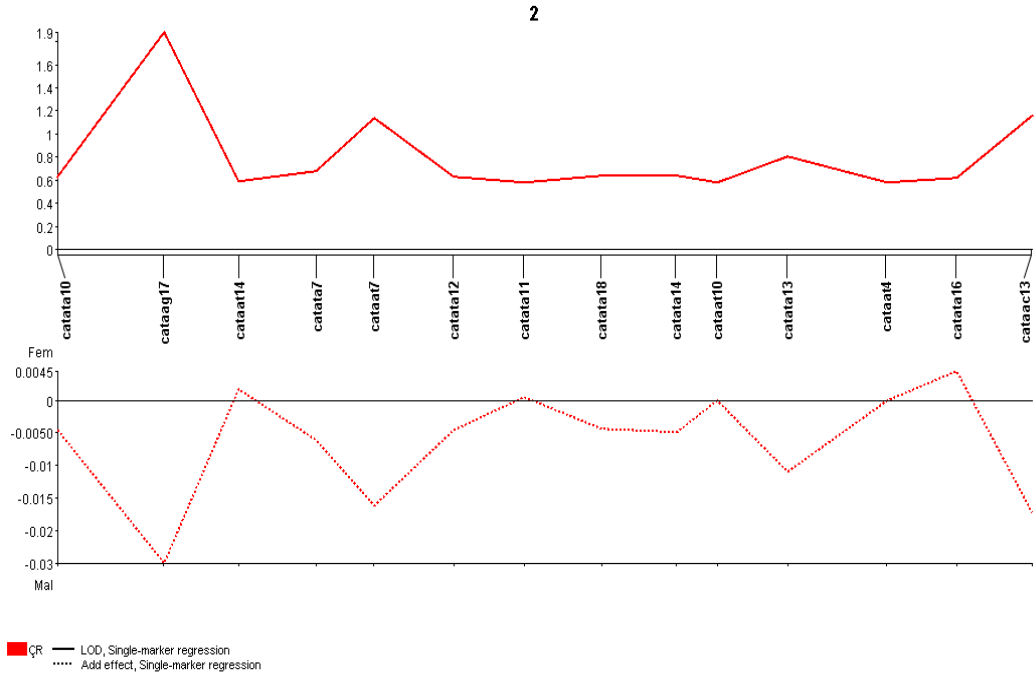
Çizelge 4.12. Tek markör analizinde çırcır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

LG	Markör	LP	$-\log p(F)$	AE ⁺	DE	F	LOD	R ²
1	BNL3031	38	2.634**	0.02	-0.891	6.267	2.676	0.063
2	cataag17	4.4	1.849*	-0.025	-0.024	4.357	1.879	0.045
13	ctaact6	41.4	1.947*	0.02	-0.176	4.593	1.978	0.047
13	cgaaag8	44.3	1.89*	0.019	-0.299	4.456	1.921	0.046
25	BNL3255	0	1.56*	0.027	0.02	3.663	1.585	0.038

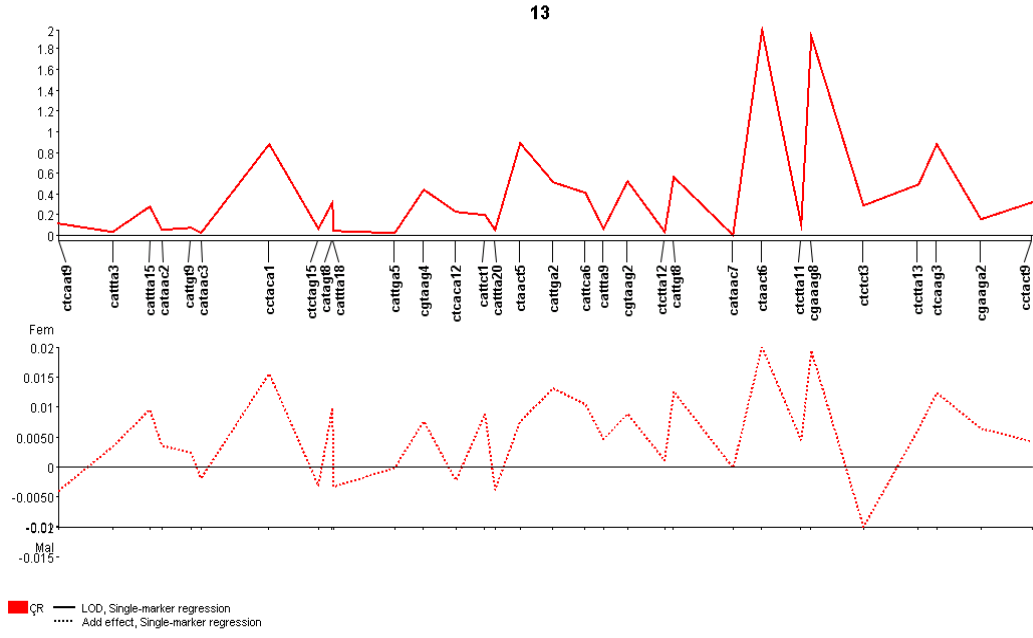
LG: Bağlantı grubu, LP: Bağlantı pozisyonu, *: $P=0.05$, **: $P=0.001$, AE: Aditif etki, R²: Fenotipik varyans, LOD: LOD skoru, ⁺: pozitif aditif etki Stn 453 genotipinden gelmektedir.



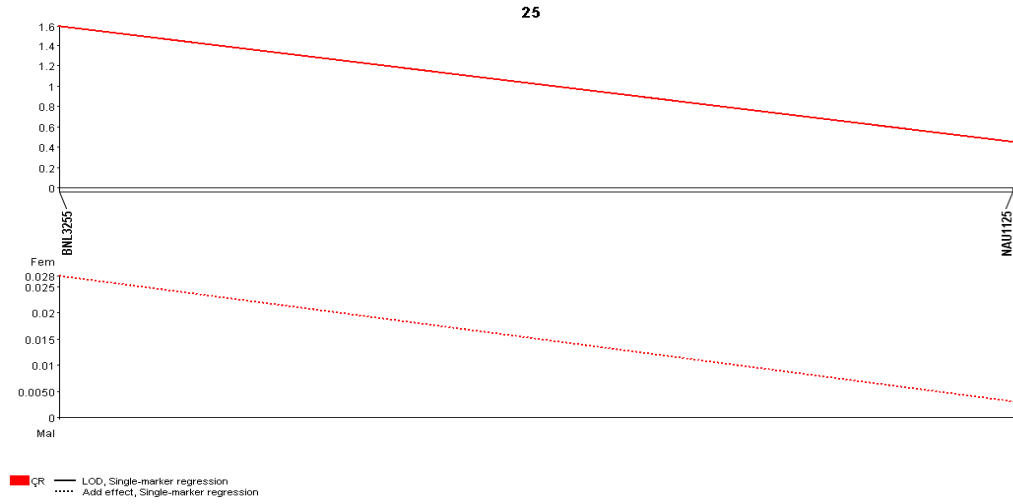
Şekil 4.21. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.22. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.23. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.24. Çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması

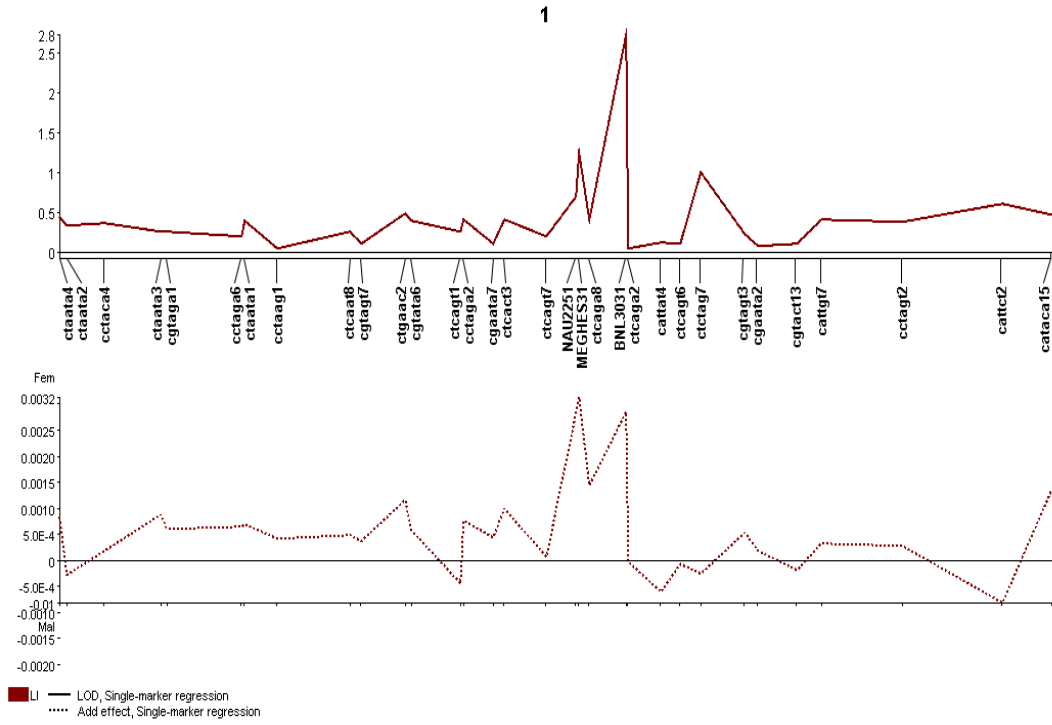
4.5.1.1.2. Lint indeksi ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

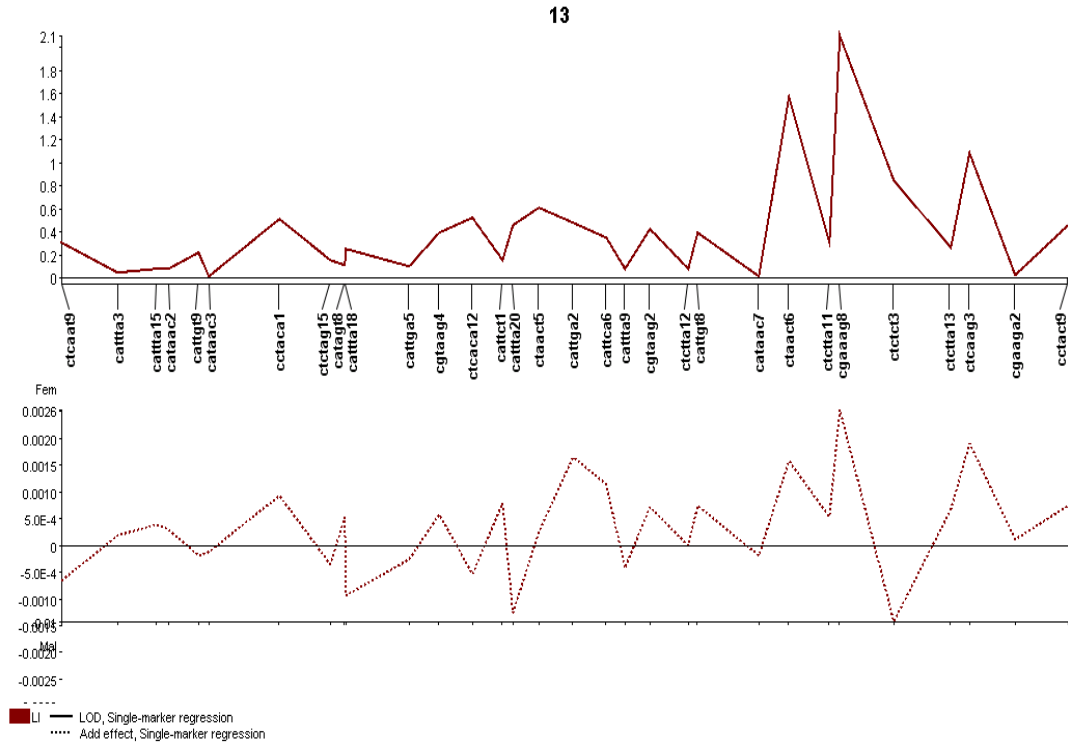
Lint indeksi, BG1'de BNL3031 markörleri ile önemli ($p=0.01$) ve pozitif bir ilişki göstermiştir (Çizelge 4.13 ve Şekil 4.25-4.30). BG2'de cataag17 markörünün $p=0.05$ önem düzeyinde lint indeksini olumsuz yönde etkilediği görülmektedir. Ayrıca BG13'de ctaact6 ($p=0.05$) ve cgaaag8 ($p=0.01$), BG17'de ctctat18, ctctat17 ve ctctat16 markörleri ($p=0.05$), BG18'de ctctca7 ($p=0.01$), BG23'de ctctat4 ($p=0.05$) önemli ve olumlu bir ilişki görülmektedir.

Çizelge 4.13. Tek markör analizinde lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

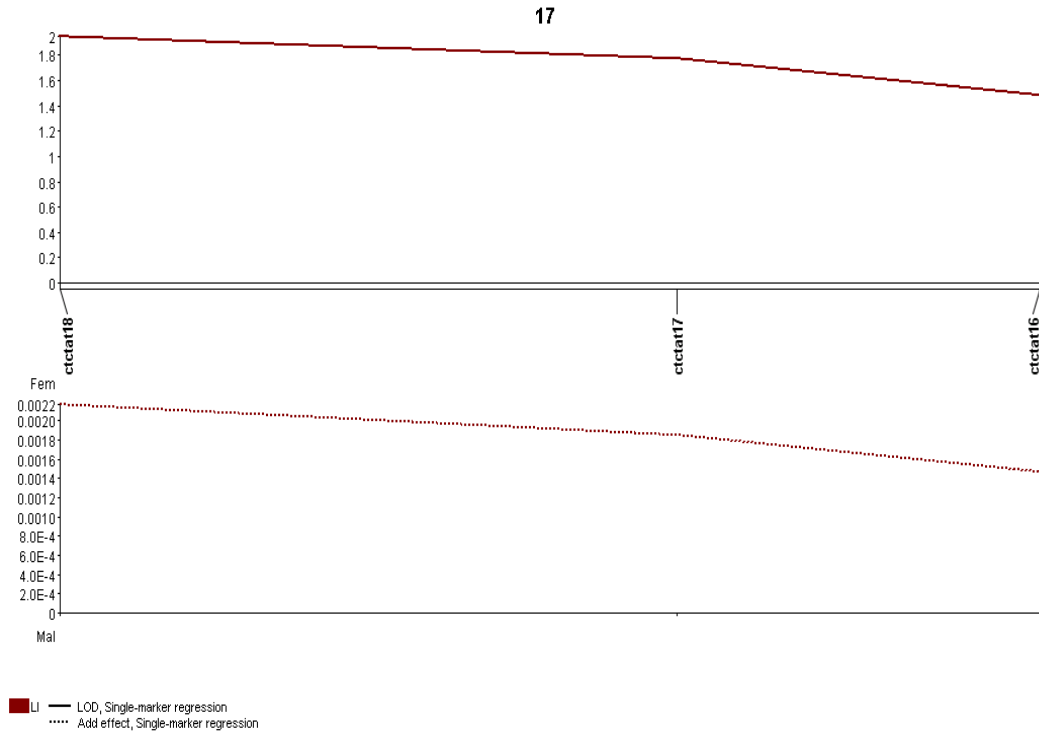
LG	Markör	LP	-log p(F)	AE ⁺	DE	F	LOD	R ²
1	BNL3031	38	2.77**	0.003	-0.104	6.603	2.725	0.067
2	cataag17	4.4	1.425*	-0.003	-0.002	3.34	1.402	0.035
13	ctaact6	41.4	1.591*	0.002	-0.023	3.737	1.565	0.039
13	cgaaag8	44.3	2.134**	0.003	-0.033	5.046	2.099	0.052
17	ctctat18	0	1.982*	0.002	0.016	4.677	1.95	0.048
17	ctctat17	9.7	1.806*	0.002	0.016	4.254	1.777	0.044
17	ctctat16	15.4	1.506*	0.001	0.016	3.533	1.481	0.037
18	ctctca7	18.5	2.264**	0.003	0.012	5.363	2.227	0.055
23	ctctat4	13.7	1.702*	0.002	0.016	4.003	1.674	0.041

LG: Bağlantı grubu, LP: Bağlantı pozisyonu, *: $P=0.05$, **: $P=0.001$, AE: Aditif etki, R²: Fenotipik varyans, LOD: LOD skoru, ⁺: pozitif aditif etki Stn 453 genotipinden gelmektedir.

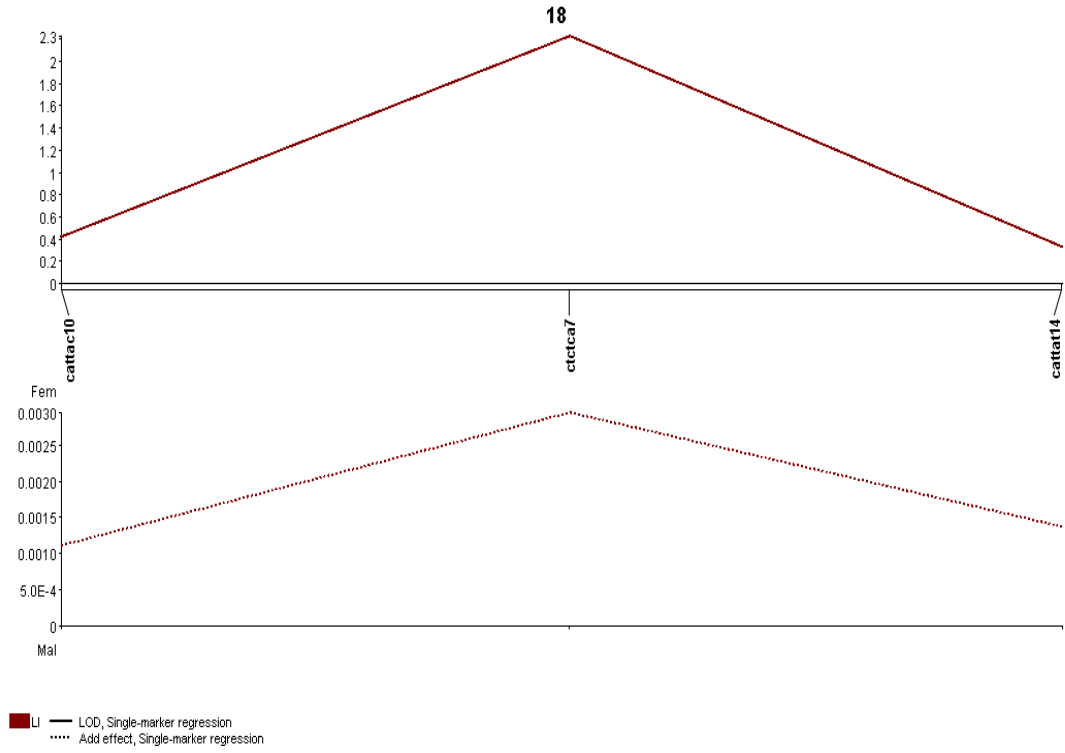




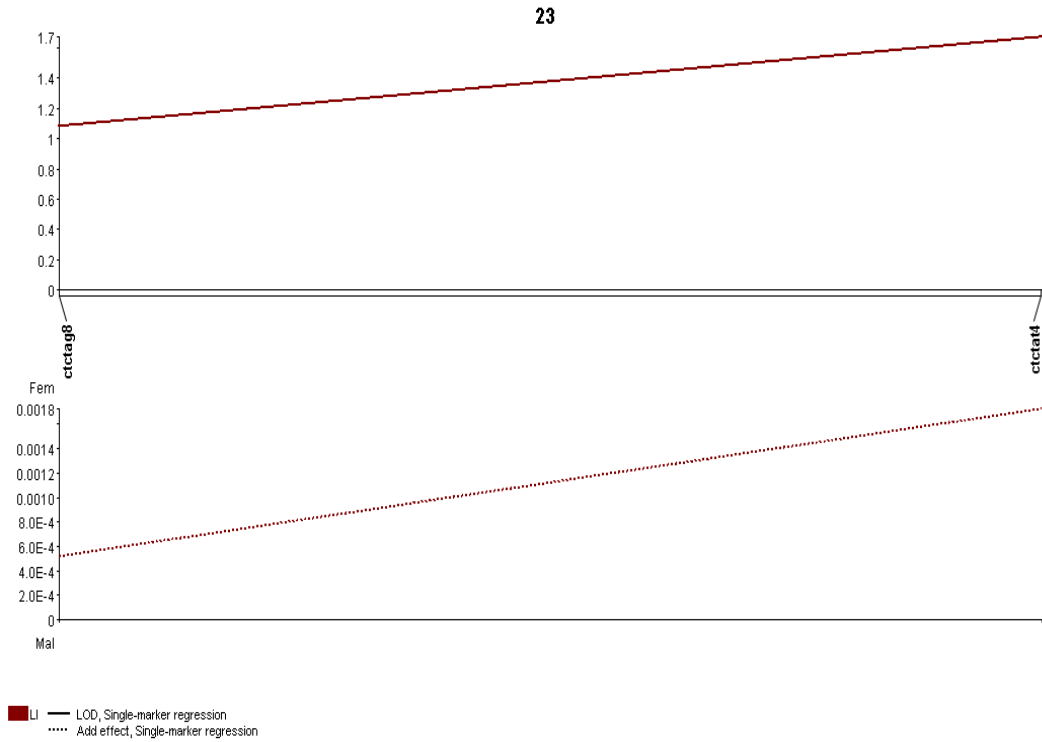
Şekil 4.27. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.28. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG17 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.29. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.30. Lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG23 bağlantı grubunda haritalanması

4.5.1.1.3. Hav ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Hav yönünden fenotipik olarak üç farklı sınıflandırma yapılmıştır. Bu sınıflandırma;

HV= Havsız (1)-Havlı (2),

HV₁= Havsız (1)-Çok az havlı (2)-Havlı (3),

HV₂= % 0 (1), % 1 (2), % 2 (3), % 3 (4), % 4 (5) ve % 20 (6) havlı olarak yapılmıştır. O yüzden her bir grup için QTL analizleri ayrı ayrı incelenecektir.

Gruplandırma HV'ye göre yapıldığında 3 farklı bağlantı grubunda (BG1, BG2, BG13) 3 farklı markör (NAU2251, catata13 ve ctaact6) ile önemli bir ilişkinin olduğu ve NAU2251 ve catata13 markörlerinin havsızlıkla, ctaact6 markörünün havlılıkla ilişkili olduğu görülmektedir (Çizelge 4.14 ve Şekil 4.31-4.37).

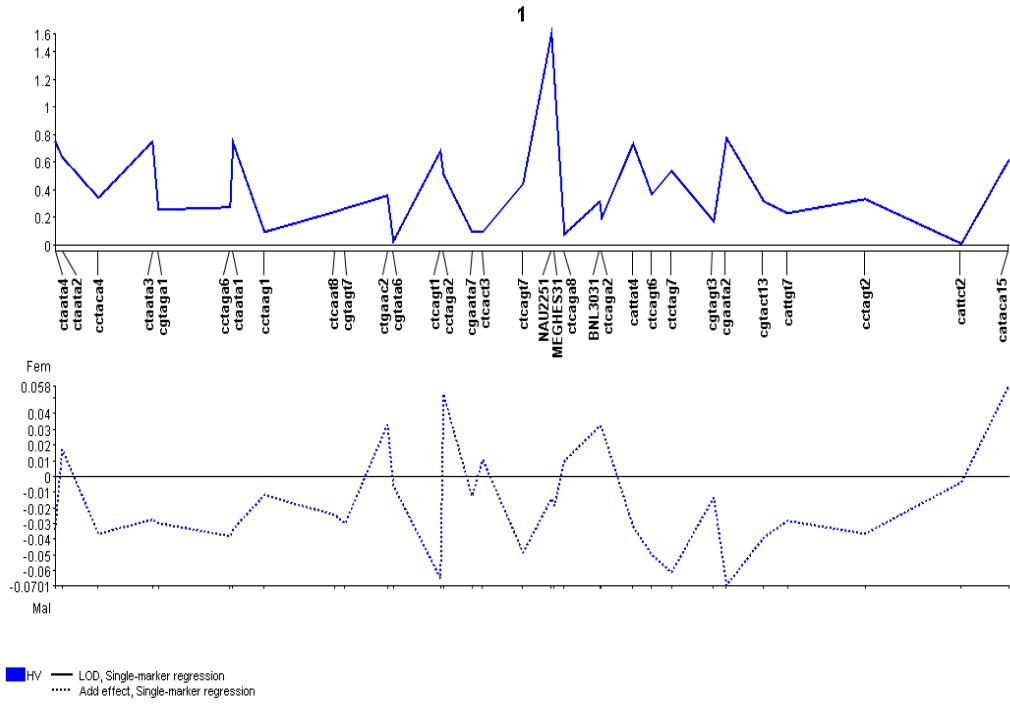
Çizelge 4.14. Tek markör analizinde hav ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

İÖ	LG	Markör	LP	-log p(F)	AE ⁺	DE	F	LOD	R ²
HV	1	NAU2251	34.6	1.505*	-0.014	0.86	3.531	1.529	0.037
HV	2	catata13	30.2	1.334*	-0.077	-0.155	3.124	1.356	0.033
HV	13	ctaact6	41.4	1.645*	0.106	0.443	3.866	1.671	0.04
HV ₁	1	MEGHES31	34.8	1.425*	0.064	1.45	3.339	1.448	0.035
HV ₁	13	ctaact6	41.4	2.372**	0.24	-0.709	5.627	2.411	0.057
HV ₂	13	catagt8	16.1	1.393*	0.309	-2.323	3.264	1.416	0.034
HV ₂	13	ctaact6	41.4	2.235**	0.359	-1.923	5.292	2.271	0.054
HV ₂	13	cgaag8	44.3	1.538*	0.273	-3.214	3.61	1.563	0.038
HV ₂	25	BNL3255	0	1.381*	0.39	0.173	3.235	1.403	0.034

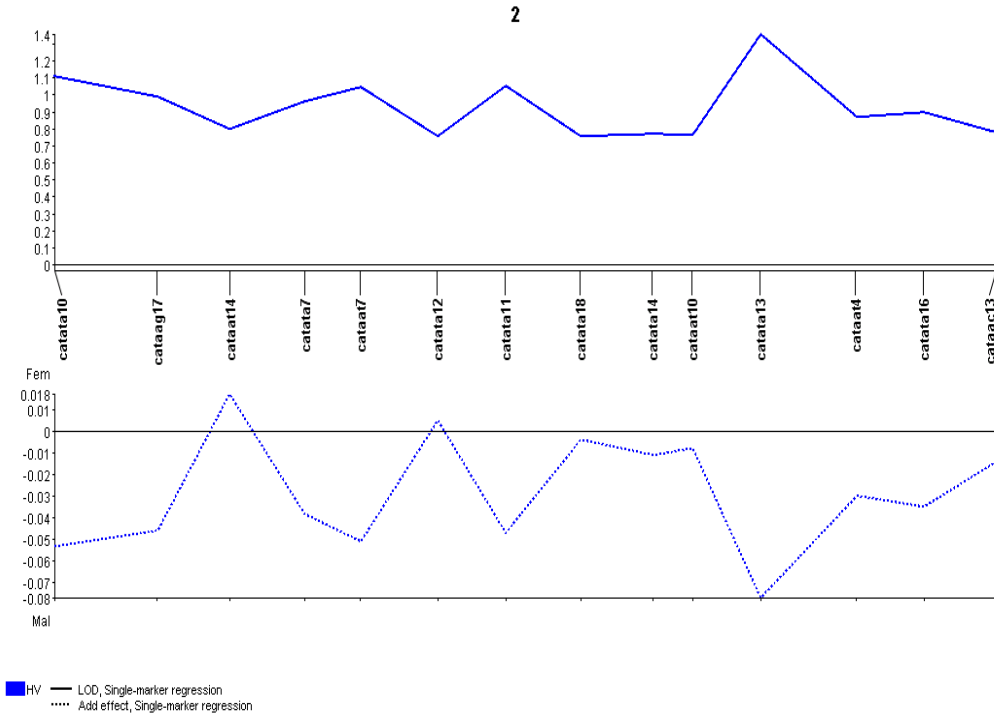
İÖ: İncelenen özellik, LG: Bağlantı grubu, LP: Bağlantı pozisyonu, *: P=0.05, **:P=0.001, AE: Aditif etki, R²: Fenotipik varyans, LOD: LOD skoru, ⁺: pozitif aditif etki Stn 453 genotipinden gelmektedir.

Gruplandırma HV₁'e göre yapıldığında 2 farklı bağlantı grubunda (BG1 ve BG13) hav oluşumu ile önemli ilişki gösteren 2 adet QTL (MEGHS31 ve ctaact6) belirlenmiştir. Bu QTL'lerin yüksek havlılıkla ilişkili olduğu çizelge 4.14'de görülmektedir. Ayrıca bağlantı gruplarına göre oluşturulmuş genetik haritalar Şekil 4.38-4.39'de verilmiştir.

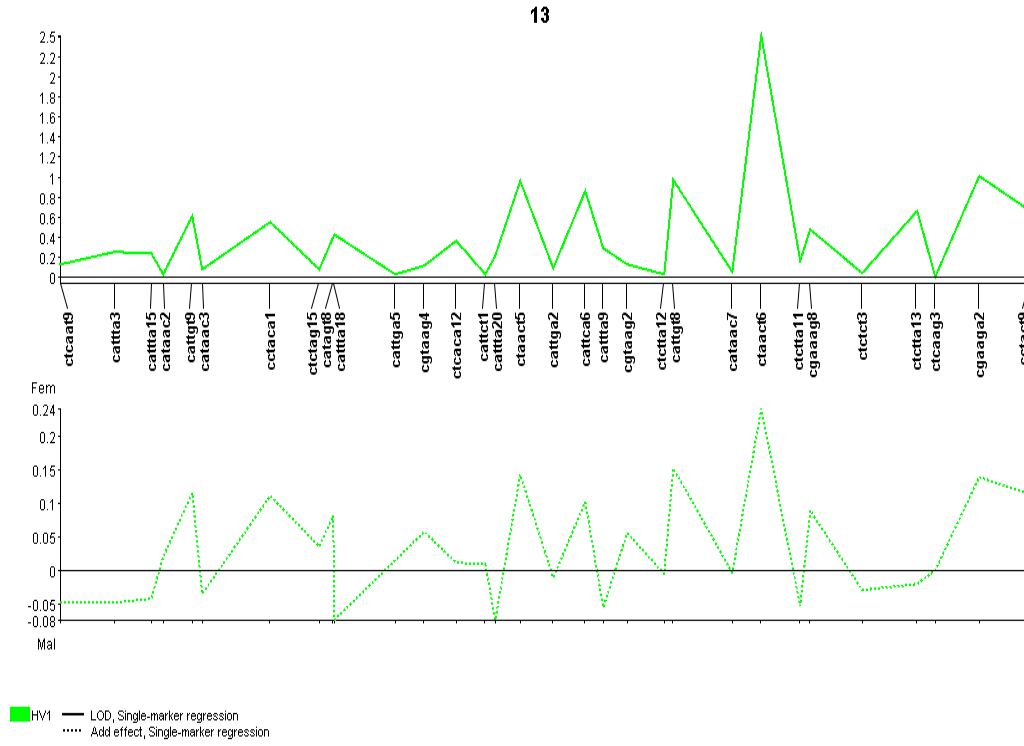
Gruplandırma HV₂'ye göre yapıldığında 2 farklı bağlantı grubunda (BG13 ve BG25) hav oluşumu ile önemli ilişki gösteren 4 adet QTL (catagt8, ctaact6, cgaag8 ve BNL3255) belirlenmiştir. Bu QTL'ler yüksek havlılık ile ilişkili bulunmuştur (Çizelge 4.14 ve Şekil 4.40-4.41).



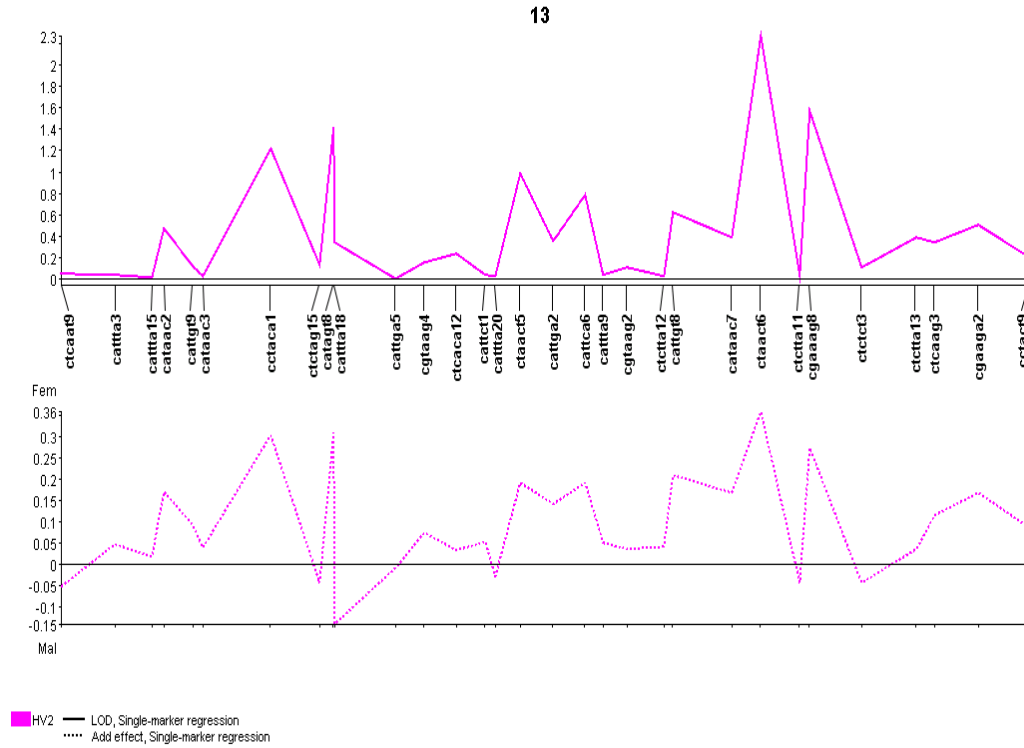
Şekil 4.31. HV'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması



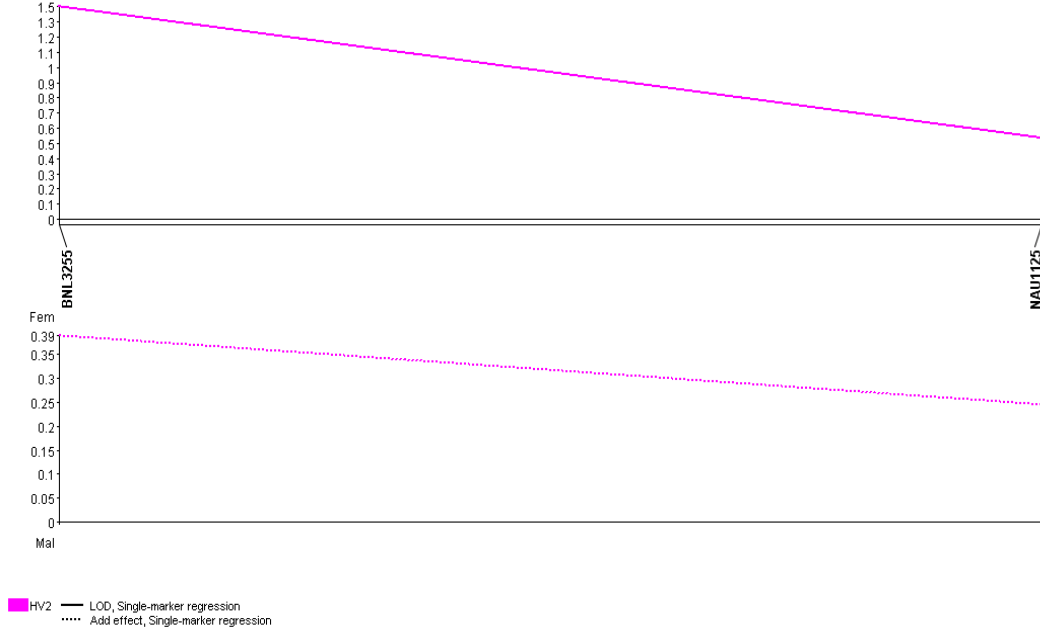
Şekil 4.32. HV'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.35. HV₁'e göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.36. HV₂'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.37. HV₂'ye göre yapılmış fenotipleme ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması

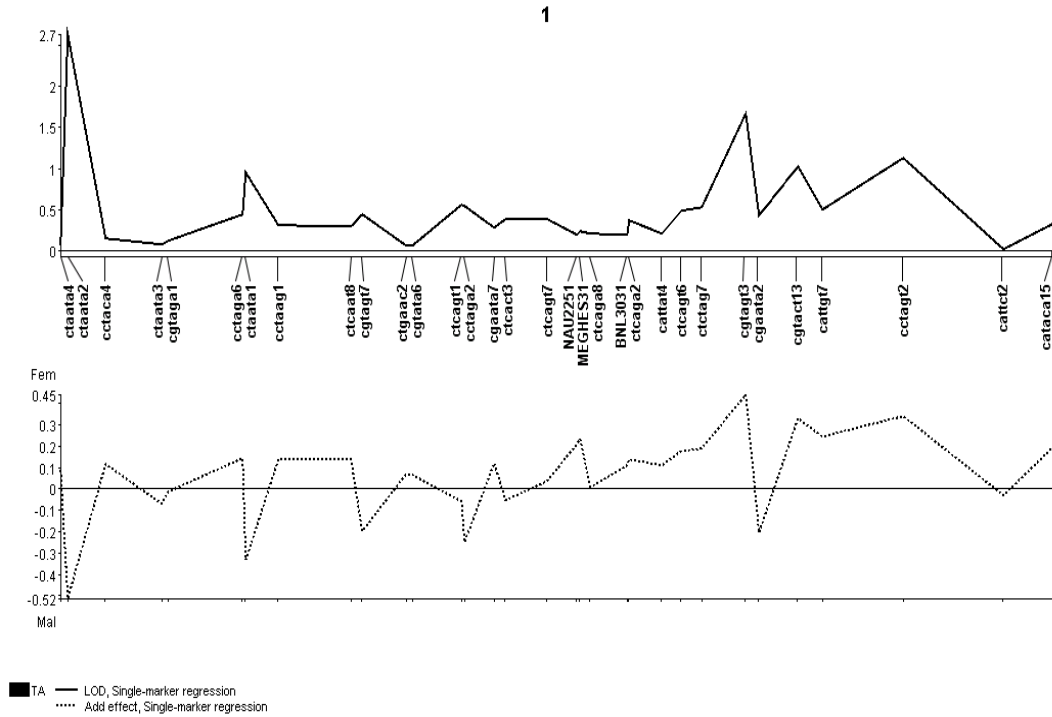
4.5.1.1.4. Tohum ağırlığı ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Tohum ağırlığı ile ilişkili BG1'de 1, BG2'de 8, BG3'de 2, BG4'de 3, BG13'de 2, BG16'da 2 ve BG25'de 1 QTL belirlenmiştir. Bu belirlenen QTL'lerden BG1'de belirlenen QTL'in (ctaata2) $p=0.01$ düzeyinde önemli ve yüksek tohum ağırlığı ile ilişkili bulunmuştur. Diğer bağlantı gruplarında belirlenen QTL'lerin $p=0.05$ düzeyinde önemli olduğu bu QTL'lerden 7 (ctcaga13, ctcagt10, ctctct3, cgaaga2, cataag19, catata9, BNL3255) tanesinin yüksek tohum ağırlığı ile 11 (catata10, cataat14, catata18, catata14, cataat10, catata13, catata16, cataac13, cgtaat7, ccta7 ve ctaaga9) tanesinin ise düşük tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.15 ve Şekil 4.38-4.44).

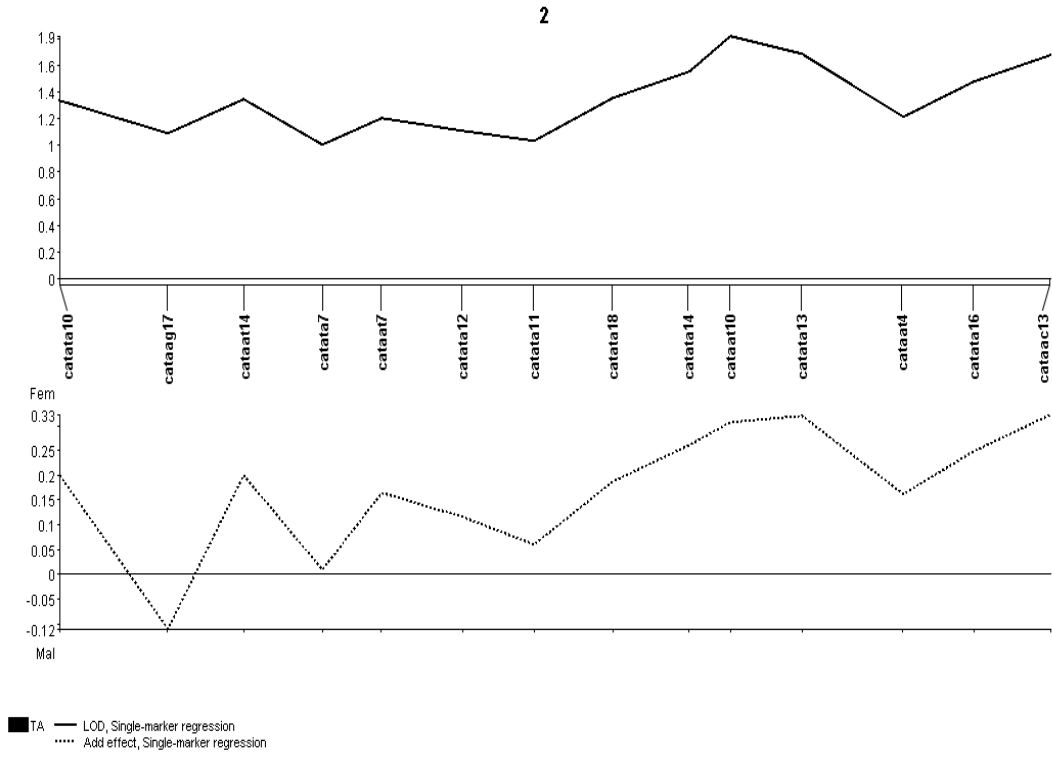
Çizelge 4.15. Tek markör analizinde tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

LG	Markör	LP	-log p(F)	AE ⁺	DE	F	LOD	R ²
1	ctaata2	0.5	2.675**	-0.515	-1.441	6.37	2.632	0.064
2	catata10	0	1.359*	0.201	0.915	3.182	1.337	0.033
2	cataat14	7.5	1.365*	0.199	0.893	3.198	1.343	0.033
2	catata18	22.5	1.377*	0.188	0.925	3.225	1.354	0.034
2	catata14	25.6	1.574*	0.261	0.82	3.696	1.548	0.038
2	cataat10	27.3	1.847*	0.306	0.81	4.353	1.818	0.045
2	catata13	30.2	1.716*	0.32	0.739	4.036	1.688	0.042
2	catata16	37.2	1.497*	0.248	0.864	3.512	1.473	0.037
2	cataac13	40.3	1.702*	0.322	0.778	4.003	1.674	0.041
3	ctcaga13	22.8	1.4*	-0.31	1.951	3.282	1.378	0.034
3	ctcagt10	25.5	1.713*	-0.349	1.918	4.029	1.685	0.042
4	cgtaat7	16.5	1.461*	0.345	-6.498	3.426	1.437	0.036
4	cctaata7	24.3	1.607*	0.359	1.569	3.776	1.581	0.039
4	ctaaga9	34.4	1.469*	0.375	0.659	3.445	1.445	0.036
13	ctctct3	47.4	1.751*	-0.061	-3.45	4.121	1.723	0.043
13	cgaaga2	54.3	1.478*	-0.335	-1.016	3.468	1.454	0.036
16	cataag19	0	1.366*	-0.226	0.867	3.199	1.344	0.033
16	catata9	25.1	1.357*	-0.213	1.053	3.179	1.335	0.033
25	BNL3255	0	1.535*	-0.48	-0.238	3.604	1.511	0.038

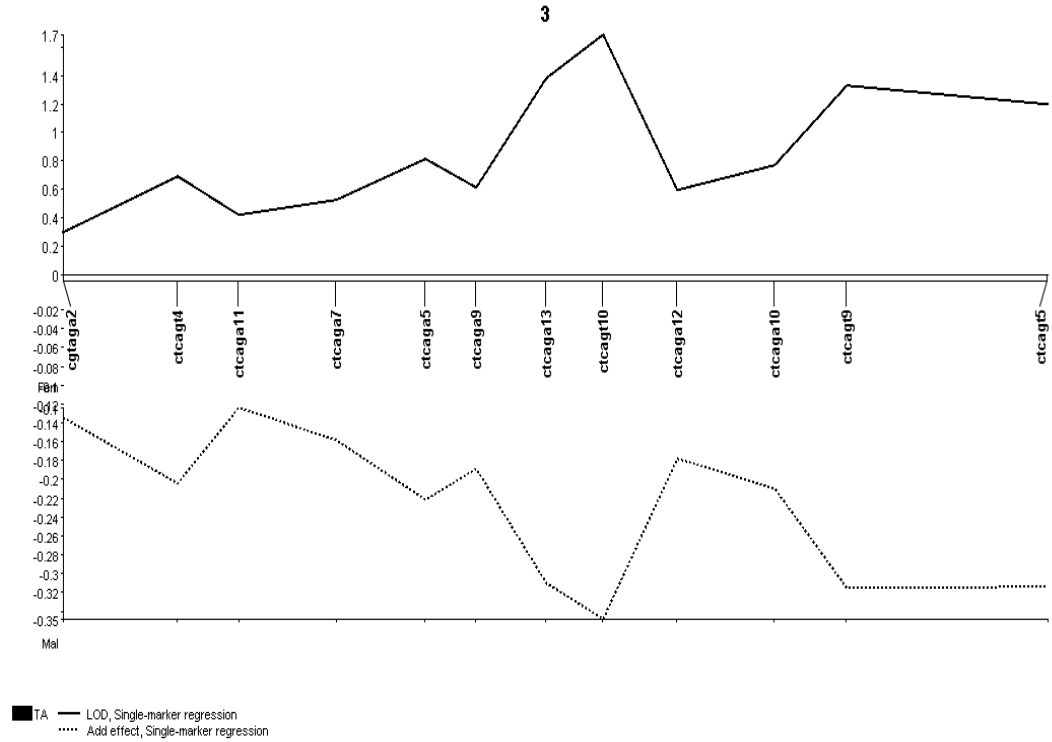
LG: Bağlantı grubu, LP: Bağlantı pozisyonu, *: P=0.05, **:P=0.001, AE: Aditif etki, R²: Fenotipik varyans, LOD: LOD skoru, +: pozitif aditif etki Stn 453 genotipinden gelmektedir.



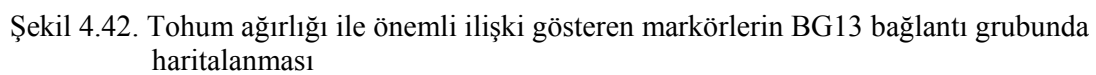
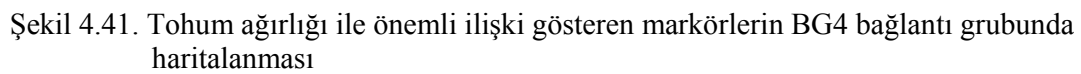
Şekil 4.38. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması

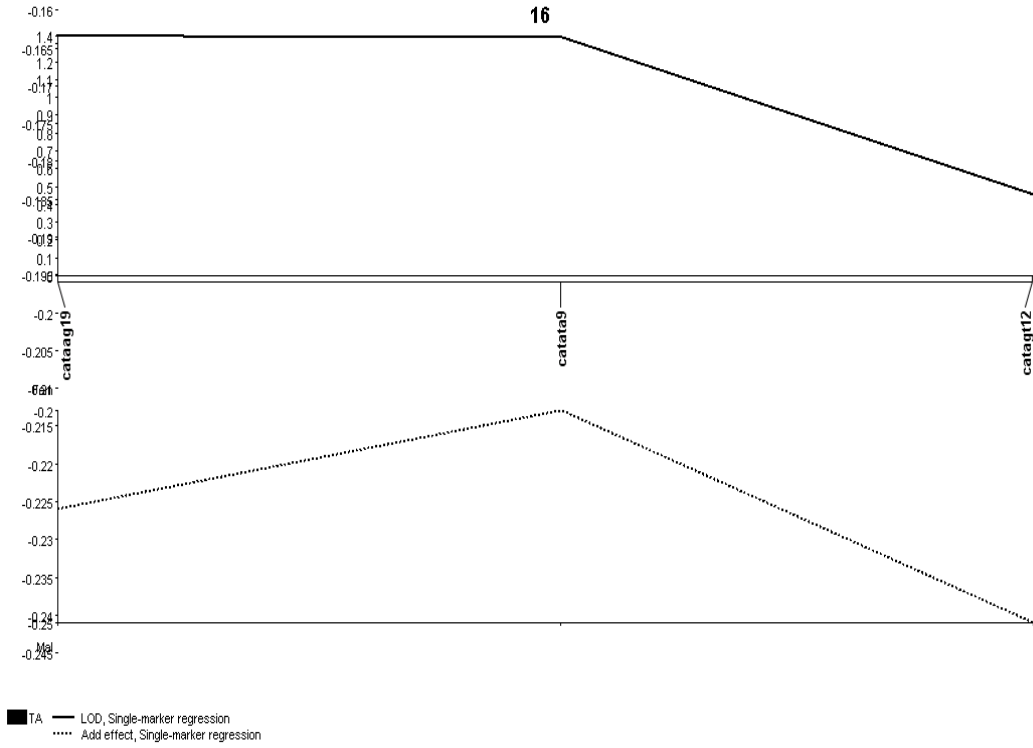


Şekil 4.39. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG2 bağlantı grubunda haritalanması

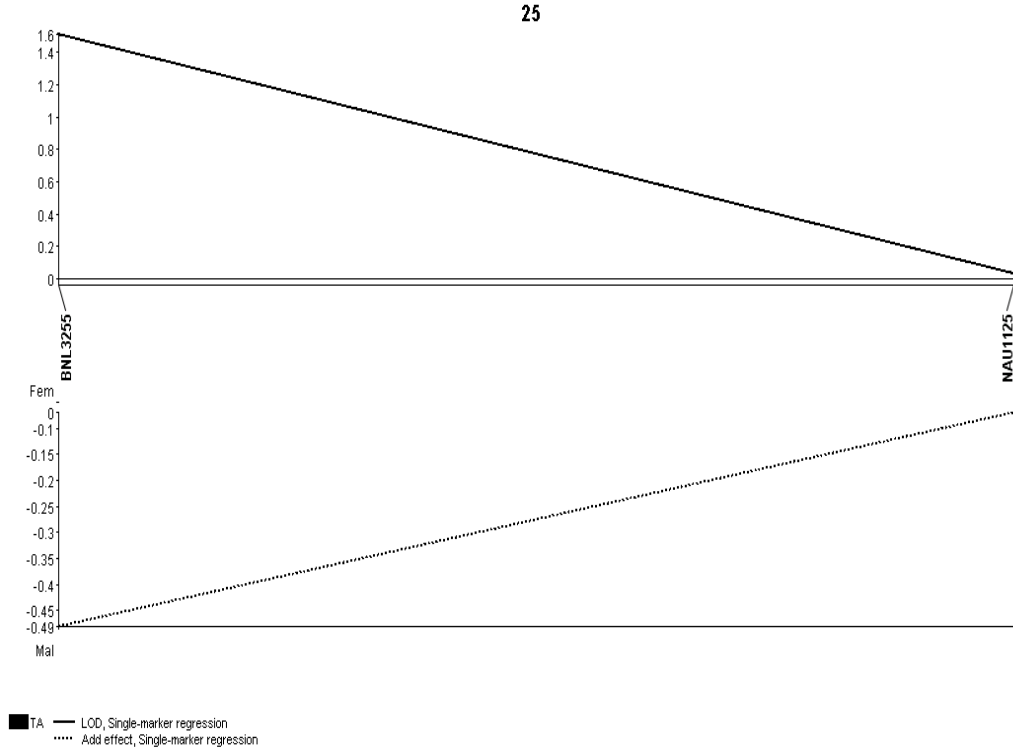


Şekil 4.40. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG3 bağlantı grubunda haritalanması





Şekil 4.43. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.44. Tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörlerin BG25 bağlantı grubunda haritalanması

4.5.1.2. WinQTLCart programı kullanılarak incelenen özellikler ile önemli ilişki gösteren markörlerin belirlenmesi

4.5.1.2.1. Çırcır randımanı ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Yapılan tek markör analizinde BG2, BG5, BG13, BG18 ve BG25 bağlantı gruplarında çırcır randımanı (ÇR) ile ilişkili 8 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.16). Bu markörlerden 3 adedi (cataag17, cataat7 ve cataac13) çırcır randımanın düşük olmasıyla ve 5 adedi (ctgact10, ctaact6, cgaaag8, cattat14 ve BNL3255) çırcır randımanın yüksek olmasıyla ilişkili bulunmuştur.

Çizelge 4.16. Tek markör analizinde çırcır randımanı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

BG	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1,n-2)	pr(F)
2	cataag17	0.243	-0.028	8.010	8.096	0.005 **
2	cataat7	0.247	-0.020	4.055	4.055	0.045 *
2	cataac13	0.246	-0.021	4.301	4.304	0.039 *
5	ctgact10	0.266	0.018	4.500	4.506	0.035 *
13	ctaact6	0.244	0.022	5.606	5.630	0.019 *
13	cgaaag8	0.246	0.021	5.864	5.893	0.016 *
18	cattat14	0.250	0.016	4.110	4.111	0.044 *
25	BNL3255	0.256	0.026	5.366	5.385	0.021 *

BG: Bağlantı grubu, “-2ln(L0/L1)”: Likelihood Test Oranları, b1 ve b0: regresyon katsayıları *: p=0.05, **:p=0.01, ***:p=0.001

4.5.1.2.2. Lint indeksi ile ilişkili QTL'lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Lint indeksi, BG1’de MEGHS31 markörleri ile önemli (p=0.01) ve olumlu bir ilişki göstermiştir (Çizelge 4.17). BG2’de cataag17 markörü p=0.05 önem düzeyinde ve lint indeksini olumsuz yönde etkilediği görülmektedir. Ayrıca BG13’de ctcaag3 (p=0.05) ve cgaaag8 (p=0.01), BG18’de ctetca7 markörlerinin olumlu ve önemli (p=0.01) bir ilişki gösterdiği belirlenmiştir.

Çizelge 4.17. Tek markör analizinde lint indeksi ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

BG	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1,n-2)	pr(F)
1	MEGHES31	0.033	0.003	4.985	4.998	0.027 *
2	cataag17	0.029	-0.003	4.690	4.698	0.031 *
13	cgaag8	0.029	0.003	7.886	7.968	0.005 **
13	ctcaag3	0.029	0.002	4.695	4.703	0.031 *
18	ctctca7	0.029	0.003	7.976	8.061	0.005 **

BG: Bağlantı grubu, “-2ln(L0/L1)”: Likelihood Test Oranları, b1 ve b0: regresyon katsayıları, *: p=0.05, **:p=0.01

4.5.1.2.3. Hav ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Gruplandırma HV’ye göre yapıldığında 3 farklı bağlantı grubunda (BG2, BG13, BG15) 4 farklı markör (cataag13, cattgt8, ctaact6 ve ctcaag12) ile önemli (p=0.05) bir ilişkinin olduğu, cataag13 ve ctcaag12 markörlerinin havsızlıkla, ctaact6 ve cattgt8 markörünün havlılıkla ilişkili olduğu görülmektedir (Çizelge 4.18).

Gruplandırma HV₁’e göre yapıldığında BG2, BG13 ve BG14 bağlantı gruplarında hav oluşumu ile önemli ilişki gösteren 5 adet QTL (cataag17, cattgt8, ctaact6, cgaaga2 ve ctctga6) belirlenmiştir. cataag17 QTL’i havsızlıkla ilişkili, diğer belirlenen QTL’lerin yüksek hav oranı ile ilişkili olduğu çizelge 4.18’de görülmektedir.

Gruplandırma HV₂’ye göre yapıldığında 2 farklı bağlantı grubunda (BG13 ve BG25) hav oluşumu ile önemli ilişki gösteren 5 adet QTL (cctaca1, cataag8, ctaact6, cgaag8 ve BNL3255) belirlenmiştir. Bu QTL’ler yüksek havlılık ile ilişkili bulunmuştur (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.18. Tek markör analizinde hav ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

İÖ	BG	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1,n-2)	pr(F)
HV	2	catata13	1.202	-0.096	4.828	4.839	0.029 *
HV	13	cattgt8	1.212	0.085	5.219	5.236	0.023 *
HV	13	ctaact6	1.194	0.101	6.431	6.472	0.012 *
HV	15	ctcaag12	1.292	-0.074	4.150	4.152	0.043 *
HV ₁	2	cataag17	1.628	-0.163	3.960	3.959	0.048 *
HV ₁	13	cattgt8	1.635	0.153	4.516	4.522	0.035 *
HV ₁	13	ctaact6	1.563	0.247	10.347	10.523	0.001 **
HV ₁	13	cgaaga2	1.664	0.139	4.523	4.529	0.035 *
HV ₁	14	ctctga6	1.611	0.174	5.318	5.336	0.022 *
HV ₂	13	cctaca1	4.002	0.280	4.498	4.504	0.035 *
HV ₂	13	catagt8	3.996	0.307	5.727	5.753	0.017 *
HV ₂	13	ctaact6	3.947	0.378	8.340	8.437	0.004 **
HV ₂	13	cgaaag8	4.021	0.290	5.538	5.561	0.019 *
HV ₂	25	BNL3255	4.165	0.384	5.830	5.858	0.016 *

İÖ: İncelenen özellik, BG: Bağlantı grubu, “-2ln(L0/L1)”: Likelihood Test Oranları, b1 ve b0: regrasyon katsayıları, *: p=0.05, **:p=0.01

4.5.1.2.4. Tohum ağırlığı ile ilişkili QTL’lerin tek markör analizi ile belirlenmesi

Tohum ağırlığı ile ilişkili toplam 26 adet QTL belirlenmiş olup, ctaata2 QTL’i p=0.001 önem düzeyinde ve yüksek tohum ağırlığı ile, cgtagt3 QTL’i p=0.01 önem düzeyinde düşük tohum ağırlığı ile ilişkili bulunurken, diğer belirlenen QTL’ler p=0.05 düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.19).

Çizelge 4.19. Tek markör analizinde tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren markörler ve test istatistikleri

BG	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1,n-2)	pr(F)
1	ctaata2	11.582	-0.515	12.096	12.360	0.001 ***
1	ctaata1	11.654	-0.334	4.332	4.336	0.039 *
1	cgtagt3	12.129	0.434	7.036	7.093	0.008 **
1	cgtact13	12.047	0.325	4.295	4.298	0.040 *
1	cctagt2	12.038	0.342	5.177	5.193	0.024 *
2	catata14	12.008	0.335	4.386	4.390	0.037 *
2	cataat10	12.007	0.368	5.646	5.671	0.018 *
2	catata13	12.071	0.407	5.687	5.713	0.018 *
2	catata16	12.012	0.328	4.065	4.066	0.045 *
2	cataac13	12.078	0.412	5.688	5.713	0.018 *
3	ctcaga13	11.747	-0.303	5.027	5.041	0.026 *
3	ctcagt10	11.733	-0.342	6.402	6.443	0.012 *
3	ctcagt9	11.723	-0.306	4.732	4.741	0.031 *
3	ctcagt5	11.700	-0.302	4.083	4.084	0.045 *
4	cgtaat7	11.979	0.341	6.417	6.459	0.012 *
4	cctaata7	12.016	0.359	6.418	6.459	0.012 *
4	ctaaga9	12.078	0.367	5.137	5.153	0.024 *
4	ctaaga6	11.999	0.306	4.543	4.549	0.034 *
7	cgaaat4	11.648	-0.346	4.545	4.551	0.034 *
13	cctaca1	12.047	-0.326	4.318	4.321	0.039 *
13	cattgt8	12.014	-0.325	4.952	4.964	0.027 *
13	ctaact6	12.048	-0.335	4.594	4.601	0.033 *
13	cgaaga2	11.968	-0.339	6.536	6.580	0.011 *
14	cataag15	12.120	-0.408	5.599	5.623	0.019 *
18	ctctca7	11.746	0.278	4.075	4.075	0.045 *
25	BNL3255	11.866	-0.461	5.799	5.827	0.017 *

BG: Bağlantı grubu, “-2ln(L0/L1)”: Likelihood Test Oranları, b1 ve b0: regresyon katsayıları *: p=0.05, **:p=0.01, ***:p=0.001

Her iki analiz programı ile yapılan tek markör analizlerinde, incelenen özelliklerle ilişkili hem her iki programda da ortak belirlenen veya sadece bir programda önemli bulunan QTL’ler belirlenmiştir.

Çırcır randımanı ile ilişkili 4 adet (cataag17, ctaact6, cgaaag8 ve BNL3255) QTL her iki programda da önemli bulunurken, bunlara ilaveten Qgene programı 1 (BNL3031), WinQTLCart Programı 4 (cataat7, cataac13, ctgact10 ve cattat14) adet farklı QTL belirlemişlerdir. Her iki programda da belirlenen bu QTL’lerden 1 (cataag17) tanesinin düşük çırcır randımanı ile 3 (ctaact6, cgaaag8, BNL3255) tanesinde yüksek çırcır randımanı ile ilişkili olduğu görülmektedir.

Lint indeksi ile ilişkili 3 (cataag17, cgaaag18 ve ctctca7) adet QTL her iki analiz programındada önemli bulunmuş, bu ortak belirlenen QTL'lere ilaveten Qgene programı 6 (BNL3031, ctaact6, ctctat18, ctctat17, ctctat16 ve ctctat4) farklı, WinQTLCart Programı 2 (MEGHS31 ve ctcaag3) farklı QTL belirlemişlerdir. Her iki programda da belirlenen bu QTL'ler aynı zamandada çırçır randımanı ile de ilişkili olduğu belirlenmiştir. Belirlenen bu QTL'lerden 1 (cataag17) tanesinin düşük lint indeksi ile 2 (ctaact6, cgaaag8) tanesinin yüksek lint indeksi ile ilişkili olduğu görülmüştür.

Hav oluşumu ile ilişkili olarak, fenotipleme HV'ye göre yapıldığında 2 (catata13, ctaact6), HV₁'e göre yapıldığında 1 (ctaact6), HV₂'ye göre yapıldığında 4 (catagt8, ctaact6, cgaaag8 ve BNL3255) adet QTL her iki programda da belirlenmiştir. Her üç yöneme göre 1 (ctaact6) QTL'in önemli olduğu ve yüksek hav oranı ile ilişkili olduğu görülmektedir. Ayrıca aynı QTL'in çırçır randımanının yüksek olmasıyla da ilişkili olduğu saptanmıştır. HV'ye göre belirlenen catata13 QTL'i havsızlık ile ilişkili olduğu saptanmıştır. Öte yandan her bir programda ayrı ayrı belirlenen QTL'lerde mevcuttur. Qgene programında HV'ye göre 1 (NAU2251), HV₁'e göre 1 (MEGHS31) QTL belirlenmiştir. , WinQTLCart Programında HV'ye göre 2 (cattgt8 ve ctcaag12), HV₁'e göre 4 (cataag17, cattgt8, cgaaga2 ve ctctga6) ve HV₂'ye göre 1 (cctaca1) QTL belirlenmiştir.

Tohum ağırlığı ile ilişkili olarak her iki programda ortak olarak 13 QTL belirlenmiştir. Belirlenen bu QTL'lerden 5 (ctaata2, ctcaag13, ctcaag10, cgaaga2 ve BNL3255) tanesinin yüksek tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu, 8 (catata14, cataat10, catata13, catata16, cataac13, cgtaat7, cctaag7, ctaaga9) tanesinin ise düşük tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu saptanmıştır. Qgene programında ilaveten 6 (catata10, cataat14, catata18, ctctct3, cataag19, catata9), WinQTLCart programında 13 (ctaata1, cgtagt3, cgtact13, cctagt2, ctcaag9, ctcaag5, ctaaga6, cgaaat4, cctaca1, cattgt8, ctaact6, cataag15 ve ctctca7) QTL belirlenmiştir.

4.5.2. Composit interval haritalama (CIM) (WinQTLCart Programı)

İncelenen özelliklerle ilişkili belirlenen QTL'ler ve istatistiki analizleri çizelge 4.20'de verilmiştir. Yazılması kolay olması için QTL'ler çırçır randımanı için *qtcr*, Lint indeksi için *qtli*, Hav oluşumu için *qthv*, tohum ağırlığı için *qtta* olarak sembolize edilmiştir.

Çırçır randımanı ile ilişkili 3 bağlantı grubunda 3 adet QTL (*qter₁*, *qter₂*, *qter₃*) belirlenmiş olup, belirlenen bu QTL'lerin yüksek çırçır randımanı ile ilişkili olduğu, fenotipik varyanslarının sırasıyla 0.12, 0.15, ve 0.39, maksimum LOD değerleri ise sırasıyla 2.43, 4.97 ve 2.68 olduğu çizelge 4.21'de ve şekil 4.45-4.47'de görülmektedir.

Lint indeksi 3 QTL (*qtli₁*, *qtli₂*, *qtli₃*) ile ilişkili bulunmuş, belirlenen bu QTL'lerin yüksek lint indeksi ile ilişkili olduğu ve fenotipik varyanslarının 0.13, 0.15 ve 0.23 olarak, maksimum LOD değerlerinin ise 3.06, 2.94 ve 2.74 olduğu görülmektedir (Çizelge 4.20'de ve Şekil 4.48-4.50).

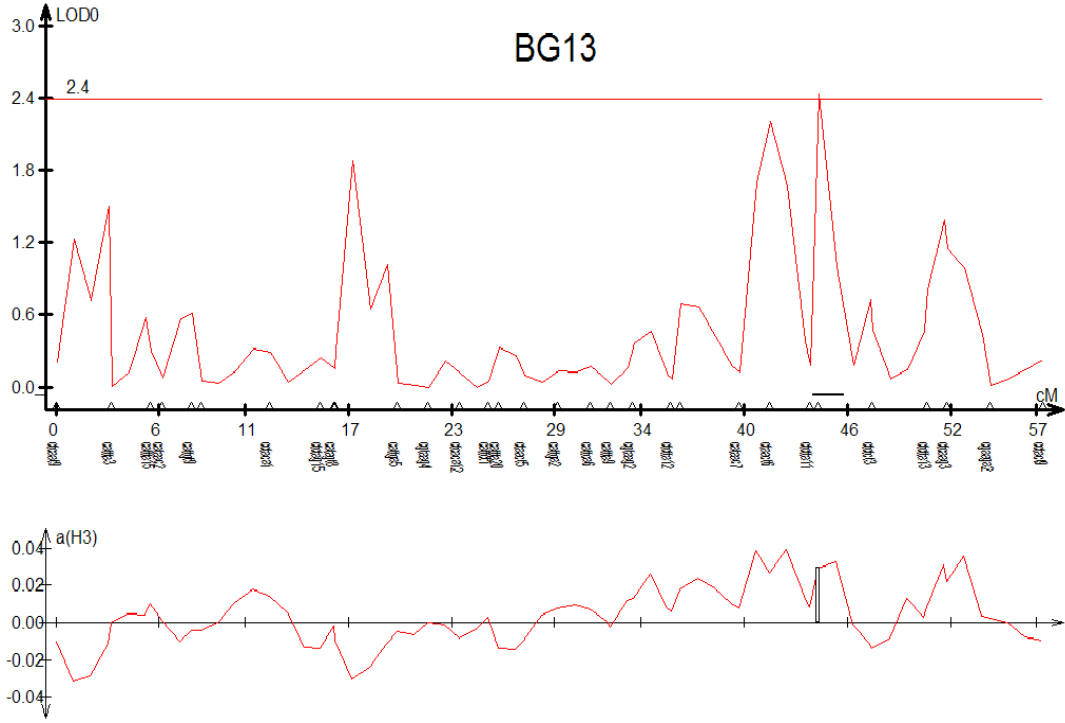
Hav oluşumu ile ilişkili olarak fenotipleme HV'ye göre yapıldığında herhangi bir QTL belirlenememiş olup, HV₁ ve HV₂'ye göre yapıldığında 1'er QTL belirlenmiştir. Bu belirlenen *qthv₁* ve *qthv₂* QTL'lerinin yüksek hav ile ilişkili olduğu görülmektedir (Çizelge 4.20 ve Şekil 4.51-4.52).

Tohum ağırlığı ile ilişkili 9 adet QTL (*qtta₁*, *qtta₂*, *qtta₃*, *qtta₄*, *qtta₅*, *qtta₆*, *qtta₇*, *qtta₈*, *qtta₉*) belirlenmiş, *qtta₁*, *qtta₈*, *qtta₉* QTL'leri yüksek tohum ağırlığı ile, belirlenen diğer QTL'ler ise düşük tohum ağırlığı ile ilişkili bulunmuştur (Çizelge 4.20 ve Şekil 4.53-4.57).

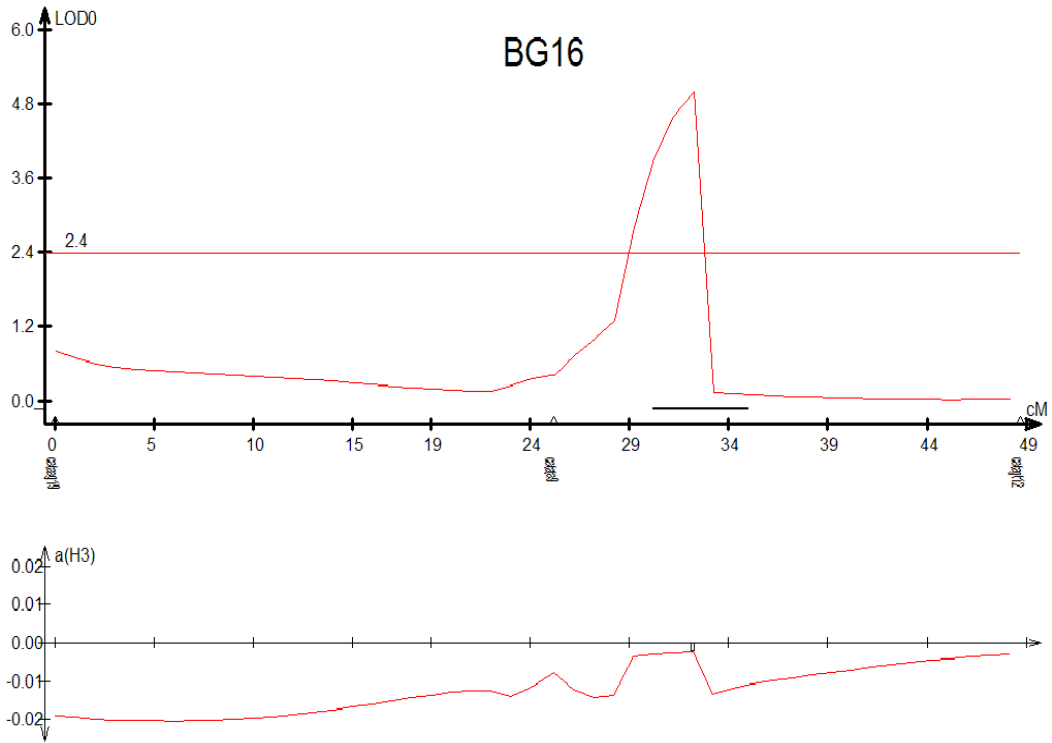
Çizelge 4.20. CIM metoduna göre incelenen özelliklerle ilişkili QTL'ler

BG	M	QS	BP (cM)	mLOD	AE	DE	R ²
13	cgaaag8	<i>qter₁</i>	44.33	2.43	0.03	-0.21	0.12
16	catata9-catagt12	<i>qter₂</i>	29-34	4.97	0.01	-0.21	0.15
18	ctctca7-cattat14	<i>qter₃</i>	21.56-33.56	2.68	0.01	-0.19	0.39
13	cgaaag8	<i>qtli₁</i>	0.44	3.06	0.01	-0.03	0.13
15	ctcaag12-ctcaac7	<i>qtli₂</i>	2.01-5.01	2.94	0.01	-0.02	0.15
18	ctctca7-cattat14	<i>qtli₃</i>	20.56-33.56	2.74	0.01	-0.02	0.23
1	ctcagt7-NAU2251	<i>qthv₁</i>	34.68	2.86	0.38	1.34	0.14
13	cataac7-cgaaag8	<i>qthv₂</i>	40.71-45.33	3.18	0.45	-1.52	0.11
1	ctaata2	<i>qtta₁</i>	0.6	5.41	-0.38	-6.33	0.19
1	ctaata2-cctaca4	<i>qtta₂</i>	2.60	4.56	0.07	-3.11	0.13
1	cctaca4-ctaata3	<i>qtta₃</i>	6.00	2.65	0.01	-6.32	0.13
1	ctaata1-cctaag1	<i>qtta₄</i>	12.44	2.91	0.07	-6.01	0.19
4	cgtaca7-cattag7	<i>qtta₅</i>	1.01-3.01	2.83	0.11	-3.85	0.19
4	cattag7-cgtaat7	<i>qtta₆</i>	16.09	3.09	0.27	-5.02	0.21
13	cgaaag8-ctctct3	<i>qtta₇</i>	47	3.64	0.05	-5.91	0.19
16	catata9-catagt12	<i>qtta₈</i>	46	2.58	-0.20	-4.12	0.20
24	cctaca5	<i>qtta₉</i>	1.01-3.01	2.78	-0.08	-4.18	0.19

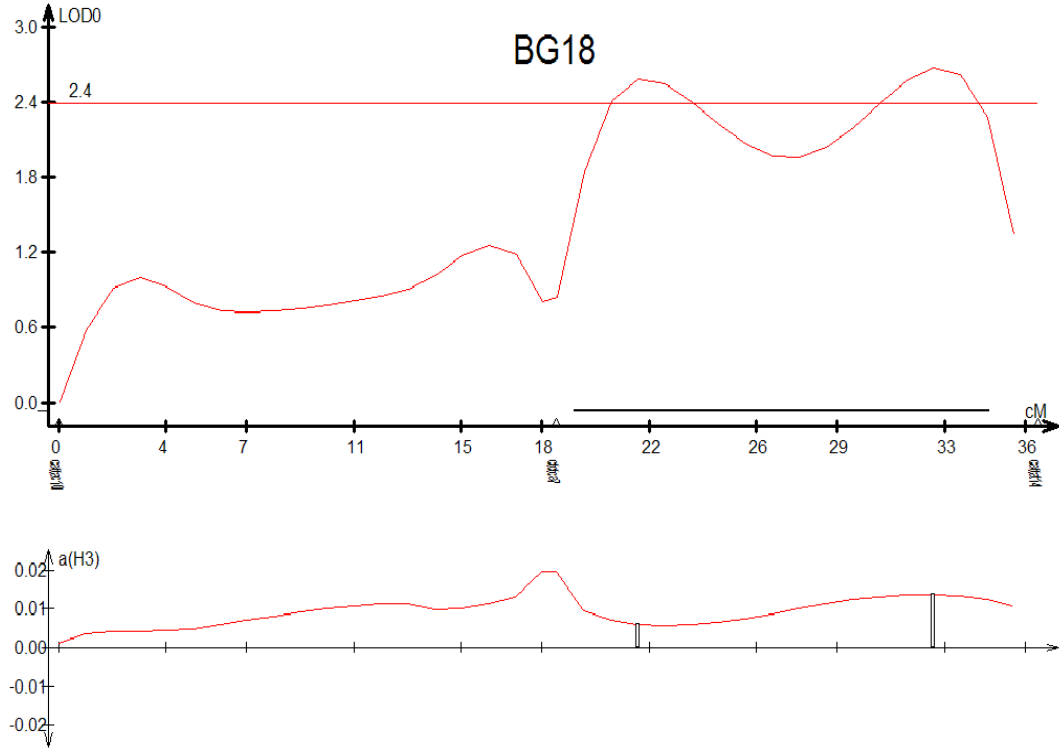
BG: Bağlantı grubu, M: Markör, QS: QTL simgesi, BP: Bağlantı pozisyonu (cM), mLOD: Maksimum LOD skoru, AE: Aditif etki, DE: Dominant etki, R²: Fenotipik varyans, +: pozitif aditif etki Stn 453 genotipinden gelmektedir



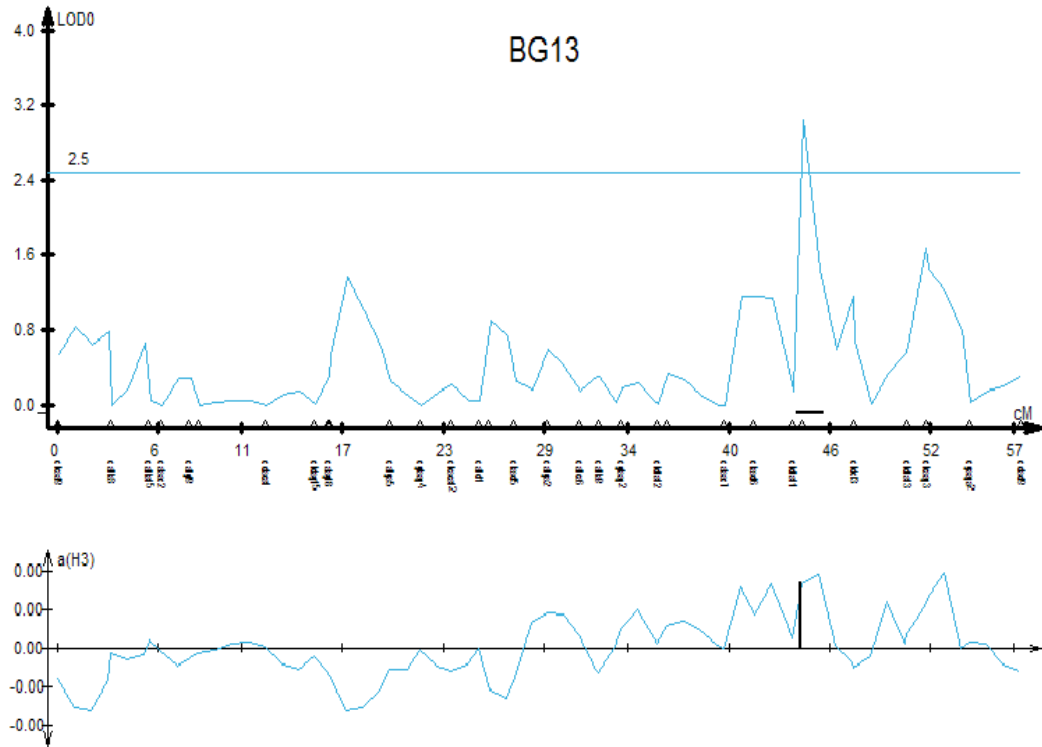
Şekil 4.45. CIM metoduna göre çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



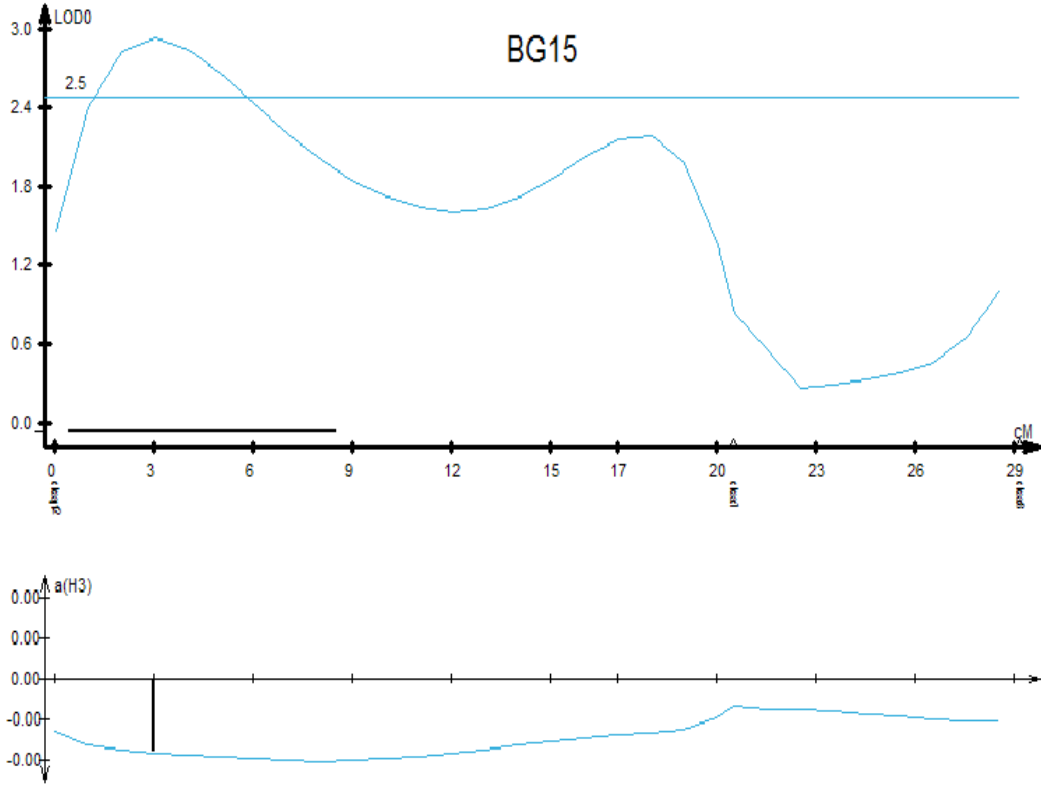
Şekil 4.46. CIM metoduna göre çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması



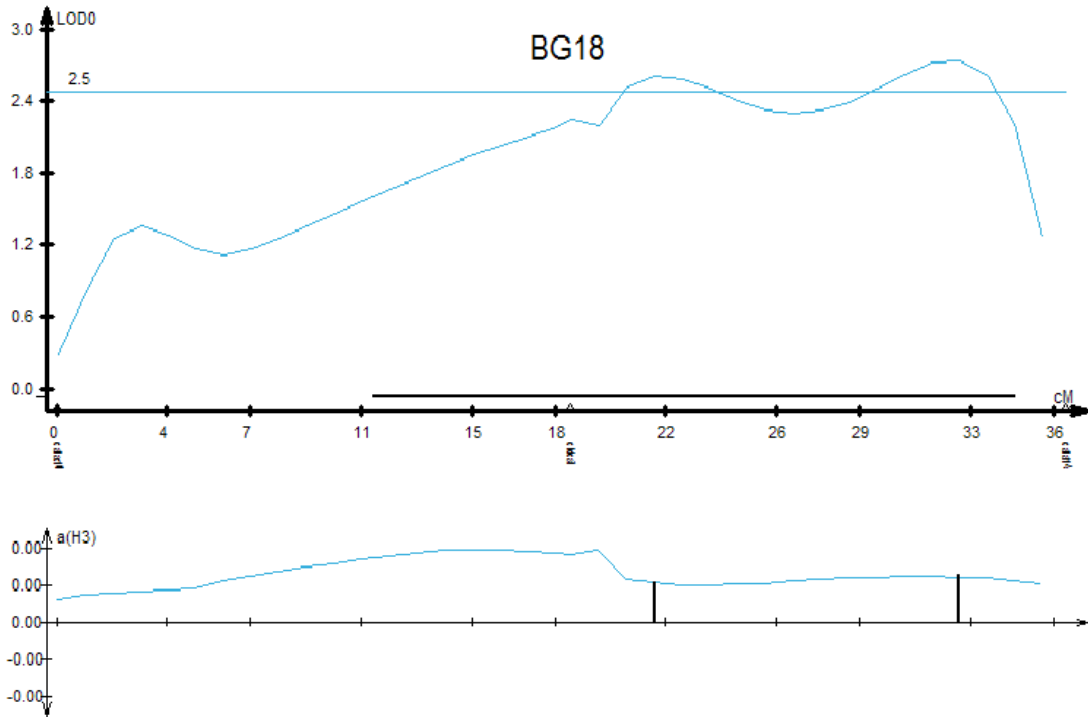
Şekil 4.47. CIM metoduna göre çırcır randımanı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması



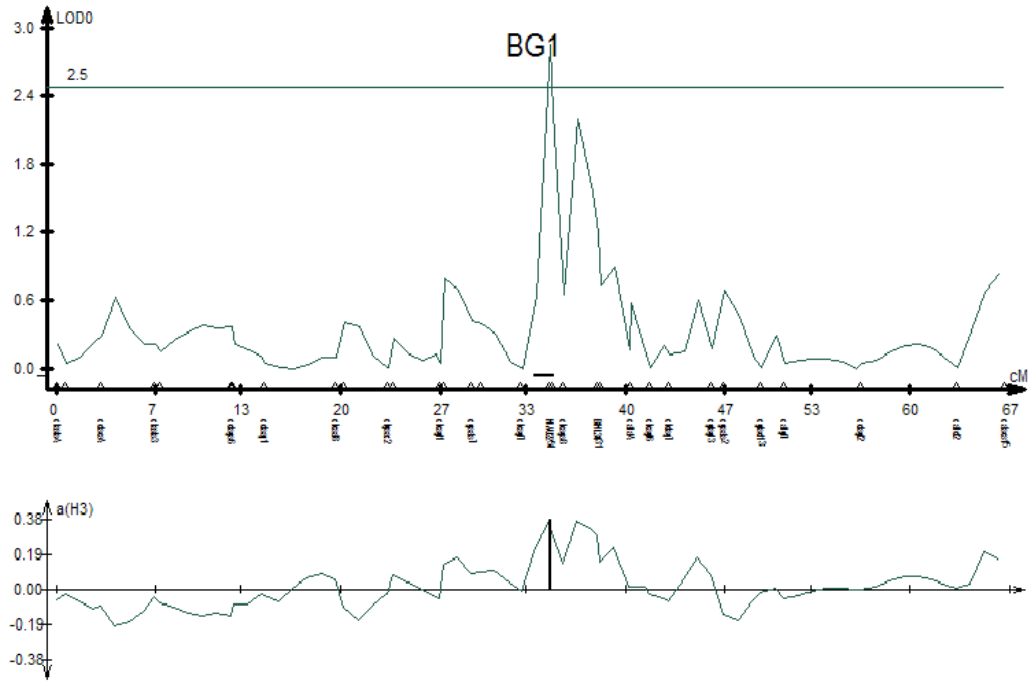
Şekil 4.48. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



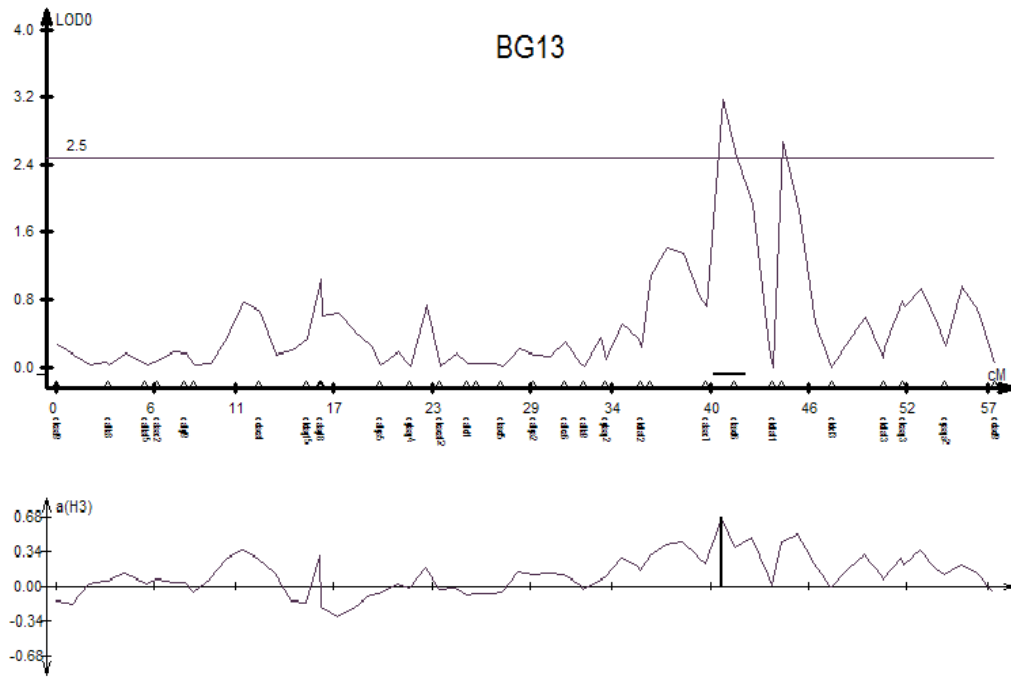
Şekil 4.49. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması



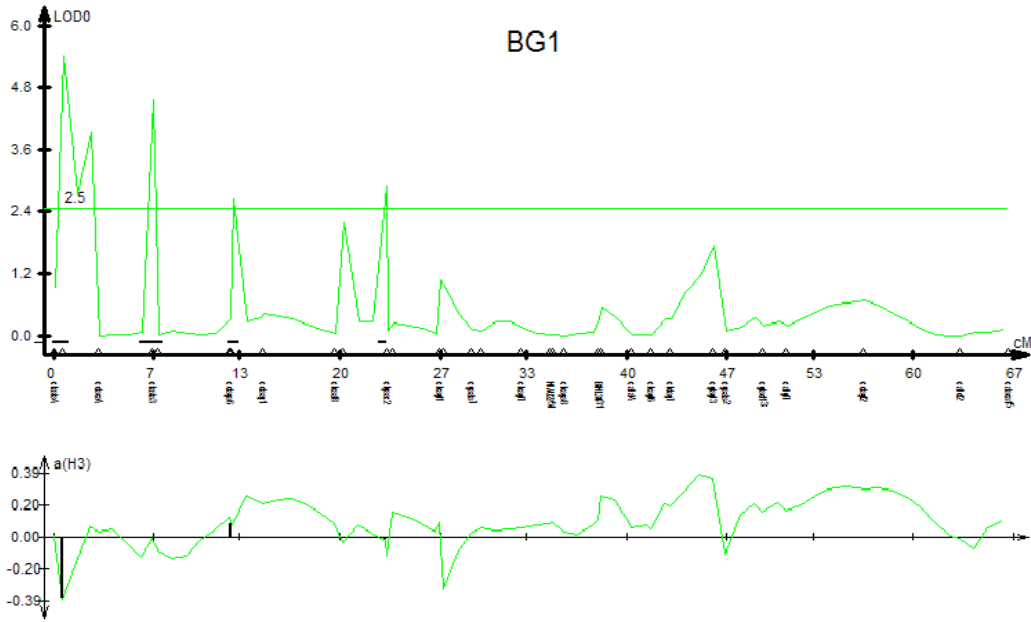
Şekil 4.50. CIM metoduna göre lint indeksi ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG18 bağlantı grubunda haritalanması



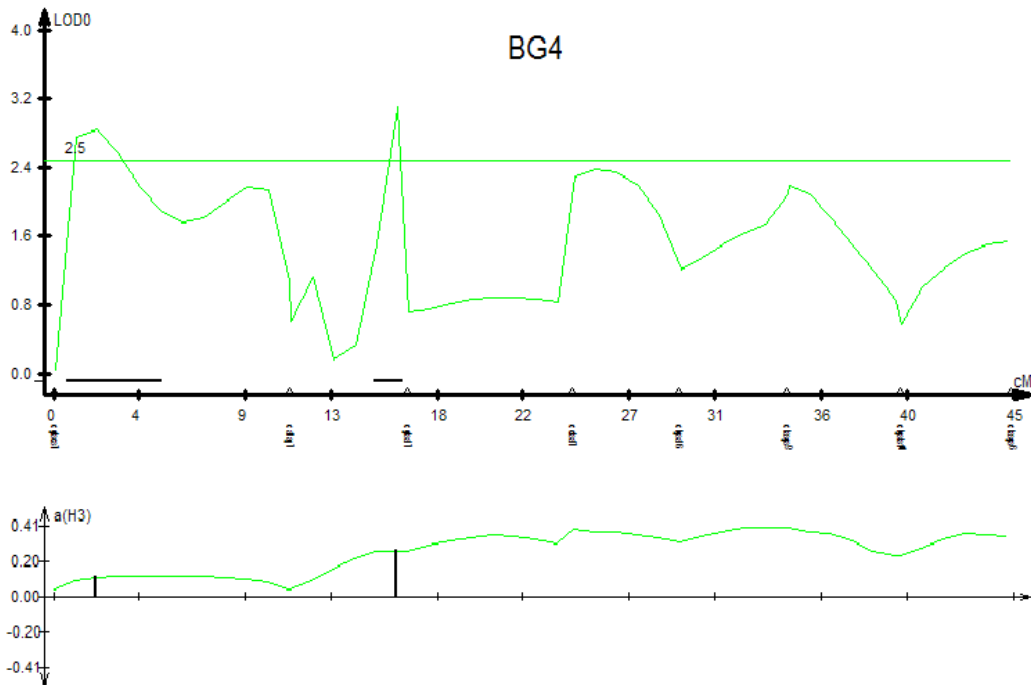
Şekil 4.51. CIM metoduna göre $qthv_1$ QTL'nin BG1 bağlantı grubunda haritalanması



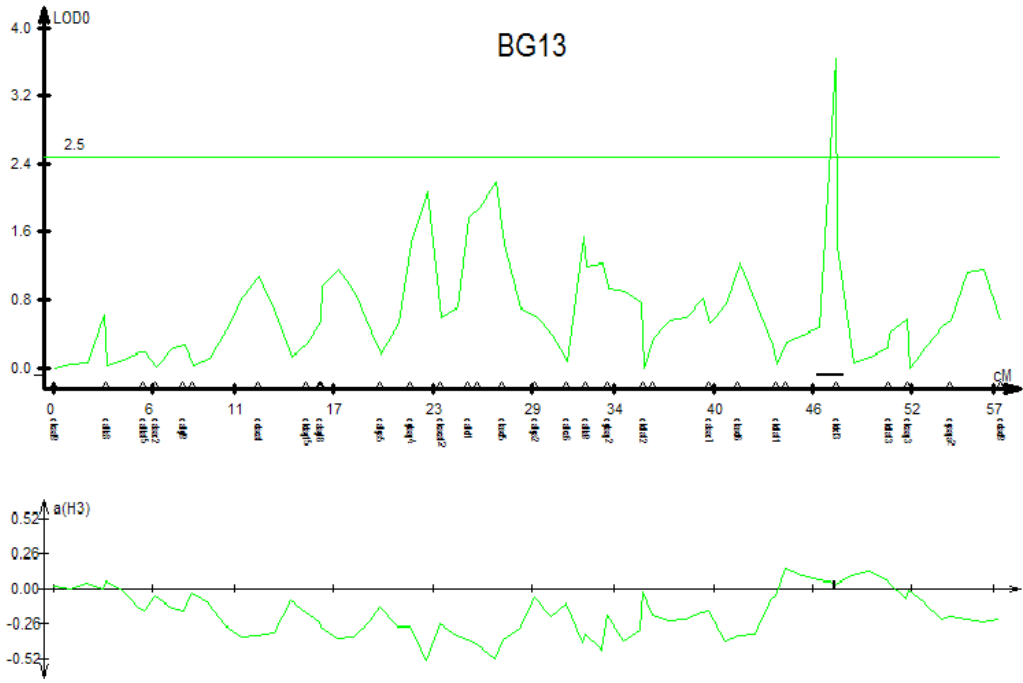
Şekil 4.52. CIM metoduna göre $qthv_2$ QTL'nin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



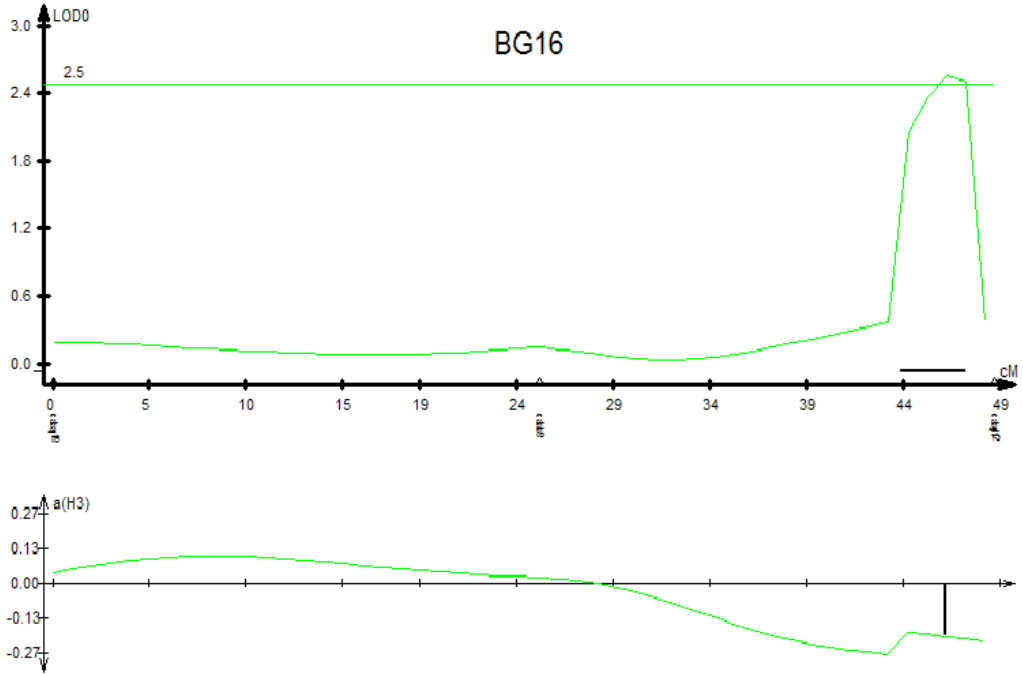
Şekil 4.53. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG1 bağlantı grubunda haritalanması



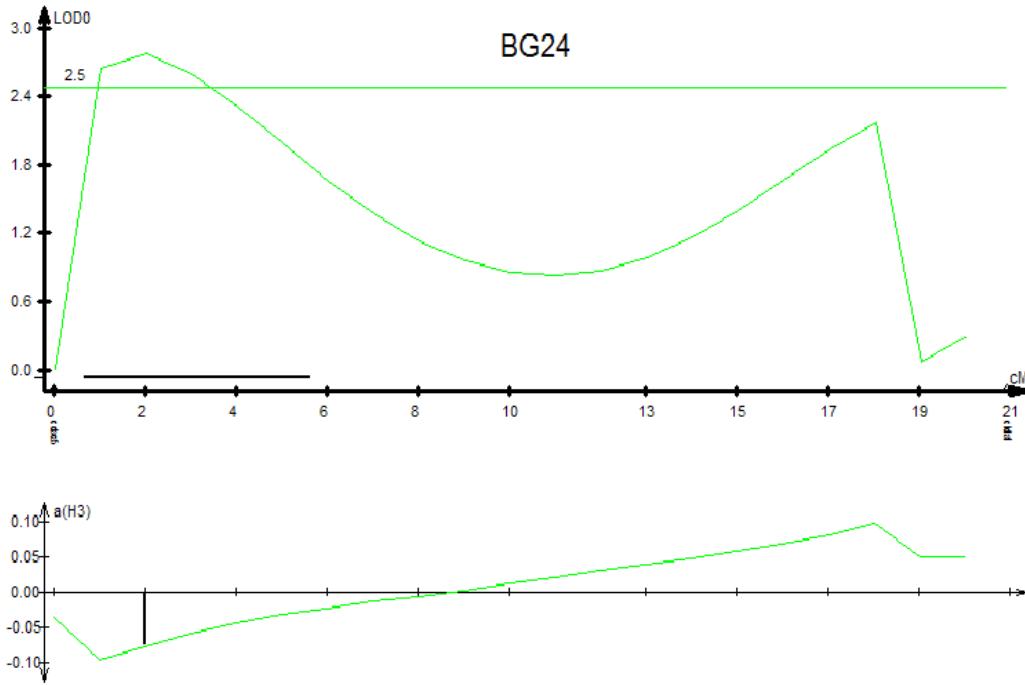
Şekil 4.54. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG4 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.55. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG13 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.56. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG16 bağlantı grubunda haritalanması



Şekil 4.57. CIM metoduna göre tohum ağırlığı ile önemli ilişki gösteren QTL'lerin BG24 bağlantı grubunda haritalanması

Composit interval haritalama sonucunda çırçır randımanı ile önemli ilişki gösteren 3 (BG13, BG16 ve BG18) farklı bağlantı grubunda 3 ($qter_1$, $qter_2$, $qter_3$) farklı QTL saptanmış, saptanan bu QTL'lerin yüksek çırçır randımanı ile ilişkili olduğu görülmüştür. Saha ve ark., (2006), pamukta çırçır randımanı üzerine etkili 12, 18, 23 ve 26. kromozomlarda pozitif ve negatif etki gösteren QTL'ler belirlemişlerdir. Ayrıca, Abdurakhmonov ve ark. (2007)'de çırçır randımanı üzerine etkili 12, 18 ve 26. kromozomlarda çırçır randımanı üzerine etkili QTL belirlediklerini bildirmektedirler. An ve ark., (2010)'da 10, 11, 12 ve 26. kromozomlarda 6 adet QTL belirlemiştir. Dolayısıyla bizim belirlemiş olduğumuz QTL'ler araştırmacıların işaret ettiği kromozomlar üzerinde olabilir. Bu yüzden yapılan çalışmalarla örtüşmektedir. Ayrıca yapılan tek markör analizi sonucunda BNL3031 markörü ile çırçır randımanı arasında bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Dolayısıyla bu markör BG1 üzerinde haritalanmış ve diğer SSR markörlerinden bu bağlantı grubunun 26. kromozom olduğu yargısına varmamıza sebep olmuştur. Bu bağlantı grubunda belirlemiş olduğumuz QTL bahsedilen araştırmacıları destekler niteliktedir.

CIM analiz yöntemine göre 3 bağlantı grubunda 3 farklı QTL belirlenmiş olup belirlenen bu QTL'lerin yüksek lif indeksi ile ilişkili olduğu saptanmıştır. An ve ark.,

(2010)'da lint indeksiyle ilişkili fenotipik varyasyonu 0.306 ila 0.063 arasında değişen 10, 11, 12 ve 26. kromozomlarda bulunan QTL'ler belirlemişlerdir. Bizim yapmış olduğumuz çalışmada belirlenen QTL'lerin fenotipik varyasyonlarının 0.13-0.23 arasında değiştiği gözlenmiş ve bu araştırıcının yaptığı çalışma ile bir örtüşmenin olduğu düşünülebilir. Öte yandan tek markör analizine göre Qgene ve WinQTLCart Programları 1'er adet QTL'i 26. kromozom üzerinde belirlemişlerlerdir. Bu yönüylede araştırıcının yaptığı çalışma ile örtüşmektedir.

Turley ve Kloht (2002)'ye göre hav oluşumu üzerine en az 5 kromozomun (12, 17, 18, 20 ve 26. kromozomlar) etkili olabileceğini, bu kromozomların ayrıca yapılan diğer çalışmalarda dominant N_1 ve resesif n_2 geninin 26 ve 12. kromozomlarda bulunduğu bildirilmektedir (Endrizzi ve Ramsay., 1980; Rong ve ark. 2005). WinQTLCart Programları kullanılarak yapılan tek markör analizi sonucunda havla ilişkili 26. kromozom (BG1) üzerinde 2 adet ve CIM yöntemine göre yapılan analizde 1 adet QTL saptanmıştır. Bu durum yapmış olduğumuz çalışmanın doğruluğunu destekler niteliktedir.

Tohum ağırlığı ile ilgili 2, 3, 9, 10, 12 ve 16 kromozomlarda QTL'ler saptandığı bildirilmektedir (An ve ark., 2010). Araştırmacı tohum ağırlı yönünden 6 farklı kromozom bildirmiş olup bizim yapmış olduğumuz çalışmada da 5 farklı kromozomun tohum ağırlığı üzerine etkili olabileceği görülmüştür. Dolayısıyla bu yönüyle bu yönüyle araştırıcının çalışması ile bir örtüşme olduğunu söyleyebiliriz. Bildirilen bu kromozomlardan farklı olarak bizim çalışmamızda 26. (BG1) kromozomda önemli QTL'ler saptanmıştır. Bu sonuç araştırıcının sonuçlarından farklıdır.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Hav ve lif oluşumu ile ilgili olarak üç farklı F_2 popülasyonunda yapılan çalışmada; hav oluşumu yönünden 1:3 mendel kalıtımı gösterdiği (Stn 453 ile PI melezlerinde), lif oluşumu yönünden 15:1 genetik açılım (Lifsiz x Stn 453) gösterdiği saptanmıştır. Buradan kullandığımız popülasyonlarda hav oluşumunda tek bir gen yönünden farklılık içerdiği, lif oluşumu yönünden iki genin etkili olduğu ve hav oluşumunda görev alan genlerle bir epistatik etkinin söz konusu olduğu yargısına varılmıştır.

Çırçır randımanı Stn 453 x PI popülasyonunda % 2-40 aralığında ortalama %26 olarak saptanmıştır. PI x Stn 453 popülasyonunda % 2 ile % 36 arasında değişmiş ve ortalama % 20 olarak bulunmuştur. Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda ise % 0 ile %42 arasında ve ortalama % 33 olarak belirlenmiştir. Hav yönünden her bir popülasyonda iki farklı hav durumu yönünden gruplandırma yapılmış ve daha sonraki çalışmalara bu şekilde devam edilmiştir.

Tohum ağırlığı PI x Stn 453 (11.71 g) ve Stn 453 x PI (11.9 g) popülasyonlarında birbirine yakın olduğu, Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda (9.59 g) ise diğer popülasyonlara göre düşük olduğu belirlenmiştir. PI x Stn 453 popülasyonunda minimum 9.45 g, maksimum 15.42 g olarak, Stn 453 x PI popülasyonunda sırasıyla 5.5 g ve 15.9 g olarak, Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda ise 5.56 g ile 12.98 g arasında bulunmuştur.

Ortalama lint indeks değerleri, PI x Stn 453 popülasyonunda % 2.6 (0-4.6), Stn 453 x PI popülasyonunda % 3 (0-4.7) ve Lifsiz x Stn 453 popülasyonunda % 3.1 (0-4.5) olarak saptanmıştır.

PI x Stn 453 F_2 popülasyonunda çırçır randımanı ile lint indeksi arasında olumlu ve önemli ($r=0.8297^{**}$), çırçır randımanı ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.7372^{**}$) bir ilişkinin olduğu saptanmıştır. Yine lint indeksi ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.6884^{**}$), lint indeksi ile tohum ağırlığı arasında olumlu ve önemli ($r=0.4612^{**}$) bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Stn 453 x PI F_2 popülasyonunda çırçır randımanı ile lint indeksi arasında olumlu ve önemli ($r=0.7649^{**}$), çırçır randımanı ile tohum ağırlığı arasında olumsuz ve önemli ($r=-0.4004^{**}$), çırçır randımanı ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.8177^{**}$) bir ilişkinin, lint indeksi ile hav arasında olumlu ve önemli ($r=0.6646^{**}$), tohum ağırlığı ile hav arasında olumsuz ve önemli ($r=-0.2755^{**}$) bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Lifsiz x Stn 453 F_2 popülasyonunda çırçır randımanı ile lint indeksi ($r=0.6711^{**}$) ve hav (0.5833**), lint indeksi ile tohum ağırlığı (0.4578**) ve hav

(0.476**) arasında önemli ve olumlu bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir. Buradan lif ve hav oluşumunun birlikte hareket ettiği sonucuna varılmıştır.

Bu çalışmada 307 adet SSR markörü ve 73 adet AFLP markör kombinasyonu kullanılmış ve 188 genotip (ebeveynler ve F₂ popülasyonu) kullanılarak yapılan çalışmada 17 SSR ve 394 adet AFLP markörü genetik haritalamada kullanılmıştır. Toplam 149 adet (5 SSR ve 144 AFLP) markör 27 adet bağlantı grubuna haritalanmış olup, markörler arası mesafe ortalama 21.72 cM olarak belirlenmiştir.

Yapılan tek markör analizi sonucunda çırçır randımanı ile ilişkili ($p=0.05$) 4 adet markör, kullanılan her iki QTL programında da belirlenmiştir. Bunlara ilaveten WinQTLCart Programı farklı 5 ve Qgene programı 1 olmak üzere 6 adet QTL belirlenmiştir. Lint indeksi ile ilişkili her iki QTL programında da $p=0.05$ düzeyinde 1 adet, $p=0.001$ düzeyinde 2 adet QTL belirlenmiş olup bunlara ilaveten WinQTLCart Program 2 ve Qgene programında da 6 adet farklı QTL belirlenmiştir. Bu markörlerden 2 tanesinin aynı zamanda çırçır randımanı ile de ilişkili olduğu görülmüştür. cgaaag8 markörünün yüksek lif oranı ve lint indeksi üzerine, cataag17 markörünün ise düşük lif oranı ve lint indeksi üzerine etkili olduğu belirlenmiştir.

Hav oluşumunda fenotipleme HV₁'ye göre yapıldığında $p=0.05$ düzeyinde her iki analiz programında da 2 adet QTL belirlenmiştir. Belirlenen bu QTL'lere ilavet Qgene programında 1 adet ve WinQTLCart programında 2 adet farklı QTL belirlenmiştir. Fenotipleme HV₁'e göre her iki programda ortak olarak 1 adet QTL belirlenirken, ilaveten Qgene programı 1, WinQTLCart programında 4 adet QTL belirlenmiştir. Fenotipleme HV₂'ye göre yapıldığında her iki programda da 4 adet QTL belirlenmiştir. İlaveten WinQTLCart programında 1 adet QTL belirlenmiştir. ctaact6 QTL'i her üç fenotipleme yönteminde de belirlenmiş olup, yüksek hav oranı ile ilişkili bulunmuştur. Havsızlıkla ilişkili olarak 4 (NAU2252, catata13, cataag17 ve ctcaag12) QTL $p=0.05$ düzeyinde önemli bulunmuştur. cataag17 markörü aynı zamanda düşük çırçır randımanı ile de ilişkili bulunmuştur. Dolayısıyla bu QTL'in hem lif oluşumunu hemde hav oluşumunu engellediği söylenebilir.

Tohum ağırlığı ile ilişkili olarak yapılan tek markör analiz sonuçlarına göre WinQTLCart programında 26, Qgene programında 19 adet QTL belirlenmiş ve bu QTL'lerin 13 tanesi her iki programda da ortak olarak belirlenmiştir. Her iki programda da

belirlenen QTL'lerden 5 tanesinin yüksek tohum ağırlığı, 8 tanesinin ise düşük tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu saptanmıştır.

CIM yöntemine göre yapılan analizde çırçır randımanı ile ilişkili 3 (*qter₁*, *qter₂*, *qter₃*) adet QTL belirlenmiş olup, bu QTL'lerin yüksek çırçır randımanı ile ilişkili olduğu, fenotipte görülme sıklıklarının sırasıyla 0.12, 0.15 ve 0.39 olduğu bulunmuştur. Lint indeksiyle ilişkili olarak 3 farklı bağlantı grubunda 3 farklı QTL belirlenmiş olup, belirlenen bu QTL'in ikisinin (*qtli₁*, *qtli₃*) , çırçır randımanında belirlenen 2 (*qter₁*, *qter₃*) QTL ile aynı olduğu görülmüştür. Bu iki QTL'in hem yüksek çırçır randımanı hemde yüksek tohum ağırlığı ile ilişkili olması, verim yönünden yapılacak seleksiyonda kullanılabilmesine olanak sağlayabilir. Özellikle belirlenen QTL'lerden bir (*qtli₃*= *qter₃*) tanesinin fenotipik oranının yüksek (0.23-0.39) olmasından dolayı bu QTL'in kullanılabilirliğini artırmaktadır.

Hav oluşumu ile ilişkili olarak fenotiplemede kullanılan üç farklı yöntemden ikisinde (HV₁ ve HV₂) birer adet QTL belirlenmiş olup yüksek hav oranı ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Burada belirlenen QTL'lerden bir (*qthv₂*) tanesi hem çırçır randımanı (*qter₁*) hemde lint indeksi (*qtli₁*) belirlenen QTL'lerle aynı bölgede olduğu saptanmıştır. Dolayısıyla bu QTL'in yüksek hav, lif ve lint indeksi ile ilişkili olduğu belirlenmiştir.

Tohum ağırlığı yönünden 9 adet QTL belirlenmiş, belirlenen bu QTL'lerden 3 tanesinin yüksek tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu diğerlerinin ise düşük tohum ağırlığı ile ilişkili olduğu görülmüştür. Tohum ağırlığı ile ilişkili olarak belirlenen *qta₇* QTL'inin diğer özelliklerde belirlenen *qter₁*, *qtli₁* ve *qthv₂* QTL'leri ile aynı bölgede olduğu belirlenmiştir. Bu QTL yüksek çırçır randımanı, lint indeksi, hav oluşumu ve düşük tohum ağırlığı amaçlarla yapılan bir seleksiyonda kullanılabilir.

Sonuç olarak düşük hav oranını ve yüksek çırçır randımanını aynı anda kontrol eden QTL belirlenememiştir. Pamukta tür içi melezleme ile oluşturulan popülasyonlarda markörlerin polimorfizmi düşük kalabilmektedir. Polimorfizmin düşük kalmasından dolayı haritalama çalışmalarında istenilen yoğunlukta genetik harita oluşturulamayabilir. Bu durumda farklı markör sistemlerinin devreye sokulması gerekmektedir. Öte yandan markör sisteminin seçimi ve bu markörlerin çoğalttığı bölgeler önem arz etmektedir. SSR markörlerinde beklenen polimorfizm oranının düşük olması, çeşitlerin aynı tür içinden seçilmesinden kaynaklanmaktadır. Bununla birlikte, seçilen AFLP markörleri birbirine yakın bölgelerden dizayn edildiği için birkaç kromozom üzerinde yoğunlaşmıştır. Bundan

sonraki alıřmalarda, AFLP markrlerinin farklı lokasyonlardan belirlenmesi diğerk baėlantı gruplarının da markrlerle daha fazla sayıda iřaretlenmesini saėlayacaktır.

Bu alıřma ile ıřlahıların zerinde durduėu hav oluřumu, lif oluřumu, lint indeksi ve tohum aėırlıėı gibi nemli zelliklerin F₂ ıřlah hattında segregasyonlarını, bu zelliklerin birbirleri ile olan iliřkilerini ortaya koyarak, bu zelliklerle iliřkili olabilecek QTL'ler belirlenmiřtir. Bunlara ilaveten burada kullanmıř olduėumuz poplasyona farklı markr sistemleri ilave edilerek 26 haploid kromozomun yksek znrlkte haritalanması gerektiėi dřnlmektedir.

KAYNAKLAR

- Abdurakhmonov IY, Buriev ZT, Saha S, Pepper AE, Musaev JA, Almatov A, Shermatov SE, Kushanov FN, Mavlonov GT, Reddy UK, Yu JZ, Jenkins JN, Kohel RJ, Abdukarimov A. 2007. Microsatellite Markers Associated with Lint Percentage Trait in Cotton, *Gossypium hirsutum*. *Euphytica*, 156(1-2): 141-156.
- Akçar, H., 1986. Çukurova Koşullarında, İki Pamuk Çeşidinde (*Gossypium* sp.) Farklı Ekim Şekillerinin Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi Üzerine Bir Araştırma. (Yüksek Lisans Tezi, Basılmamış). Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- Altaf-Khan, M., Samina N. Q., Saha S., Johnie N., Jenkins, C. L., Brabaker, O., Reddy U. K., 2006: Usefulness of SSR Derived from Tetraploid *Gossypium* spp. for Analyses of Diploid *Gossypium* spp. *Journal of Crop Improvement*, 16:1-2, 1-20.
- An, C., Jenkins, J. N., Wu, J., Guo, Y., McCarty, J. C., 2010. Use of Fiber and Fuzz Mutants to Detect QTL for Yield Components, Seed, and Fiber Traits of Upland Cotton. *Euphytica*, 172:21-34.
- Anonim, 2009. <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>.
- Anonim, 2010a. <http://www.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul>
- Anonim, 2010b. Kahramanmaraş Meteoroloji İl Müdürlüğü Gözlem Kayıtları.
- Basra, A., Malik, C.P. 1984. Development of the Cotton Fiber. *International Review of Cytology*, 89: 65–113.
- Berlin, J.D. 1986. The Outer Epidermis of the Cottonseed. In Cotton Physiology Edited by: Mauney JR and Stewart JMD. Memphis, the Cotton Foundation, 375-414.
- Bolek, Y., El-Zik, K. M., Pepper, A. E., Bell, A. A., Magill, C. W., Thaxton, P. M., Reddy, O. U. K., 2005. Mapping of Verticillium Wilt Resistance Genes in Cotton. *Plant Science*, 168:1581–1590

- Carver, W. A., 1929. The Inheritance of Certain Seed, Leaf and Flower Characters in *Gossypium hirsutum* and Their Genetic Interrelations. *Journal of American Society Agronomy*, 21:467-480.
- CMD, 2010. <http://www.cottonmarker.org/>
- Ding, Y. Z., Guo, W. Z., Zhang, T. Z., 2007. Genetic Analysis of Two Mutants of Fiber in *Gossypium hirsutum* L. *Cotton Science*, 19(3): 179–182.
- Du, X. M., Pan, J. J., Wang, R. H., Zhang, T. Z., Shi, Y., 2001. Genetic Analysis of Presence and Absence of Lint and Fuzz in Cotton. *Plant Breeding*, 120:519–522
- Endrizzi, J. E., Turcotte, E. C., Kohel R. J. 1984. Qualitative Genetics, Cytology and Cytogenetics. In: Kohel R. J., Lewis D.F. (eds) *Agronomy: Cotton*. American Society of Agronomy Inc., Madison WI, pp 59-80.
- Endrizzi, J. E., Turcotte, E. L., Kohel, R. J. 1985 Genetics, Cytogenetics and Evolution of *Gossypium*. *Advanced Genetics*, 23.
- Endrizzi, J. E., Ray, D. T., 1991. Monosomic and Monotelodisomic Analysis of 34 Mutant Loci in Cotton. *Journal of Heredity*, 82:53–57.
- Frelichowski, J. M., Palmer, M. B., Main, D., Tomkins, J. P., Cantrell, R. G., Stelly, D. M. 2006. Cotton Genome Mapping with New Microsatellites from Acala ‘Maxxa’ BAC-Ends. *Molecular Genetics and Genomics*, 275:479–491.
- Guo, W., Cai, C., Wang, C., Han, Z., Song, X., Wang, K., Niu, X., Wang, C., Lu, K., Shi, B., Zhang, T. 2007. A Microsatellite-Based, Gene-Rich Linkage Map Reveals Genome Structure, Function and Evolution in *Gossypium*. *Genetics*, 176: 527-541.
- Graves, A.D., Stewart, M.J.1988. Chronology of the Differentiation of Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.) Fiber Cells. *Planta*, 175:254-258.
- Griffie, F., Ligon, L. L., 1929. Occurrence of Lintless Cotton Plants and the Inheritance of the Character ‘Lintless’. *Journal of American Society Agronomy*, 21:711–717.

- Han, Z., Guo, W., Song, X., Zhang, T., 2004. Genetic Mapping of EST-Derived Microsatellites from the Diploid *Gossypium arboreum* in Allotetraploid Cotton. *Molecular Genetics and Genomics*, 272(3):308–327.
- Han, Z., Wang, C., Song, X., Guo, W., Gou, J., Li, C., 2006. Characteristics, Development and Mapping of *Gossypium hirsutum* Derived EST-SSRs in Allotetraploid Cotton. *Theoretical Application Genetics*, 112:430–439.
- Hazen, S.P., Leroy, P., Ward, R., 2002. AFLP in *Triticum aestivum* L.: Patterns of Genetic Diversity and Genome Distribution. *Euphytica*, 125 (1): 89-102.
- Jiang, C., Wright, R. J., El-Zik, K. M., Paterson, A. H., 1998. Polyploid Formation Created Unique Avenues for Response to Selection in *Gossypium* (cotton). *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 95:4419-4424.
- JMP, 2007. JMP User Guide, Release 7 Copyright © 2007, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, ISBN 978-1-59994-408-1.
- Joehanes, R., Nelson J. C., 2008. QGene 4.0, an extensible Java QTL analysis platform. *Bioinformatics*, 24:2788-2789.
- John, M.E., Crown, L.J. 1992. Gene Expression in Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Fiber: Cloning of The Mrnas. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 89: 5769–5773
- Karaca, M., Saha, S., Jenkins, J. N., Zipf, A., Kohel, R., Stelly, D. M., 2002. Simple Sequence Repeat (SSR) Markers Linked to the Ligon Lintless (Li₁) Mutant in Cotton. *Journal of Heredity*, 93:221–224.
- Kearney, T. H., Harrison, C. J., 1927. The Inheritance of Smoothness Seeds in Cotton. *Journal of Agriculture Research*, 35:193–217.
- Kim, H.J. ve Triplett, B.A. 2001. Cotton Fiber Growth in Planta and In Vitro: Models for Plant Cell Elongation and Cell Wall Biogenesis. *Plant Physiology*, 127: 1361–1366.
- Kohel R J., 1972. Linkage Tests in Upland Cotton, *Gossypium hirsutum* L. II. *Crop Science*, 12: 66–69.

- Kohel, R. J., 1973. Genetic Nomenclature in Cotton. *Journal of Heredity*, 64:291-295.
- Kohel, R. J., Narbuth, E. V., Benedict, C. R., 1992. Fiber Development of Ligon Lintless-2 Mutant of Cotton. *Crop Science*, 32:733–735.
- Kohel, R. J., Yu, J., Park, Y. H., Lazo G. R., 2001. Molecular Mapping and Characterization of Traits Controlling Fiber Quality in Cotton. *Euphytica*, 121:163-172.
- Kohel, R. J., Stelly, D. M., Yu, J., 2002. Tests of Six Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Mutants for Association with Aneuploids. *Journal of Heredity*, 93:130–132.
- Kosambi, D., 1944. The estimation of map distance from recombination values. *Ann Eugen*, 12:172–175.
- Lacape, J. M., Nguyen, T. B., Thibivilliers, S., Bojinov, B., Courtois, B., Cantrell, R. G., 2003. A Combined RFLP-SSR-AFLP Map of Tetraploid Cotton Based on a *Gossypium hirsutum* 9 *Gossypium barbadense* Backcross Population. *Genome*, 46:612–626.
- Lacape, J. M., Nguyen, T. B., Courtois, B., Belot, J. L., Giband, M., Gurlot, J. P., 2005. QTL Analysis of Cotton Fiber Quality Using Multiple *Gossypium hirsutum* 9 *Gossypium barbadense* Backcross Generations. *Crop Science*, 45:123–140.
- Lee, J. J., Hassan, O. S. S., Gao, W., Wang, J., Wei, E. N., Russel, J. K., 2006. Developmental and Gene Expression Analyses of a Cotton Naked Seed Mutant. *Planta*, 223: 418–432.
- Lee, J. J., Woodward, A. W. ve Chen, Z. J., 2007. Gene Expression Changes and Early Events in Cotton Fibre Development. *Annals of Botany* 100:1391-1401.
- Li, C. H., Zhu, Y. Q., Meng, Y. L., Wang, J. W., Xu, K. X., Zhang, T. Z, Chen, X. Y., 2002. Isolation of Genes Preferentially Expressed in Cotton Fibers By cDNA Filter Arrays and RT-PCR. *Plant Science*, 163:1113-1120.
- Lin, Z., He, D., Zhang, X., Nie, Y., Guo, X., Feng, C., 2005. Linkage Map Construction and Mapping QTL for Cotton Fibre Quality Using SRAP, SSR and RAPD. *Plant Breeding*, 124:180–187.

- Lynch, M., Walsh, B., 1998. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates Inc. ISBN 0-87893-481-2, USA, 980s.
- Mei, M., Syed, N. H., Gao, W., Thaxton, P. M., Smith C. W., 2004. Genetic Mapping and QTL Analysis of Fiber-Related Traits in Cotton (*Gossypium*). *Theoretical Application Genetics*, 108: 280–291.
- Meinert, M. C. ve Delmer, D. P. 1977. Changes in Biochemical Composition of the Cell Wall of the Cotton Fiber During Development. *Plant Physiology*, 59: 1088-1097.
- Ming, L., Zhong-Yi, X., Yue-Hua, X., Xian-Bi, L., Jian-Ping, Z., Ming-Yu, H. ve Yan, P. 2007. Cloning and Expression Analysis of a Brassinosteroid Biosynthetic Enzyme Gene, GhDWF1, from Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Agricultural Sciences in China*, 6(11): 1297-1305.
- Mitchell-Olds, T., 1995. The Molecular Basis of Quantitative Genetic Variation in Natural Populations. *Trends in Ecology & Evolution*, 10 (8): 324–327.
- Musaev, J. A., Abzalov, M. F., 1972. Some Questions Concerning the Inheritance of Fuzziness in Cotton Seeds (*G. Hirsutum* L.). *Genetika*, 7-16.
- Nadarajan, N., Rangasamy, S. R., 1988. Inheritance of the fuzzless-lintless character in cotton (*Gossypium hirsutum*). *Theoretical Application Genetics*, 75:728-730.
- Narbuth, E. V., Kohel, R. J., 1990. Inheritance and Linkage Analysis of a New Fiber Mutant in Cotton. *Journal of Heredity*, 81:131-133.
- Nguyen, T. B., Giband, M., Brottier, P., Risterucci, A. M., Lacape, J. M., 2004. Wide Coverage of the Tetraploid Cotton Genome Using Newly Developed Microsatellite Markers. *Theoretical Application Genetics*, 109:167–175.
- Park, Y. H., Alabady, M. S., Ulloa, M., Sickler, B., Wilkins, T. A., Yu, J., 2005. Genetic Mapping of New Cotton Fiber Loci Using EST-Derived Microsatellites in an Interspecific Recombinant Inbred Line Cotton Population. *Molecular Genetics and Genomics*, 274:428-441.

- Percy, R. G., Kohel, R. J., 1999. Qualitative Genetics. in: Smith CW, Cothren JT (eds) Cotton: Origin, History, Technology, and Production. John Wiley & Sons, Inc. ISBN 0-471-18045-9, USA, 853s (319-360s).
- Preuss M. L., Kovar D., Lee Y., Staiger C., Delmer D., Liu B. 2004. A plant-specific kinesin binds to actin microfilaments and interacts with cortical microtubules in cotton fibers. *Plant Physiology*, 136:3945-3955.
- Reddy, O. U. K., Pepper, A. E., Abdurakhmonov, I. Y., Saha, S., Jenkins, J. H., Brooks, T., Bolek, Y., El-Zik, K. M., 2001. New Dinucleotide and Trinucleotide Microsatellite Marker Resources for Cotton Genome Research. *Journal of Cotton Science*, 5:103-113.
- Reinisch, A. J., Dong, J., Brubaker, C. L., Stelly, D. M., Wendel, J. F., Paterson, A. H., 1994. A Detailed RFLP Map of Cotton, *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense*: Chromosome Organization and Evolution in a Disomic Polyploidy Genome. *Genetics*, 138:829-847.
- Richmond, T. R., 1947. The Genetics of Certain Factors Responsible for Lint Quantity in American Upland Cotton. Bulletin of Texas. Agriculture Research Station, Volume: 716. 42s.
- Rong, J., Abbey, C., Bowers, J. E., Brubaker, C. L., Chang, C., Chee, P. W., 2004. A 3347-Locus Genetic Recombination Map of Sequence-Tagged Sites Reveals Features of Genome Organization, Transmission and Evolution of Cotton (*Gossypium*). *Genetics*, 166:389–417.
- Rong, J., Pierce, G. J., Waghmare, V. N., Rogers, C. J., Desai, A., Chee, P. W., May, O. L., Gannaway, J. R., Wendel, J. F., Wilkins, T. A., Paterson, A. H., 2005. Genetic Mapping and Comparative Analysis of Seven Mutants Related to Seed Fiber in Cotton. *Theoretical Application Genetics*, 111:1137–1146.
- Ryser, U. 1999. Cotton Fiber Initiation and Histodifferentiation. In Cotton Fibers Edited By: Basra SA. Binghamton, NY, Hawthorn Press, 1-46.

- Shappley, Z. W., Jenkins, J. N., Meredith, W. R., Mccarty, J. C., 1998. An RFLP Linkage Map of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Theoretical Application Genetics*, 97:756–761.
- Shen, X., Guo, W., Zhu, X., Yuan, Y., Yu, J., Kohel, R. 2005. Molecular Mapping of QTLs for Fiber Qualities in Three Diverse Lines in Upland Cotton Using SSR Markers. *Molecular Breeding*, 15:169–181.
- Shen, X., Zhang, T., Guo, W., Zhu, X., Zhang, X. 2006. Mapping Fiber and Yield QTLs with Main, Epistatic, and QTL 9 Environment Interaction Effects in Recombinant Inbred Lines of Upland Cotton. *Crop Science*, 61–66.
- Sun, Y., Fokar M., Asami T., Yoshida S., ve Allen R. D. 2004. Characterization of the Brassinosteroid Insensitive 1 Genes of Cotton. *Plant Molecular. Biology*, 54: 221-232.
- Suo, J., Liang, X., Pu, L., Zhang, Y., ve Xue, Y. 2003. Identification of GhMYB109 Encoding a R2R3 MYB Transcription Factor that Expressed Specifically in Fiber Initials and Elongating Fibers of Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Biochim. Biophys. Acta*, 1630: 25-34.
- Tanksley, S. D., Mccough S. R. 1997. Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild. *Science*, 277:1063-1066.
- Thadani, K. I. 1923. Linkage Relations in the Cotton Plant. *Agriculture Journal of India*, vol:18.
- Thadani, K. I. 1925. Inheritance of Certain Characters in *Gossypium*. *Agriculture Journal of India*, vol:20.
- Tiwari, S. C., Wilkins, T. A. 1995. Cotton (*Gossypium hirsutum*) Seed Trichomes Expand Via Diffuse Growing Mechanism. *Canadian Journal of Botany*, 73: 746-757.
- Tokumoto, H., Wakabayashi, K., Kamisaka, S. ve Hoson, T. 2002. Changes in the Sugar Composition and Molecular Mass Distribution of Matrix Polysaccharides During Cotton Fiber Development. *Plant Cell Physiology*, 43(4):411-418.

- Turley, R. B., Kloth, R. H. 2002. Identification of a Third Fuzzless Seed Locus in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Journal of Heredity*, 93(5):359-364.
- Turley, R. B., Vaughn, K. C., Scheffler, J. A. 2007. Lint Development and Properties of Fifteen Fuzzless Seed Lines Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*, 156:57-65.
- Turley, R. B., Kloth, R. H. 2008. The Inheritance Model for the Fiberless Trait in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Line SL1-7-1: Variation on a Theme. *Euphytica*, 164:123-132.
- Ulloa, M., Meredith, W. R. 2000. Genetic Linkage Map and QTL Analysis of Agronomic and Fiber Traits in an Intraspecific Population. *Journal of Cotton Science*, 4:161–170.
- Ulloa, M., Meredith, W. R., Shappley, Z. W., Kahler, A. L. 2002. RFLP Genetic Linkage Maps from Four F_{2:3} Populations and a Joinmap of *Gossypium hirsutum* L. *Theoretical Application Genetics*, 104:200–208.
- Ulloa, M., Saha, S., Jenkins, J. N., Meredith, W. R., Mccarty, J. C., Stelly, D. M. 2005. Chromosomal Assignment of RFLP Linkage Groups Harboring Important QTLs on an Intraspecific Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Joinmap. *Journal of Heredity*, 96:132–144.
- Yu, J., Yu, S., Lu, C., Wang, W., Fan, S., Song, M., Lin, Z., Zhang, X., Zhang, J. 2007. High-Density Linkage Map of Cultivated Allotetraploid Cotton Based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP Markers. *Journal of Integrative Plant Biology*, 49(5): 716–724.
- Van Ooijen J. W. 2006. JoinMap 4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma BV: Wageningen, Netherlands.
- Van't, Hof J. 1998. Production of Micronucleoli and Onset of Cotton Fiber Growth. *Planta*, 205:561-566.

- Wan, Q., Zhang, Z., Hu, M., Chen, L., Liu, D., Chen, X., Wang, W., Zheng, J. 2007. T1 Locus in Cotton is the Candidate Gene Affecting Lint Percentage, Fiber Quality and Spiny Bollworm (*Earias* spp.) Resistance. *Euphytica*, 158:241-247.
- Wang, S., Wang, J. W., Yu, N., Li, C. H., Luo, B., Gou, J. Y., Wang, L. J., ve Chen, X. Y. 2004. Control of Plant Trichome Development by a Cotton Fiber MYB Gene. *Plant Cell*, 16: 2323-2334.
- Wang S, Basten CJ, Zeng ZB (2010) Windows QTL Cartographer 2.5. Bioinformatics Research Center, North Carolina State University, Raleigh, NC (<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/>)
- Ware, J. O. 1929. Inheritance of Linted Percentage in Cotton. *Journal of American Society Agronomy*, 21:876-894.
- Ware, J. O. 1940. Relation of Fuzz Pattern to Lint in an Upland Cotton Cross. *Journal of Heredity*, 31:489-498.
- Ware, J. O., Benedict, L. I., Rolfe, W. H. 1947. A Recessive Naked-Seed Character in Upland Cotton. *Journal of Heredity*, 38:313-320.
- Wilkins, Ta., Jernstedt, Ja. 1999. Molecular Genetics of Developing Cotton Fibers. In: Basra Am, Ed. Cotton Fibers. New York, Ny: Hawthorne Press, 231-267.
- Wilkins, T. K., Rajasekaran, K., Anderson, D. M. 2000. Cotton Biotechnology. *Crit. Rev. Plant Science*, 19:511-550.
- Wu, J., Gutierrez, O. A., Jenkins, J. N., McCarty, J. C., Zhu, J. 2009. Quantitative Analysis and QTL Mapping for Agronomic and Fiber Traits in and RI Population of Upland Cotton. *Euphytica*, 165:213-245.
- Zhang, T. Z., Pan, J. J., 1991. Genetic Analysis of a Fuzzless-Lintless Mutant in *Gossypium hirsutum* L. *Jiangsu Journal of Agriculture Science*, 7:13-16
- Zhang, J., Stewart, Mc. D. 2000. Economical and Rapid Method for Extracting Cotton Genomic DNA. *The Journal of Cotton Science*, 4:193-201.

- Zhang, T., Yuan, Y., Yu, J., Guo, W., Kohel, R. J. 2003. Molecular Tagging of a Major QTL for Fiber Strength in Upland Cotton and its Marker-Assisted Selection. *Theoretical Application Genetics*, 106:262–268.
- Zhang, Z., Xiao, Y., Luo, M., Li, X., Luo, X., Hou, L. 2005. Construction of a Genetic Linkage Map and QTL Analysis of Fiber-Related Traits in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*, 144(1):91–99.
- Zhu, Y.Q., Xu, K.X., Luo, B., Wang, J.W. ve Chen, X.Y. 2003. An ATP-Binding Cassette Transporter GhWBC1 from Elongating Cotton Fibers. *Plant Physiology*, Vol. 133, Pp. 580–588

EKLER

EK-1. Genetik haritaların oluşturulmasında kullanılan primerler

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
BNL448	(ct)13	gcagcttgctttctgcttc	acgcaagcttggtcaatacc
BNL530	(ga)10	cgtaggatggaaacgaaagc	gccacactttccctctcaa
BNL598	(ct)12, (ag)12+(tg)4	tatctccttcacgattccatcat	aaaagaaaacagggtcaaaagaa
BNL686	(ga)22	attttcccttggtggtcct	acatgataaaaataaaaccaaacacg
BNL834	(ca)13	tcgagattcatggctctcct	tggcaaaagtggacatacca
BNL852	(ca)13	tgcttcagccaatgacttg	aacaatgcccccaatattca
BNL946	(ga)14	gctgttgctccacatctcct	gggcaaacagataggcagaa
BNL1017	(ca)14	agaaaaaaacttcctcatgaacc	gtttctctcagaattttagggcc
BNL1030	(gt)16, (ca)13	tttgagccatttacatgca	aaaccacttctgcatctgga
BNL1047	(ca)12	gcttgctatctccattgctg	tagcccggttcattgttctc
BNL1053	(ac)16	agggtctgtcatggttgga	catgcatgcgtacgtgtgta
BNL1059	(ca)16, (ca)11	ccttctctgacactctgccc	tgtattctcttctttcttatacttt
BNL1066	(gt)10+(ga)9	acattccacccaagtccaa	actctatgccgcctctcgta
BNL1122	(ag)16	tcgataacggctatagtaatctctc	caacaaataagcagccaagaaa
BNL1161	(ag)24	catctcctctggaaagagcg	atgaagcagcacattccatg
BNL1227	(ag)15	catcaagatctatctctctataccg	tttaccctccgatctcaacg
BNL1317	(ag)14	aaaaatcagccaaattggga	cgtcaacaattgtcccaaga
BNL1395	(at)11+(ag)10	aagcagccaagaaataccga	tcgataacggctacagtaact
BNL1414	(ag)16	aaaaaccccttccatccat	gggtgtccttcccaaaaatt
BNL1423	(ag)12	aaaaaccaattgcctccaaa	ctcctaacgatcaatgggga
BNL1434	(ag)13	aaattcaagaatcaaaaaaca	ttatgccaaagtatatggagtaacg
BNL1521	(ag)26	tgaagaaagaaaaagagaaaggg	ctcaccacgtggcattatg
BNL1606	(ag)15	catgtaggatgagagagagagaga	ggggctttacgacatacctg

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
BNL1611	(ag)12	caatgaacaaaaaatgtaaggg	tgggcatttagccatttacc
BNL1665	(ag)16	cagaaccaacatactttctacgg	atgtgcaaaaacttgatgtgg
BNL1672	(ag)14	tggatttgcctctgtgtg	aaccaactttccaacaccg
BNL1673	(ag)24	ctctaatgcttggccttgg	agtaccggactcggcactat
BNL1679	(ag)17	aattgagtgatactagcatttcagc	aaagggatttgctggcagta
BNL1694	(ag)19, (tc)19	cgtttgtttcgtgtaacagg	tgggtggattcacatccaaag
BNL1705	(ag)27, (ct)28	gccaathtagtataggaagcaagt	catgtattatttcaccctctct
BNL1707	(ag)16	tctaggctgagtgagggct	aatgacgtcgtttatgcc
BNL193	(ag)13	tgtgagccattgctgttagc	taagtctggcattgtgagc
BNL226	(ga)16	ttattctcacagccggaacc	ttaccctctcgcttctcat
BNL2443	(ag)7+n+(ag)20, (ct)20	tttattggtcggtctttgcc	ttaggggtgttcttgggcac
BNL2448	(ga)17	taactttatccgcggaatcg	tagtttgatcagttgatgatttagc
BNL256	(ga)17	tttgctccattttttgcc	tttattaatttcgtttagctccg
BNL2570	(ga)13	ttctacaaaaaaagaaaaatggg	aaatacggatgggaccaacc
BNL2590	(ag)11	gaaaaacaaaaaggaaaatcg	ctccctctcttaaccggct
BNL2655	(ct)14	ttgcataagtttgggaggc	ggtagactctttattttaaacacacg
BNL2632	(ga)14, (tc)14	cgtgtctccagaccaacaaa	gggagttgaagccgacataa
BNL2634	(ag)11	aacaacattgaaagtctgggg	cccagctgcttattggtttc
BNL2646	(ga)3+g+a2+(ag)4+(ga)4, (tc)4+(ct)17	cccctttgatagatacacattttta	aaaataaactacgaaagagaaagagaa
BNL2652	(tc)32	ttcatcattctagcctgagtc	gcgataatccttcagggat
BNL2749	(ga)13	ccttgaaaaaaaatccccg	tcaagctttttccattggc
BNL2847	(ga)17	aacaatgccggaagctagt	ctttcttgctgcctctgct
BNL285	(ga)12, (ga)3+gc+(ga)12+a+(ag)2	acgctgttagatagagaaatacc	tcaccgtccgttttaacaca
BNL2895	(ga)10	cgattttactgcttcagacttg	taccatctcacggatccaca

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
BNL2921	(ag)10	cgagagattttaagggaaaca	gggagtggctgatggaaa
BNL2961	(ga)11	tcgaaaggggtgttctctt	ggggatgctgtcacatctt
BNL2986	(ag)10	tagagccaagtggatgcc	aaaggggggaatgattatgc
BNL3029	(ag)12	tcctgaaagcaaaaagaggg	ttgatcggagcatcagtctg
BNL3031	(ag)27	aggctgaccctttaaggagc	aaccaactttccaacaccg
BNL3034	(ag)12	aaaggaaatggcattggca	agtaccgccatttcaagtg
BNL3065	(ag)21	caaacgggagacaaaaaaa	cgaactggcgagttagtct
BNL3090	(ag)31	gaaatcattggaagaacatactaca	ttgctccgtattttccagct
BNL3103	(ga)13, (tc)14	actttgagatattgtattctaccg	tcgaacaattacgaataaatg
BNL3140	(ga)11	caccattgtggcaactgagt	ggaaaagggaaagccattgt
BNL3145	(ag)15	aacgagggaaaacggagagt	caaaacgacgccatttaggt
BNL3147	(ag)11	atggctctctctgagcgtgt	cggttcagaggctttgtgt
BNL3171	(ga)26	gaaaaattgaggaaggacatacg	ggccacaaccgaatttactg
BNL3255	(gc)6at(ac)14	gacagtcaaacagaacagatatgc	ttacacgactgttcccacg
BNL3280	(ag)17, (ga)18	gcagaactgccacttgtttg	agaaaatgggtgtgcttgg
BNL3359	(ag)16	ttgttgtgggaatgatgga	tgaccttcaccgactttct
BNL3383	(ag)10, (ct)11	gtgtgtcatcggcactgac	tgcaatggtcagtggtgat
BNL3408	(gt)2at(gt)12	atccaaaccattgcaccact	gtgtacgttgagaagtcactgc
BNL3410	(ac)10	ttgcttcattttattttttgg	attaaatgaacgccattcg
BNL3436	(ac)10+(at)5, (ta)5+(tg)10	aacatagcctaccattgccg	ttgtttgcaaatttgaagc
BNL3442	(ca)14(ta)5	cattagcggatttgcgtga	aacgaacaaagcaaagcgat
BNL3452	(ca)13	tgtaactgagcagccgtacg	gcaaagcagagtgaatcc
BNL3474	(ca)16	aaggtaatgcagtgcggttc	ataatggcattgattatagagtgtg
BNL3482	(ac)12	atttgcgccaggtttttt	gcaacacctttctcccta

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
BNL3492	(ct)10+(ca)13	ccagtcagggtgttgggac	tggaagcagtggaataaca
BNL3511	(ac)11	tagaacataggaggcggtg	aatggagagacaatgattttcg
BNL3535	(ca)14	ctgggatacataccgtggct	actttgctgaataaaggtagtg
BNL3545	(ca)10	agtcagttttgttagcaatatgc	aaccattaattccctatttaaccg
BNL3558	(ac)11	aagcaaatcatgatgaacatacg	tgcaagagtagctctgctg
BNL3580	(ac)15	ctgtttacattccctctttataacc	caaaggcgaactcttccaaa
BNL3590	(ca)20	tcttccctctctttctcttctg	acacggaagaccaaccaagt
BNL3627	(tc)17	tatgggcctgtccacctaag	caaagcaacatgcacacaca
BNL3649	(tc)20	gcaaaaacgagttgacccat	cctggtttcaagcctgttc
BNL3806	(tg)18, (ag)18, (ac)9+n+(ca)7+c+n+(ca)2+(at)5	gacaggccagaccagaacat	tcaacaaagcacatatataacaca
BNL3816	(tg)15, (tg)5ta(tg)15	gttagccacgtgttagttctatg	atcgatcactgtgtgtcc
BNL3860	(tg)11	gaggaattgagcattgggaa	tgctgcacatcatgaatgaa
BNL387	(ag)15	gaaggggaatttatagcggg	agagactcccgcacttgaaa
BNL3874	(at)5+(g)+(ta)4+(tg)10	catgttctaatacatatatatatgtatgtgt	aaaataacaaaagccatggaataa
BNL3895	(tg)10	cgctcttggtcatggatttt	gccaagctcactggaagaac
BNL3902	(gt)18	gagtttgggggctgtgtatg	ggggtgcttatgtcagacgt
BNL3948	(ac)11	gtaatgttaacactttgctattcc	gttggtgggtgagcagaat
BNL3971	(tc)15	cacatatatttgcctcacgc	tgtggacccaaaaaggaaga
BNL3989	(tc)2+t2+(tc)16	actgtctccaatgaaacgcc	tagagagaaatgagggcgca
BNL4030	(gt)10	cctccctcacttaaggtgca	atgttgtaagggtgcaaggc
BNL4094	(ga)15	atgctgcggagtcgatatct	aaattgatttcagccggag
BNL542	(ta)4+(ag)19	tcgatcacatttataagaactattgg	ttcattttgaacattcgcca
BNL836	(tg)11	atcttggtgattttctgactacagg	cagacattcccccttctga
BNL840	(ca)19	ctcgtggaaacaccaggaat	tctcgccattaaactgcctt
CIR004	tg7	acaaatcccattcacg	ggtttgctagtgtccttt

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
CIR005	tg8	aagctgaagatgaggttt	gcatgatttggttgtt
CIR037	ac10	gacagtgaagcagg	gatcatgcctaaagaa
CIR070	ac8	aaccaccaaccattca	tgggactcggtcatc
CIR084	ca8ta7	gaaattggtgatacaagt	tgtctgtttatctctttg
CIR094	ta6tg9	atacctcctttggcattc	attcagcaacttcacaca
CIR102	gt12n4ga6	taacaactggatgagatga	cataactgcaaaggagaa
CIR148	tg8	ctaattccttgattctaccc	tccaagcccagataagt
CIR156	tg8ga5	cattgccaaggaga	gtaaccaatgaatccag
CIR179	tg6	atgggtccaaagtaagag	gatttgggaagcagaa
CIR182	ac10	cttcatcatagtagcgagtt	gaatcaagcagaggattt
CIR216	ca9	atctgaaccatcctctc	ttctgattggcacttcc
CIR224	ac14	aggtttgctgtttctacc	aacagaggggtgacagttt
CIR238	tg9	tcaactcaccgattacac	tcttcattcgggctt
CIR246	tg6	ttagggtttagttgaatgg	atgaacacacgcacg
CIR298	tg9	tctacaatgaacccaaca	tccttgctcccatc
CIR362	ga7gt8n4ga8	gagagaaagtgaggaaa	ctcccaccgctaaaa
CIR398	acat5ca7	atacatcacacacacacaca	gaggagaaacagaagag
CIR416	tg11	tatatgtgtgtgtgtgtg	ttctccctctattttcttt
CIR078	gt7	tgcatgatgaagttaga	acataaatcccaagaac
CIR081	ac7	aaagaacccatgagaaga	gctgtctatgttggtgg
CM106	(at)5+a+(gt)9	gcattacacgaacatactattgaagca	aaatattaaatgtgaccttgttttaggat
CM12	(tc)26	gcgttgattctattttccc	gtagttaacccaacaacttgag
CM13	(ag)23	tgaaagttgaaacgagaagatg	ccaaaggttttgtgttgc
CM14	(ct)18+t+(tc)10	cttctctctttccctcacacct	gaatgggaagaaaggccttc
CM140	(ta)6+ca+(tg)12	gtaatcatttttgcatacggtttctat	cataaaaaaaccagcaaattcattc

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
CM162	(tc)15	ccattctctttcattttctcc	ggagcaacgaaacttagcagc
CM209	(aga)13	gagagccgaggaccagaag	gtcaggttggtgttg
CM23	(ctca)4, (ct)14	caataggctctgcactgaaagc	cgaaccagggaagaaaaggaaatg
CM25	(tc)19	agcagctcaaccgaaac	ataacggctttctcgat
CM27	(ag)26	gaattgtgtaaagacacttc	ttcttgagaatgctct
CM29	(tc)26	ttccaagttccaatttcttc	atcaaccactttgacaatgtt
CM3	(ag)22	gggctaaactgaaaaatgacca	gtcttaaagactgacatgcagc
CM30	(tc)20	tgtcttcaaacagtgccaaa	ctcgaacacctgtgtccc
CM50	(tc)17, (tg)5	gccgaaaaggatgataatttg	gatgatatacacaccttcaac
CM50	(tc)17, (tg)5	gccgaaaaggatgataatttg	gatgatatacacaccttcaac
CM51		gcagcttccagtttgcctctct	gggctaaactgaaaaatgaaccat
CM71	(tc)19	tccccgcaaccaacatatac	aaccgcctttccatcctagaac
CM76	(tc)13(ac)11, (aaac)4	ttaattttcaaagggctcttagaaag	gtataatggtaggagagaagggttaggg
CM82	(ga)46	gagcaaggatgaggaacgag	caaattactcaagtgtccatctc
JESPR10	(gaa)20	gaggcaatgtcggatgtgggc	gcaagtaggtggtggccggag
JESPR101	(ta)3(gt)15	ccaagtcaaggatgagtatatg	gctctttgttactgaaatggg
JESPR102	(ctt)5tt(ctt)5	cttgtgaagtccttagggc	gttatccatcatggtcaaatgc
JESPR110	(ga)16	ggcgaagagctacctgtgaatggc	ccaatggggactctacatgtggc
JESPR114	(gt)12	gatttaaggctcttgatccg	caaggggttaggtgtgtatatac
JESPR118	(ct)12	cttttctctttcaacacgtg	gttgaaggaagactccaaac
JESPR121	(ca)12	cctcagatcaattaactatgattc	cgttgtaaaactatactatttgtc
JESPR122	(cat)5	gctgctgggtttactgtgttg	ctatggtggaggagcaacaac
JESPR127	(ga)9aa(ga)5	gatttgggtaacattggctc	ctgcagtgtgtgttggttaga
JESPR135	(ct)11	caaaaccatcatcactctcaag	cgaagagcccactaacagaaaaag
JESPR136	(tac)6	gcaggaagcattggtatctc	ctctgatgaagagtgaatcaag

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
JESPR151	(gaa)9(y)4(gaa)10	ctggactaaaaaccttaactgg	ctcgattctaactcaatcacg
JESPR153	(cta)18	gattacctcataggccactg	gaaaacatgagcatcctgtg
JESPR157	(ctt)9(y)10(ctt)4(y)3(ctt)4	caagtcccaccatctttac	cttcttgactgaaattgctc
JESPR158	(ctt)12	caccattcggcagctatttc	ctgcaaacctagcctagacg
JESPR162	(ctt)9	cggcttctcttgcttagactgg	catgttgatcgtaactctggg
JESPR165	(ctt)10	caaaactcaccatggggaaac	gaatcaatggcagaagtgtgaag
JESPR169	(ga)5(ctt)10	ctcagatctaattgattgggttg	gagtaaattgaccactgttcgc
JESPR17	(gat)6	catgtcgtagtggttaactgc	gccttggtacttaactaatagtc
JESPR170	(ctt)10	cccataattcaacgttgacac	cttatcctccaggttcacc
JESPR171	(ctt)15	ctgcaaggtggaaactgaacctg	cctatgcatgtattaaattgtgag
JESPR175	(ctt)12	ccctattggctgctgaaag	gtttctttttttccctgta
JESPR178	(gaa)21	ccgctgatgtggccagttaactgcc	gatgcttgccaacatggcttcc
JESPR180	(ga)5(ga)20	gcgtagtacatatagatgcc	cttggagtatgtatgctctattc
JESPR181	(gaa)8	caacttttagatttgaaatgg	gagttgaagcttgacctgtc
JESPR185	(gaa)13	ccaagctacagagataacc	cacacaaattgggtaagaatag
JESPR191	(gaa)10	ggtctagccttcggaatttg	gaatcattctcgttctcggac
JESPR195	(gaa)20	gatctggactaaactagttgatgtg	gccaataatggatgaagggttac
JESPR197	(tac)11	caatacctggaacatagacaaatg	cttgaggcttgcaaaaaatg
JESPR204	(ctt)20	ctccaggttcaatggctc	gccatgttgacaagtagtc
JESPR205	(ctt)9(ct)9	ccaactctttccaaacttgag	gtacatatagatgcctcgtg
JESPR208	(ct)15	cgaaccaaacatatacttcacac	cccttccatccatagaacg
JESPR215	(ga)22	cgaagaatgagattggaggag	cccttctgagtttctttgg
JESPR218	(ga)21	ggggctaaactgaaaaatgacc	catgcagcttccagtttg
JESPR220	(ga)20	cgaaggaagaatgaggttg	ctaagaaccaatgtgagacc
JESPR221	(ga)18	cttaggtgcttcaggcatgattc	ccaaccccttccttc

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
JESPR222	(ct)10	gggccaacatcttg	gggggacattaatgattgg
JESPR223	(ct)18	tgggtcaaagctcaaag	cgttacggattattggacatg
JESPR226	(ga)24	gaggcatgaatattcag	gagacatcaaagtttgca
JESPR227	(ga)19	cgagaagatgagattggaggag	ggttttccattctctttcattttc
JESPR228	(ga)21	cagaacaacaccatcaacactctcag	ggcaagcaaagcaaaactc
JESPR229	(ct)22	ccattctctttcattttctcc	gttgaacgagaagatgag
JESPR230	(ga)38	gggactaaagaagtaattatgcc	gaaacccttggccatgag
JESPR231	(ga)22	gctggtgggattctctg	ctatgaactgctggctatgg
JESPR232	(ct)18	cagaccacgctattttgcc	cgttgattatttccagtgtctg
JESPR233	(ct)18	gagacatcaaagttgcagc	ccaaactattgaaccaac
JESPR234	(ct)18	gcatagttagaatgactctc	ctaactcgaatccgtcac
JESPR235	(ga)46	gagcaaggatgaggaacgag	caaattactcaagtgtcccatctc
JESPR236	(ct)22	gactgacatgcagcttcag	ggggctaaacttgaaaaatgac
JESPR237	(ga)17	ggcatctccatgtagaaatag	tgtcagtcccccatcacc
JESPR238	(ga)20	cagagagcttagttaaccc	gttgatccttattttcccc
JESPR240	(ct)16	cagatccccttttcttc	gaagaagcaaagcgagag
JESPR242	(ct)17	caatgcgattttcaaacc	gccagtgtgatggatatctgc
JESPR243	(ga)16	gtgtgttcttaggtgcttcag	ccaaacaaaataatagacatcc
JESPR250	(gt)10	ccaagaaatccacctcataag	gagtgcaggctatgctattacc
JESPR251	(ca)15	caactagaatgataagacac	ctttaagtacgtatgcac
JESPR252	(gt)17	gctattgttgatctgacctg	gattgatcaatcctgtaactc
JESPR254	(ta)5(gt)10	gtattggtttaataaaaagt	gggccagttgtttacagag
JESPR256	(ca)12(ta)4	gtcaatgaatgcagaac	gtatatacaagtataaagtattgg
JESPR260	(ca)12(ta)4	ctagactcatatgcccatctac	caataaatgcaagaagacag
JESPR261	(ct)10(ca)11	ggtcatcctagggtctc	caataaatgcaagaagacag

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
JESPR264	(ca)12	gcttattccattttcaac	caactgaaagaggatcaac
JESPR265	(ca)11(ta)6	gatcaactacaacgcac	aattcagtggtcaaaaca
JESPR267	(ca)18	ccctctaactttcccca	gaaaaccagcattgc
JESPR270	(ca)15(ta)3	acgcaactgcataataaacac	gtagcttagaattgaatggc
JESPR274	(ca)13	gcccaactctttctcaaacac	tgatgtcatgtgccttgc
JESPR279	(ca)28	ggagtgaagctaagcctg	cgggtcattggtgttttg
JESPR289	(gaa)9	cattgcattttgcccc	aatctagcgacaagggc
JESPR291	(ctt)8	cattccccactttgctcttac	catgtttctttgcccatc
JESPR292	(ctt)7	gcttgcaatctctacacc	gaatatgtttcatagaatggc
JESPR294	(aga)10	ctcctcattttgcacgtcctcttc	agggcttcattctctctcg
JESPR296	(tca)8(ctt)13	gggtgttacatagagtgtataaaattg	tgacctcaatttagaaaccc
JESPR297	(gaa)12	gagaactcgttaaagcacaatg	gttaatagagttgggtttctcatg
JESPR298	(gaa)17	gatgccctcgtgttaaag	ggaccttcggaataattacc
JESPR299	(cat)9	ctgaacctgctcctgaatc	gcctaggtggagttcgtg
JESPR300	(ctt)5(cat)6	cgcatacaaaacaaacac	cggaaaatgatgatgaagaag
JESPR307	(tga)11	cttggccatgtattccttca	gaaagacactaagctgaggc
JESPR308	(gat)7(ga)4	ggcatcatcagattctttc	gctggtggatattttattc
JESPR41	(ctt)8	gaccattgggaattgctgatacg	gggtaatcgacataggtaacggg
JESPR45	(gtt)6	gaaactcgatccctcaagatatg	atgaaatgaaagaaaagaaggagg
JESPR5	(gtt)8	gtctccttccccttctcttcttc	caacaacctcatgacgacgac
JESPR50	(caa)5	gta gtc ttc tca act cca ctg tt	ggtgacatcagtggtgttc
JESPR53	(gaa)9	gccaatgggactatataccggtg	ccatgtcccacgccagattg
JESPR56	(gaa)23	ccagttagcaccaatttagg	ccacaataacacactggaatc
JESPR58	(ctt)10	ccgcccttctcttcttagatctgg	ggagccaattgagaagtgaatccaa
JESPR63	gaaa(gaa)5aaa(gaa)5	catcttgggtatttttgagtg	gactaccaaatgcaccatctc

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
JESPR65	(gaa)25	ccaccaatttaagaagaaattg	ggtagttgtattagggctgtg
JESPR66	(ga)20	ctggactaactatttggtatccctc	gatctggactaccgctaatac
JESPR7	(gaa)14	gctgacggaagtgcaggaccct	gtctcctcccccttctctcttc
JESPR70	(ga)17	ctggactaaaaggaagatgagag	gaatacaggtcaaagtgata
JESPR75	(ct)9	cttctcacgttaccattgattcttc	ggctgttcacggactagctgta
JESPR8	(gaa)12	ggcatcttacgggtggaatgac	ggtaggtttggggtgttacatac
JESPR85	(ga)14	ccacccaaattttcatggagag	ccttctcatgtatgacattgatgg
JESPR87	(gaa)22	gcccttctcttcttagatctgga	caaaacggctgtagctagggtatg
JESPR92	(gaa)23	gggacctctattgaatagctggag	ctcttggcatcattagttcctgg
JESPR95	(ctt)9	gcttttctcgtagacgtatg	gcatatttatataccaagtccctc
JESPR97	(ct)11	cttctcttgcttagatctggac	gaagaggcttttctttatgattc
MGHES16	(ct)10, (tct)4	acccaataacaacccattt	gcagagaaaaggacagagg
MGHES17	(cat)6, (ttc)4	aacccttctttcccccttt	tcttcaccgatgccattgta
MGHES24	(gca)6, (caa)3	cgaacaactgatgcaactc	aaccgataacctccgcttctt
MGHES31	(cat)9	aagttagcggcttctgtgg	gggtcagaactggacaagga
MGHES46	(cgt)9	cgatttccattccacacctc	gcattgcaatcgaaacacat
MGHES55	(cat)5	cgaaccctagctttcaatcg	cggcttcaattgtacggtct
MGHES6	(cca)7	tcgcttgactttccatttcc	aacctcgggattatcgctct
MGHES63	(tttta)4	gaggacaattgggtcttaat	ccgcaaactgactctaatttttc
MGHES66	(tcc)3(ctc)/(cca)3	tctctctcccacttcatcac	gactgtggctggaggagaag
MUCS108	atac(8)at(7)	agggatttagactttggggg	ttttaccaagccaatttcc
MUCS145	gtt(3)gatgt(2)	atgaactctgtggttggg	cgaattttcaacaaccaacc
MUCS404	ctt(2)cct(5)	caacttcaacttccatttgc	tgtcgcagggtgtacatg
MUCS570	cttc(2)ttc(3)	ccctccacatattctttctcc	tcagttgcatcaccaaaacc
MUCS620	tta(2)ta(6)	cgaagatgggaagagaaaagg	caaaagctagcaacattacaactcc

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
MUSB0073	(tcct)3	cttccaaaaccaacatgaagc	gtgaggagggaagggaacc
MUSB0224	(ctc)4	tatcacccatcccactcacc	aggggaaggaagagaagagg
MUSB0325	(ttc)11	tttgaaacgtgtggcacttg	agaaagcatcaaagagcacca
MUSB0685	(aat)9	ccttctctctcttctcctcgtat	cccgttctcttcaggtaaacc
MUSB0958	(at)5	cgaaccacttcccactagg	ggttgcatcggcaacttgc
MUSB1064	(at)5	gcggtagcgattgaaggctc	acttcggcaacggtctcg
MUSB1135	(tca)8	ccgcggtcattccatcacc	tggtagcatcatgggaatcct
MUSS022	ta(10)	actaccacaactctacacgtagc	cttgaggcattaggtatcgttcc
MUSS026	at(17)	acacgactacatttatccgttg	gaagaagcatgatgttgatgcc
MUSS294	cta(5)	ttttcagcgagctagaggc	ttcaaagccctgagaagagg
MUSS572	cttc(3)	attcaggtggaattgcaagc	gcataactccggaaatccc
NAU1004	(accgcc)3	aaatccccgcccaactct	cctcttgatgggataatga
NAU1028	(aatt)5	ccgcctaagactaattggaa	caaattgtaagtggctgaga
NAU1037	(ctgcc)3	caccttcacctaaccatcaa	gaagaattgcgagaagagga
NAU1042	(tcaggc)4	catgcaaatccatgctagag	ggttctttggtggtgaaac
NAU1043	(ttc)14	gtatccgcccacaaataaag	gcacgtgagagaaagtga
NAU1093	(ta)14	tgtgatgaagaaccctctca	aaatggcgtgcttgaatac
NAU1103	(agc)7	ggagccagaagtgagaaaa	ttcggcttctgcttttactt
NAU1125	(ggcttc)5	aagaagccactgaagcagag	gtagaacagctccattgctg
NAU1141	(tccatc)3	cccctctctctgtttctcaa	aaggggttgagggttatc
NAU1158	(tttctc)4	acaaagcattcatcgttc	aaaacctgggtgaggaaat
NAU1162	(cag)6	ctgagtgagccatgaagttg	ttcggcttctgcttttactt
NAU1190	(ggc)6	ccatgtccgtatccatgta	taaggcaagatagggtcagg
NAU1197	(ctttgc)3	agcaaatatctctcccaca	catgtccacgtcatttcat
NAU1200	(cag)11	caacagcaacaaccacaa	ctgcctcgaggacaaatagt

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
NAU1217	(ttcttt)3	atccatatgtgctgttcag	tgcagttgtacaagcaatca
NAU1237	(ggc)6	gtggaggttacatggaaagg	ataccaagtcctgccgatta
NAU1248	(tcttcc)3	aatgtcagctgcctatttcc	aagacaggcgtatgcatctt
NAU1262	(gctgcc)3	ttctcgttctcattcttc	taaactccgatggtgaaggt
NAU1302	(tccact)3	actggcggtataatttggaa	gagggaaaaccaaacagaaa
NAU1307	(cgctgc)3	ccacggcttgatcttttatt	ggttcttggttaacgtcaagg
NAU1322	(catctc)3	ctccaatcgaatgattttt	ggtagggttttggaggtttt
NAU1369	(aggcgg)3	tggcagagatgaatgtaagc	ggtaacggatggaaatcac
NAU1372	(caaacc)3	agagaagtctctcctctga	agcttctcatcagcagcatt
NAU2026	(cag)4, (gga)4	gaatctcgaaaaccccatct	atttggaaagcgaagtaccag
NAU2035	(gata)4	cgagaaacttacttgacct	gaaaaggtaggcttgttggga
NAU2110	(ag)9	gaaagaacatttgggtgagg	ccacaccatcaaattgacc
NAU2152	(at)7, (ata)7	gaaaacaaggcacttgaacc	gatcgatcaaaaccggtaac
NAU2169	(tag)4	agcaaatccaatcacttgggt	aaaagtagcgggatgagatg
NAU2173	(aag)17	gccaaatagggtcacacaaa	agcgagaaggagacagaaaa
NAU2251	(aga)8	ttctccagtaaccaacaaagg	aaaatatcatccccgtcaaa
NAU2257	(atgt)12	gactaccacccacacttcaac	ttggtgtgtggcaaatgtat
NAU2302	(at)12, (ga)10	caaaccgtcaaatgagacaa	gcctctaagggtccctactc
NAU2336	(gat)9	tggaaaagggaaggagaga	ccctgaagtgtcaagctct
NAU2451	(at)7	ccattcccatacataggatca	caatgtagcaggttccatga
NAU3260	(ct)4ca(ct)4	ttttgcagatgtttgtaggg	tttctcaacaggggctaag
NAU3308	tc	aatggctcttctcctcttt	gcgtattctcgttactcgt
NAU3546	ata	aaaccttttacttgggata	atggacgatgtttcatttca
NAU3860	aga	aaaggtccccacttaaaaa	ttaacaccacatgttcacc
NAU3903	at	ccagttctcaggaaaaagga	ggacatggcctagagaagaa

EK-1. Devamı

Markör	Tekrar	İleri Primer Sekansı (5'-3')	Geri Primer Sekansı (5'-3')
NAU4024	gtc	acaagcatcttcatggacct	agaaggatgatgcaaagagg
NAU879	(at)11	aggaaccgattcaaagctaa	tttccccattcttggttaag
NAU913	(at)9	cccatgatcaaaagacaaca	gcttaaagatcgaggacgaa
NAU923	(tctttt)4	ggaattcaaggtgaaggag	cctcttctttggctctgaaa
NAU992	(at)13	agaaaagcgctgctgatat	gggtggcttgacaagtctat
STV0033	aga	ttctccagtaaccaacaaggctc	aatatcatccccgtcaaagtcac
TMB0029	(ca)5+(ga)8	taggcataaccaacatgacc	tggctaggtggtataaactgag
TMB0119	(ga)11	gctttaggaaaattattggcttcc	tttcatggcatttatcacagc
TMB0206	(ca)10	atgggtgactgggtgggtatc	gcgcaatttctcaaatctgg
TMB0366	(ga)17+(ca)8	gagcccaccattatcactcc	ggtgggtcatgtgagagagga

EK-2. Popülasyonda markörlerin segregasyonu ve test istatistikleri

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
1	cattga1	156	0	23	9	14.09	1	*****	3:1
2	cattga2	144	0	35	9	2.83	1	*	3:1
3	cattga3	131	0	48	9	0.31	1	-	3:1
4	cattga4	19	0	160	9	395.76	1	*****	3:1
5	cattga5	139	0	40	9	0.67	1	-	3:1
6	cattga6	129	0	50	9	0.82	1	-	3:1
7	cattga7	40	0	139	9	0.67	1	-	1:3
8	cattga8	76	0	103	9	29.1	1	*****	1:3
9	cattga9	51	0	128	9	1.16	1	-	1:3
10	cattga10	56	0	123	9	3.77	1	*	1:3
11	cattga11	86	0	93	9	50.7	1	*****	1:3
12	ctctta1	140	0	39	9	0.99	1	-	3:1
13	ctctta2	132	0	47	9	0.15	1	-	3:1
14	ctctta3	158	0	21	9	16.81	1	*****	3:1
15	ctctta4	157	0	22	9	15.42	1	*****	3:1
16	ctctta5	14	0	165	9	28.17	1	*****	1:3
17	ctctta6	151	0	28	9	8.36	1	****	3:1
18	ctctta7	134	0	45	9	0	1	-	3:1
19	ctctta8	18	0	161	9	21.32	1	*****	1:3
20	ctctta9	137	0	42	9	0.23	1	-	3:1
21	ctctta10	86	0	93	9	69.36	1	*****	3:1
22	ctctta11	132	0	47	9	0.15	1	-	3:1
23	ctctta12	146	0	33	9	4.11	1	**	3:1
24	ctctta13	127	0	52	9	1.57	1	-	3:1
25	ctctta14	110	0	69	9	17.52	1	*****	3:1
26	ctctta15	114	0	65	9	12.22	1	*****	3:1
27	ctctta16	115	0	64	9	11.04	1	*****	3:1
28	ctctta17	63	0	116	9	9.92	1	****	1:3
29	ctctta18	57	0	122	9	4.47	1	**	1:3
30	ctctac1	79	0	100	9	34.95	1	*****	1:3
31	ctctac2	126	0	53	9	2.03	1	-	3:1
32	ctctac3	115	0	64	9	11.04	1	*****	3:1
33	ctctac4	83	0	96	9	43.59	1	*****	1:3
34	ctctac5	32	0	147	9	4.84	1	**	1:3
35	ctctac6	18	0	161	9	21.32	1	*****	1:3
36	ctctac7	92	0	87	9	66.52	1	*****	1:3
37	ctctac8	51	0	128	9	1.16	1	-	1:3
38	ctctac9	18	0	161	9	21.32	1	*****	1:3
39	cattca1	136	0	42	10	0.19	1	-	3:1
40	cattca2	127	0	51	10	1.27	1	-	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
41	cattca3	135	0	43	10	0.07	1	-	3:1
42	cattca4	92	0	86	10	67.6	1	*****	1:3
43	cattca5	126	0	52	10	1.69	1	-	3:1
44	cattca6	145	0	33	10	3.96	1	**	3:1
45	cattca7	102	0	76	10	29.73	1	*****	3:1
46	cattca8	65	0	113	10	12.59	1	*****	1:3
47	cataag1	15	0	141	32	19.69	1	*****	1:3
48	cataag2	29	0	127	32	3.42	1	*	1:3
49	cataag3	77	0	79	32	49.37	1	*****	1:3
50	cataag4	93	0	63	32	19.69	1	*****	3:1
51	cataag5	62	0	94	32	18.09	1	*****	1:3
52	cataag6	131	0	25	32	6.7	1	***	3:1
53	cataag7	52	0	104	32	5.78	1	**	1:3
54	cataag8	41	0	115	32	0.14	1	-	1:3
55	cataag9	90	0	66	32	24.92	1	*****	3:1
56	cataag10	40	0	116	32	0.03	1	-	1:3
57	cataag11	50	0	106	32	4.14	1	**	1:3
58	cataag12	122	0	34	32	0.85	1	-	3:1
59	cataag13	45	0	111	32	1.23	1	-	1:3
60	cataag14	135	0	21	32	11.08	1	*****	3:1
61	cataag15	129	0	27	32	4.92	1	**	3:1
62	cataag16	32	0	124	32	1.68	1	-	1:3
63	cataag17	29	0	127	32	3.42	1	*	1:3
64	cataag18	142	0	14	32	21.37	1	*****	3:1
65	cataag19	130	0	26	32	5.78	1	**	3:1
66	cataac1	58	0	98	32	12.34	1	*****	1:3
67	cataac2	117	0	39	32	0	1	-	3:1
68	cataac3	117	0	39	32	0	1	-	3:1
69	cataac4	105	0	51	32	4.92	1	**	3:1
70	cataac5	57	0	99	32	11.08	1	*****	1:3
71	cataac6	63	0	93	32	19.69	1	*****	1:3
72	cataac7	121	0	35	32	0.55	1	-	3:1
73	cataac8	135	0	21	32	11.08	1	*****	3:1
74	cataac9	58	0	98	32	12.34	1	*****	1:3
75	cataac10	24	0	132	32	7.69	1	***	1:3
76	cataac11	78	0	78	32	52	1	*****	1:3
77	cataac12	102	0	54	32	7.69	1	***	3:1
78	cataac13	27	0	129	32	4.92	1	**	1:3
79	catata1	90	0	66	32	24.92	1	*****	3:1
80	catata2	51	0	105	32	4.92	1	**	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
81	catata3	36	0	120	32	0.31	1	-	1:3
82	catata4	116	0	40	32	0.03	1	-	3:1
83	catata5	94	0	62	32	18.09	1	*****	3:1
84	catata6	54	0	102	32	7.69	1	***	1:3
85	catata7	40	0	116	32	0.03	1	-	1:3
86	catata8	8	0	148	32	32.85	1	*****	1:3
87	catata9	127	0	29	32	3.42	1	*	3:1
88	catata10	35	0	121	32	0.55	1	-	1:3
89	catata11	38	0	118	32	0.03	1	-	1:3
90	catata12	31	0	125	32	2.19	1	-	1:3
91	catata13	26	0	130	32	5.78	1	**	1:3
92	catata14	34	0	122	32	0.85	1	-	1:3
93	catata15	13	0	143	32	23.11	1	*****	1:3
94	catata16	31	0	125	32	2.19	1	-	1:3
95	catata17	20	0	136	32	12.34	1	*****	1:3
96	catata18	47	0	109	32	2.19	1	-	1:3
97	cataat1	113	0	43	32	0.55	1	-	3:1
98	cataat2	39	0	117	32	0	1	-	1:3
99	cataat3	90	0	66	32	88.92	1	*****	1:3
100	cataat4	34	0	122	32	0.85	1	-	1:3
101	cataat5	22	0	134	32	9.88	1	****	1:3
102	cataat6	11	0	145	32	26.8	1	*****	1:3
103	cataat7	30	0	126	32	2.77	1	*	1:3
104	cataat8	14	0	142	32	21.37	1	*****	1:3
105	cataat9	15	0	141	32	19.69	1	*****	1:3
106	cataat10	37	0	119	32	0.14	1	-	1:3
107	cataat11	15	0	141	32	19.69	1	*****	1:3
108	cataat12	23	0	133	32	8.75	1	****	1:3
109	cataat13	131	0	25	32	6.7	1	***	3:1
110	cataat14	39	0	117	32	0	1	-	1:3
111	cataga1	100	0	86	2	82.07	1	*****	1:3
112	cataga2	16	0	170	2	26.67	1	*****	1:3
113	cataga3	92	0	94	2	59.36	1	*****	1:3
114	cataga4	42	0	144	2	0.58	1	-	1:3
115	cataga5	44	0	142	2	0.18	1	-	1:3
116	cataga6	54	0	132	2	1.61	1	-	1:3
117	cataga7	5	0	181	2	49.38	1	*****	1:3
118	cataga8	20	0	166	2	20.14	1	*****	1:3
119	cataga9	13	0	173	2	32.18	1	*****	1:3
120	cataga10	116	0	70	2	15.84	1	*****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
121	cataga11	48	0	138	2	0.06	1	-	1:3
122	cataga12	59	0	127	2	4.48	1	**	1:3
123	cataga13	123	0	63	2	7.81	1	***	3:1
124	cataga14	41	0	145	2	0.87	1	-	1:3
125	catagt1	74	0	112	2	21.68	1	*****	1:3
126	catagt2	100	0	86	2	82.07	1	*****	1:3
127	catagt3	57	0	129	2	3.16	1	*	1:3
128	catagt4	54	0	132	2	1.61	1	-	1:3
129	catagt5	63	0	123	2	7.81	1	***	1:3
130	catagt6	38	0	148	2	2.07	1	-	1:3
131	catagt7	24	0	162	2	14.52	1	*****	1:3
132	catagt8	147	0	39	2	1.61	1	-	3:1
133	catagt9	137	0	49	2	0.18	1	-	3:1
134	catagt10	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
135	catagt11	136	0	50	2	0.35	1	-	3:1
136	catagt12	154	0	32	2	6.03	1	**	3:1
137	catagt13	81	0	105	2	34.13	1	*****	1:3
138	catagt14	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
139	catact1	11	0	175	2	36.14	1	*****	1:3
140	catact2	161	0	25	2	13.25	1	*****	3:1
141	catact3	159	0	27	2	10.9	1	*****	3:1
142	catact4	51	0	135	2	0.58	1	-	1:3
143	catact5	118	0	68	2	13.25	1	*****	3:1
144	catact6	45	0	141	2	0.06	1	-	1:3
145	catact7	43	0	143	2	0.35	1	-	1:3
146	catact8	28	0	158	2	9.81	1	****	1:3
147	catact9	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
148	catact10	87	0	99	2	47.03	1	*****	1:3
149	cataca1	119	0	67	2	12.05	1	*****	3:1
150	cataca2	149	0	37	2	2.59	1	-	3:1
151	cataca3	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
152	cataca4	116	0	70	2	15.84	1	*****	3:1
153	cataca5	48	0	138	2	0.06	1	-	1:3
154	cataca6	54	0	132	2	1.61	1	-	1:3
155	cataca7	61	0	125	2	6.03	1	**	1:3
156	cataca8	172	0	14	2	30.29	1	*****	3:1
157	cataca9	41	0	145	2	0.87	1	-	1:3
158	cataca10	53	0	133	2	1.21	1	-	1:3
159	cataca11	73	0	113	2	20.14	1	*****	1:3
160	cataca12	25	0	161	2	13.25	1	*****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
161	cataca13	38	0	148	2	2.07	1	-	1:3
162	cataca14	86	0	100	2	44.74	1	*****	1:3
163	cataca15	37	0	149	2	2.59	1	-	1:3
164	cataca16	120	0	66	2	10.9	1	*****	3:1
165	cataca17	165	0	21	2	402.65	1	*****	1:3
166	cataca18	24	0	162	2	14.52	1	*****	1:3
167	cctaag1	37	0	145	6	2.12	1	-	1:3
168	cctaag2	61	0	121	6	7.04	1	***	1:3
169	cctaag3	75	0	107	6	25.5	1	*****	1:3
170	cctaag4	51	0	131	6	0.89	1	-	1:3
171	cctaag5	109	0	73	6	22.16	1	*****	3:1
172	cctaag6	119	0	63	6	8.97	1	****	3:1
173	cctaag7	27	0	155	6	10.03	1	****	1:3
174	cctaag8	28	0	154	6	8.97	1	****	1:3
175	cctaca1	151	0	34	3	4.33	1	**	3:1
176	cctaca2	31	0	154	3	6.7	1	***	1:3
177	cctaca3	69	0	116	3	14.92	1	*****	1:3
178	cctaca4	41	0	144	3	0.79	1	-	1:3
179	cctaca5	140	0	45	3	0.05	1	-	3:1
180	cctaca6	28	0	157	3	9.6	1	****	1:3
181	cctaca7	77	0	108	3	27.26	1	*****	1:3
182	cctaca8	161	0	24	3	14.27	1	*****	3:1
183	cctaca9	53	0	132	3	1.31	1	-	1:3
184	cctaca10	59	0	126	3	4.69	1	**	1:3
185	cctaac1	33	0	149	6	4.58	1	**	1:3
186	cctaac2	46	0	136	6	0.01	1	-	1:3
187	cctaac3	6	0	176	6	45.72	1	*****	1:3
188	cctaac4	91	0	91	6	60.67	1	*****	1:3
189	cctact1	83	0	102	3	38.94	1	*****	1:3
190	cctact2	25	0	160	3	13.02	1	*****	1:3
191	cctact3	27	0	158	3	10.68	1	****	1:3
192	cctact4	159	0	26	3	11.82	1	*****	3:1
193	cctact5	91	0	94	3	57.73	1	*****	1:3
194	cctact6	56	0	129	3	2.74	1	*	1:3
195	cctact7	136	0	49	3	0.22	1	-	3:1
196	cctact8	47	0	138	3	0.02	1	-	1:3
197	cctact9	132	0	53	3	1.31	1	-	3:1
198	cctact10	52	0	133	3	0.95	1	-	1:3
199	cctagt1	160	0	25	3	13.02	1	*****	3:1
200	cctagt2	41	0	144	3	0.79	1	-	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
201	cctagt3	63	0	122	3	8.09	1	****	1:3
202	cctagt4	40	0	145	3	1.13	1	-	1:3
203	cctagt5	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
204	cctagt6	20	0	165	3	19.86	1	*****	1:3
205	cctagt7	39	0	146	3	1.52	1	-	1:3
206	cctata1	26	0	156	6	11.14	1	*****	1:3
207	cctata2	30	0	152	6	7.04	1	***	1:3
208	cctata3	36	0	146	6	2.64	1	-	1:3
209	cctata4	46	0	136	6	0.01	1	-	1:3
210	cctata5	16	0	166	6	25.5	1	*****	1:3
211	cctaga1	134	0	50	4	0.46	1	-	3:1
212	cctaga2	33	0	151	4	4.9	1	**	1:3
213	cctaga3	29	0	155	4	8.38	1	****	1:3
214	cctaga4	21	0	163	4	18.12	1	*****	1:3
215	cctaga5	161	0	23	4	15.33	1	*****	3:1
216	cctaga6	36	0	148	4	2.9	1	*	1:3
217	cctaga7	174	0	10	4	37.57	1	*****	3:1
218	cctaga8	28	0	156	4	9.39	1	****	1:3
219	cctaata1	26	0	156	6	11.14	1	*****	1:3
220	cctaata2	50	0	132	6	0.59	1	-	1:3
221	cctaata3	175	0	7	6	43.44	1	*****	3:1
222	cctaata4	59	0	123	6	5.34	1	**	1:3
223	cctaata5	43	0	139	6	0.18	1	-	1:3
224	cctaata6	11	0	171	6	34.88	1	*****	1:3
225	cctaata7	46	0	136	6	0.01	1	-	1:3
226	cctaata8	47	0	135	6	0.07	1	-	1:3
227	cctaata9	32	0	150	6	5.34	1	**	1:3
228	cctaata10	19	0	163	6	20.58	1	*****	1:3
229	cgaaat1	87	0	95	6	50.47	1	*****	1:3
230	cgaaat2	29	0	153	6	7.98	1	****	1:3
231	cgaaat3	66	0	116	6	12.32	1	*****	1:3
232	cgaaat4	34	0	148	6	3.88	1	**	1:3
233	cgaaat5	151	0	31	6	6.16	1	**	3:1
234	cgaaat6	14	0	168	6	29.08	1	*****	1:3
235	cgaaat7	14	0	168	6	29.08	1	*****	1:3
236	cgaata1	56	0	125	7	3.41	1	*	1:3
237	cgaata2	33	0	148	7	4.42	1	**	1:3
238	cgaata3	57	0	124	7	4.07	1	**	1:3
239	cgaata4	29	0	152	7	7.78	1	***	1:3
240	cgaata5	45	0	136	7	0	1	-	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
241	cgaata6	136	0	45	7	0	1	-	3:1
242	cgaata7	36	0	145	7	2.52	1	-	1:3
243	cgaaac1	105	0	77	6	29.08	1	*****	3:1
244	cgaaac2	88	0	94	6	52.93	1	*****	1:3
245	cgaaac3	29	0	153	6	7.98	1	****	1:3
246	cgaaac4	47	0	135	6	0.07	1	-	1:3
247	cgaaac5	123	0	59	6	5.34	1	**	3:1
248	cgaaac6	121	0	61	6	7.04	1	***	3:1
249	cgaaac7	155	0	27	6	10.03	1	****	3:1
250	cgaaac8	143	0	39	6	1.24	1	-	3:1
251	cgaaac9	110	0	72	6	20.58	1	*****	3:1
252	cgaaac10	51	0	131	6	0.89	1	-	1:3
253	cgaaac11	165	0	17	6	23.8	1	*****	3:1
254	cgaaac12	161	0	21	6	17.59	1	*****	3:1
255	cgaaac13	152	0	30	6	7.04	1	***	3:1
256	cgaaac14	67	0	115	6	13.55	1	*****	1:3
257	cgaaac15	146	0	36	6	2.64	1	-	3:1
258	cgaaac16	162	0	20	6	19.05	1	*****	3:1
259	cgaaac17	141	0	41	6	0.59	1	-	3:1
260	cgaaac18	115	0	67	6	13.55	1	*****	3:1
261	cgaaac19	113	0	69	6	16.18	1	*****	3:1
262	cgaaac20	34	0	148	6	3.88	1	**	1:3
263	cgaaag1	51	0	131	6	0.89	1	-	1:3
264	cgaaag2	43	0	139	6	0.18	1	-	1:3
265	cgaaag3	20	0	162	6	19.05	1	*****	1:3
266	cgaaag4	13	0	169	6	30.95	1	*****	1:3
267	cgaaag5	18	0	164	6	22.16	1	*****	1:3
268	cgaaag6	42	0	140	6	0.36	1	-	1:3
269	cgaaag7	39	0	143	6	1.24	1	-	1:3
270	cgaaag8	141	0	41	6	0.59	1	-	3:1
271	cgaaag9	118	0	64	6	10.03	1	****	3:1
272	cgaaag10	148	0	34	6	3.88	1	**	3:1
273	cgaaag11	125	0	57	6	3.88	1	**	3:1
274	cgaaag12	156	0	26	6	11.14	1	*****	3:1
275	cgaaag13	84	0	98	6	43.44	1	*****	1:3
276	cgaaca1	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
277	cgaaca2	38	0	147	3	1.96	1	-	1:3
278	cgaaca3	59	0	126	3	4.69	1	**	1:3
279	cgaaca4	92	0	93	3	60.34	1	*****	1:3
280	cgaaca5	35	0	150	3	3.65	1	*	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
281	cgaaca6	48	0	137	3	0.09	1	-	1:3
282	cgaaca7	132	0	53	3	1.31	1	-	3:1
283	cgaaca8	48	0	137	3	0.09	1	-	1:3
284	cgaaca9	53	0	132	3	1.31	1	-	1:3
285	cgaaca10	45	0	140	3	0.05	1	-	1:3
286	cgaaca11	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
287	cgaaca12	48	0	137	3	0.09	1	-	1:3
288	cgaaca13	35	0	150	3	3.65	1	*	1:3
289	cgaact1	89	0	96	3	52.69	1	*****	1:3
290	cgaact2	97	0	88	3	74.25	1	*****	1:3
291	cgaact3	53	0	132	3	1.31	1	-	1:3
292	cgaact4	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
293	cgaact5	29	0	156	3	8.58	1	****	1:3
294	cgaact6	41	0	144	3	0.79	1	-	1:3
295	cgaact7	23	0	162	3	15.58	1	*****	1:3
296	cgaact8	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
297	cgaact9	28	0	157	3	9.6	1	****	1:3
298	cgaact10	44	0	141	3	0.15	1	-	1:3
299	cgaact11	138	0	47	3	0.02	1	-	3:1
300	cgaact12	27	0	158	3	10.68	1	****	1:3
301	cgaact13	140	0	45	3	0.05	1	-	3:1
302	cgaagt1	142	0	43	3	0.3	1	-	3:1
303	cgaagt2	90	0	95	3	55.18	1	*****	1:3
304	cgaagt3	56	0	129	3	2.74	1	*	1:3
305	cgaagt4	25	0	160	3	13.02	1	*****	1:3
306	cgaagt5	35	0	150	3	3.65	1	*	1:3
307	cgaagt6	27	0	158	3	10.68	1	****	1:3
308	cgaagt7	26	0	159	3	11.82	1	*****	1:3
309	cgaagt8	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
310	cgaaga1	118	0	66	4	11.59	1	*****	3:1
311	cgaaga2	125	0	59	4	4.9	1	**	3:1
312	cgaaga3	38	0	146	4	1.86	1	-	1:3
313	cgaaga4	34	0	150	4	4.17	1	**	1:3
314	cgaaga5	84	0	100	4	41.86	1	*****	1:3
315	cgaaga6	90	0	94	4	56.12	1	*****	1:3
316	cgaaga7	63	0	121	4	8.38	1	****	1:3
317	cgaaga8	27	0	157	4	10.46	1	****	1:3
318	ctcaat1	48	0	138	2	0.06	1	-	1:3
319	ctcaat2	134	0	52	2	0.87	1	-	3:1
320	ctcaat3	156	0	30	2	7.81	1	***	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
321	ctcaat4	107	0	79	2	30.29	1	*****	3:1
322	ctcaat5	148	0	38	2	2.07	1	-	3:1
323	ctcaat6	29	0	157	2	8.78	1	****	1:3
324	ctcaat7	122	0	64	2	8.78	1	****	3:1
325	ctcaat8	41	0	145	2	0.87	1	-	1:3
326	ctcaat9	139	0	47	2	0.01	1	-	3:1
327	cgtaga1	29	0	157	2	8.78	1	****	1:3
328	cgtaga2	46	0	140	2	0.01	1	-	1:3
329	cgtaga3	27	0	159	2	10.9	1	*****	1:3
330	cgtaga4	95	0	91	2	67.45	1	*****	1:3
331	cgtagt1	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
332	cgtagt2	24	0	162	2	14.52	1	*****	1:3
333	cgtagt3	34	0	152	2	4.48	1	**	1:3
334	cgtagt4	139	0	47	2	0.01	1	-	3:1
335	cgtagt5	63	0	123	2	7.81	1	***	1:3
336	cgtagt6	137	0	49	2	0.18	1	-	3:1
337	cgtagt7	39	0	147	2	1.61	1	-	1:3
338	cgtagt8	145	0	41	2	0.87	1	-	3:1
339	cgtagt9	69	0	117	2	14.52	1	*****	1:3
340	cgtagt10	69	0	117	2	14.52	1	*****	1:3
341	cgtagt11	37	0	149	2	2.59	1	-	1:3
342	ctcata1	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
343	ctcata2	14	0	172	2	30.29	1	*****	1:3
344	ctcata3	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
345	ctcata4	136	0	50	2	0.35	1	-	3:1
346	ctcata5	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
347	ctcata6	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
348	ctcata7	14	0	172	2	30.29	1	*****	1:3
349	ctcata8	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
350	ctcata9	136	0	50	2	0.35	1	-	3:1
351	cgtact1	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
352	cgtact2	68	0	118	2	13.25	1	*****	1:3
353	cgtact3	50	0	136	2	0.35	1	-	1:3
354	cgtact4	22	0	164	2	17.21	1	*****	1:3
355	cgtact5	99	0	87	2	79.03	1	*****	1:3
356	cgtact6	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
357	cgtact7	57	0	129	2	3.16	1	*	1:3
358	cgtact8	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
359	cgtact9	141	0	45	2	0.06	1	-	3:1
360	cgtact10	90	0	96	2	54.26	1	*****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
361	cgtact11	76	0	110	2	24.95	1	*****	1:3
362	cgtact12	74	0	112	2	21.68	1	*****	1:3
363	cgtact13	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
364	cgtact14	99	0	87	2	79.03	1	*****	1:3
365	cgtact15	33	0	153	2	5.23	1	**	1:3
366	cgtact16	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
367	cgtact17	65	0	121	2	9.81	1	****	1:3
368	cgtact18	42	0	144	2	0.58	1	-	1:3
369	cgtact19	9	0	177	2	40.32	1	*****	1:3
370	cgtact20	24	0	162	2	14.52	1	*****	1:3
371	cgtact21	37	0	149	2	2.59	1	-	1:3
372	cgtact22	22	0	164	2	17.21	1	*****	1:3
373	cgtact23	40	0	146	2	1.21	1	-	1:3
374	ctcaac1	42	0	144	2	0.58	1	-	1:3
375	ctcaac2	95	0	91	2	67.45	1	*****	1:3
376	ctcaac3	143	0	43	2	0.35	1	-	3:1
377	ctcaac4	70	0	116	2	15.84	1	*****	1:3
378	ctcaac5	101	0	85	2	42.5	1	*****	3:1
379	ctcaac6	86	0	100	2	44.74	1	*****	1:3
380	ctcaac7	140	0	46	2	0.01	1	-	3:1
381	ctcaac8	130	0	56	2	2.59	1	-	3:1
382	ctcaac9	131	0	55	2	2.07	1	-	3:1
383	ctcaac10	87	0	99	2	47.03	1	*****	1:3
384	ctcaac11	50	0	136	2	0.35	1	-	1:3
385	ctcaac12	134	0	52	2	0.87	1	-	3:1
386	ctcaac13	83	0	103	2	38.2	1	*****	1:3
387	ctcaac14	93	0	93	2	62	1	*****	1:3
388	ctcaac15	22	0	164	2	17.21	1	*****	1:3
389	ctcaac16	157	0	29	2	8.78	1	****	3:1
390	cgtaca1	102	0	84	2	40.32	1	*****	3:1
391	cgtaca2	99	0	87	2	47.03	1	*****	3:1
392	cgtaca3	76	0	110	2	24.95	1	*****	1:3
393	cgtaca4	17	0	169	2	24.95	1	*****	1:3
394	cgtaca5	126	0	60	2	5.23	1	**	3:1
395	cgtaca6	63	0	123	2	7.81	1	***	1:3
396	cgtaca7	45	0	141	2	0.06	1	-	1:3
397	cgtaca8	104	0	82	2	36.14	1	*****	3:1
398	cgtaca9	81	0	105	2	34.13	1	*****	1:3
399	cgtaca10	29	0	157	2	8.78	1	****	1:3
400	ctcaag1	119	0	67	2	12.05	1	*****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
401	ctcaag2	78	0	108	2	28.45	1	*****	1:3
402	ctcaag3	143	0	43	2	0.35	1	-	3:1
403	ctcaag4	31	0	155	2	6.89	1	***	1:3
404	ctcaag5	26	0	160	2	12.05	1	*****	1:3
405	ctcaag6	75	0	111	2	23.29	1	*****	1:3
406	ctcaag7	70	0	116	2	15.84	1	*****	1:3
407	ctcaag8	54	0	132	2	1.61	1	-	1:3
408	ctcaag9	139	0	47	2	0.01	1	-	3:1
409	ctcaag10	21	0	165	2	18.65	1	*****	1:3
410	ctcaag11	147	0	39	2	1.61	1	-	3:1
411	ctcaag12	139	0	47	2	0.01	1	-	3:1
412	ctcaag13	123	0	63	2	7.81	1	***	3:1
413	ctcaag14	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
414	ctcaag15	151	0	35	2	3.79	1	*	3:1
415	ctcaag16	45	0	141	2	0.06	1	-	1:3
416	ctcaag17	141	0	45	2	0.06	1	-	3:1
417	ctcaag18	33	0	153	2	5.23	1	**	1:3
418	ctcaag19	141	0	45	2	0.06	1	-	3:1
419	ctcaag20	22	0	164	2	17.21	1	*****	1:3
420	cgtaag1	79	0	106	3	30.92	1	*****	1:3
421	cgtaag2	143	0	42	3	0.52	1	-	3:1
422	cgtaag3	20	0	165	3	19.86	1	*****	1:3
423	cgtaag4	149	0	36	3	3.03	1	*	3:1
424	cgtaag5	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
425	cgtaag6	49	0	136	3	0.22	1	-	1:3
426	cgtaag7	155	0	30	3	7.61	1	***	3:1
427	cgtaag8	128	0	57	3	3.33	1	*	3:1
428	cgtaag9	37	0	148	3	2.47	1	-	1:3
429	cgtaag10	157	0	28	3	9.6	1	****	3:1
430	cgtaag11	159	0	26	3	11.82	1	*****	3:1
431	cgtaag12	64	0	121	3	9.08	1	****	1:3
432	cgtaag13	30	0	155	3	7.61	1	***	1:3
433	cgtaac1	89	0	96	3	52.69	1	*****	1:3
434	cgtaac2	170	0	15	3	28.15	1	*****	3:1
435	cgtaac3	133	0	52	3	0.95	1	-	3:1
436	cgtaac4	46	0	139	3	0	1	-	1:3
437	cgtaac5	48	0	137	3	0.09	1	-	1:3
438	cgtaac6	36	0	149	3	3.03	1	*	1:3
439	cgtaac7	58	0	127	3	3.98	1	**	1:3
440	cgtaac8	163	0	22	3	392.95	1	*****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
441	cgtaac9	102	0	83	3	89.6	1	*****	1:3
442	cgtaac10	155	0	30	3	7.61	1	***	3:1
443	cgtata1	76	0	109	3	25.52	1	*****	1:3
444	cgtata2	142	0	43	3	0.3	1	-	3:1
445	cgtata3	69	0	116	3	14.92	1	*****	1:3
446	cgtata4	139	0	46	3	0	1	-	3:1
447	cgtata5	91	0	94	3	57.73	1	*****	1:3
448	cgtata6	49	0	136	3	0.22	1	-	1:3
449	cgtata7	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
450	cgtaat1	42	0	143	3	0.52	1	-	1:3
451	cgtaat2	43	0	142	3	0.3	1	-	1:3
452	cgtaat3	18	0	167	3	23.01	1	*****	1:3
453	cgtaat4	120	0	65	3	10.14	1	****	3:1
454	cgtaat5	134	0	51	3	0.65	1	-	3:1
455	cgtaat6	25	0	160	3	13.02	1	*****	1:3
456	cgtaat7	59	0	126	3	4.69	1	**	1:3
457	cgtaat8	31	0	154	3	6.7	1	***	1:3
458	cgtaat9	102	0	83	3	38.94	1	*****	3:1
459	cgtaat10	29	0	156	3	8.58	1	****	1:3
460	cgtaat11	88	0	97	3	50.25	1	*****	1:3
461	cgtaat12	100	0	85	3	43.29	1	*****	3:1
462	cgtaat13	100	0	85	3	43.29	1	*****	3:1
463	cgtaat14	44	0	141	3	0.15	1	-	1:3
464	ctaaat1	71	0	115	2	17.21	1	*****	1:3
465	ctaaat2	135	0	51	2	0.58	1	-	3:1
466	ctaaat3	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
467	ctaaat4	29	0	157	2	8.78	1	****	1:3
468	ctaaat5	55	0	131	2	2.07	1	-	1:3
469	ctaaat6	20	0	166	2	20.14	1	*****	1:3
470	ctaaat7	8	0	178	2	42.5	1	*****	1:3
471	ctaaat8	51	0	135	2	0.58	1	-	1:3
472	ctaata1	33	0	152	3	5.06	1	**	1:3
473	ctaata2	41	0	144	3	0.79	1	-	1:3
474	ctaata3	34	0	151	3	4.33	1	**	1:3
475	ctaata4	33	0	152	3	5.06	1	**	1:3
476	ctaata5	17	0	168	3	24.66	1	*****	1:3
477	ctaata6	118	0	67	3	12.41	1	*****	3:1
478	ctaata7	33	0	152	3	5.06	1	**	1:3
479	ctaata8	13	0	172	3	31.87	1	*****	1:3
480	ctaata9	8	0	177	3	42.18	1	*****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
481	ctaata10	12	0	173	3	33.82	1	*****	1:3
482	ctaaac1	56	0	130	2	2.59	1	-	1:3
483	ctaaac2	43	0	143	2	0.35	1	-	1:3
484	ctaaac3	78	0	108	2	28.45	1	*****	1:3
485	ctaaac4	32	0	154	2	6.03	1	**	1:3
486	ctaaac5	42	0	144	2	0.58	1	-	1:3
487	ctaaac6	34	0	152	2	4.48	1	**	1:3
488	ctaaac7	67	0	119	2	12.05	1	*****	1:3
489	ctaaac8	139	0	47	2	0.01	1	-	3:1
490	ctaaac9	158	0	28	2	9.81	1	****	3:1
491	ctaaac10	70	0	116	2	15.84	1	*****	1:3
492	ctaaac11	138	0	48	2	0.06	1	-	3:1
493	ctaaac12	41	0	145	2	0.87	1	-	1:3
494	ctaaag1	41	0	145	2	0.87	1	-	1:3
495	ctaaag2	86	0	100	2	44.74	1	*****	1:3
496	ctaaag3	50	0	136	2	0.35	1	-	1:3
497	ctaaag4	42	0	144	2	0.58	1	-	1:3
498	ctaaag5	89	0	97	2	51.79	1	*****	1:3
499	ctaaag6	155	0	31	2	6.89	1	***	3:1
500	ctaaag7	135	0	51	2	0.58	1	-	3:1
501	ctaaag8	26	0	160	2	12.05	1	*****	1:3
502	ctaaag9	145	0	41	2	0.87	1	-	3:1
503	ctaaag10	145	0	41	2	0.87	1	-	3:1
504	ctaaag11	18	0	168	2	23.29	1	*****	1:3
505	ctaaca1	21	0	159	8	17.07	1	*****	1:3
506	ctaaca2	36	0	144	8	2.4	1	-	1:3
507	ctaaca3	41	0	139	8	0.47	1	-	1:3
508	ctaaca4	8	0	172	8	40.56	1	*****	1:3
509	ctaaca5	50	0	130	8	0.74	1	-	1:3
510	ctaaca6	173	0	7	8	42.79	1	*****	3:1
511	ctaaca7	10	0	170	8	36.3	1	*****	1:3
512	ctaaca8	119	0	61	8	7.59	1	***	3:1
513	ctaaca9	27	0	153	8	9.6	1	****	1:3
514	ctaaca10	8	0	172	8	40.56	1	*****	1:3
515	ctaaca11	22	0	158	8	15.67	1	*****	1:3
516	ctaaca12	38	0	142	8	1.45	1	-	1:3
517	ctaaca13	146	0	34	8	3.59	1	*	3:1
518	ctaaca14	13	0	167	8	30.34	1	*****	1:3
519	ctaaca15	167	0	13	8	30.34	1	*****	3:1
520	ctaact1	148	0	32	8	5.01	1	**	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
521	ctaact2	20	0	160	8	18.52	1	*****	1:3
522	ctaact3	53	0	127	8	1.9	1	-	1:3
523	ctaact4	35	0	145	8	2.96	1	*	1:3
524	ctaact5	143	0	37	8	1.9	1	-	3:1
525	ctaact6	146	0	34	8	3.59	1	*	3:1
526	ctaact7	126	0	54	8	2.4	1	-	3:1
527	ctaact8	13	0	167	8	30.34	1	*****	1:3
528	ctaact9	136	0	44	8	0.03	1	-	3:1
529	ctaact10	22	0	158	8	15.67	1	*****	1:3
530	ctaact11	66	0	114	8	13.07	1	*****	1:3
531	ctaact12	49	0	131	8	0.47	1	-	1:3
532	ctaact13	41	0	139	8	0.47	1	-	1:3
533	ctaact14	165	0	15	8	426.67	1	*****	1:3
534	ctaagt1	31	0	149	8	5.81	1	**	1:3
535	ctaagt2	44	0	136	8	0.03	1	-	1:3
536	ctaagt3	29	0	151	8	7.59	1	***	1:3
537	ctaaga1	150	0	29	9	7.39	1	***	3:1
538	ctaaga2	33	0	146	9	4.11	1	**	1:3
539	ctaaga3	32	0	147	9	4.84	1	**	1:3
540	ctaaga4	93	0	86	9	69.36	1	*****	1:3
541	ctaaga5	43	0	136	9	0.09	1	-	1:3
542	ctaaga6	47	0	132	9	0.15	1	-	1:3
543	ctaaga7	91	0	88	9	63.73	1	*****	1:3
544	ctaaga8	22	0	157	9	15.42	1	*****	1:3
545	ctaaga9	34	0	145	9	3.44	1	*	1:3
546	ctaaga10	18	0	161	9	21.32	1	*****	1:3
547	ctaaga11	144	0	35	9	2.83	1	*	3:1
548	ctcaga1	18	0	167	3	23.01	1	*****	1:3
549	ctcaga2	36	0	149	3	3.03	1	*	1:3
550	ctcaga3	124	0	61	3	6.27	1	**	3:1
551	ctcaga4	9	0	176	3	40	1	*****	1:3
552	ctcaga5	57	0	128	3	3.33	1	*	1:3
553	ctcaga6	17	0	168	3	24.66	1	*****	1:3
554	ctcaga7	57	0	128	3	3.33	1	*	1:3
555	ctcaga8	33	0	152	3	5.06	1	**	1:3
556	ctcaga9	49	0	136	3	0.22	1	-	1:3
557	ctcaga10	62	0	123	3	7.15	1	***	1:3
558	ctcaga11	58	0	127	3	3.98	1	**	1:3
559	ctcaga12	54	0	131	3	1.73	1	-	1:3
560	ctcaga13	58	0	127	3	3.98	1	**	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
561	ctcagt1	33	0	152	3	5.06	1	**	1:3
562	ctcagt2	26	0	159	3	11.82	1	*****	1:3
563	ctcagt3	85	0	100	3	43.29	1	*****	1:3
564	ctcagt4	50	0	135	3	0.41	1	-	1:3
565	ctcagt5	43	0	142	3	0.3	1	-	1:3
566	ctcagt6	34	0	151	3	4.33	1	**	1:3
567	ctcagt7	43	0	142	3	0.3	1	-	1:3
568	ctcagt8	30	0	155	3	7.61	1	***	1:3
569	ctcagt9	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
570	ctcagt10	59	0	126	3	4.69	1	**	1:3
571	ctcagt11	105	0	80	3	32.84	1	*****	3:1
572	ctcagt12	31	0	154	3	6.7	1	***	1:3
573	ctcagt13	62	0	123	3	7.15	1	***	1:3
574	ctcagt14	38	0	147	3	1.96	1	-	1:3
575	ctcagt15	41	0	144	3	0.79	1	-	1:3
576	ctcact1	15	0	170	3	28.15	1	*****	1:3
577	ctcact2	57	0	128	3	3.33	1	*	1:3
578	ctcact3	43	0	142	3	0.3	1	-	1:3
579	ctcact4	60	0	125	3	5.45	1	**	1:3
580	ctcact5	85	0	100	3	43.29	1	*****	1:3
581	ctcact6	81	0	104	3	34.81	1	*****	1:3
582	ctcact7	121	0	64	3	9.08	1	****	3:1
583	ctcact8	96	0	89	3	71.35	1	*****	1:3
584	ctcact9	64	0	121	3	9.08	1	****	1:3
585	ctcaca1	28	0	157	3	9.6	1	****	1:3
586	ctcaca2	45	0	140	3	0.05	1	-	1:3
587	ctcaca3	80	0	105	3	32.84	1	*****	1:3
588	ctcaca4	54	0	131	3	1.73	1	-	1:3
589	ctcaca5	138	0	47	3	0.02	1	-	3:1
590	ctcaca6	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
591	ctcaca7	109	0	76	3	25.52	1	*****	3:1
592	ctcaca8	47	0	138	3	0.02	1	-	1:3
593	ctcaca9	147	0	38	3	1.96	1	-	3:1
594	ctcaca10	40	0	145	3	1.13	1	-	1:3
595	ctcaca11	47	0	138	3	0.02	1	-	1:3
596	ctcaca12	149	0	36	3	3.03	1	*	3:1
597	ctcaca13	131	0	54	3	1.73	1	-	3:1
598	ctcaca14	118	0	67	3	12.41	1	*****	3:1
599	ctcaca15	134	0	51	3	0.65	1	-	3:1
600	ctgaag1	91	0	89	8	57.36	1	*****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
601	ctgaag2	101	0	79	8	34.25	1	*****	3:1
602	ctgaag3	97	0	83	8	42.79	1	*****	3:1
603	ctgaag4	91	0	89	8	57.36	1	*****	3:1
604	ctgaag5	11	0	169	8	34.25	1	*****	1:3
605	ctgaag6	139	0	41	8	0.47	1	-	3:1
606	ctgaag7	136	0	44	8	0.03	1	-	3:1
607	ctgaag8	147	0	33	8	4.27	1	**	3:1
608	ctgaag9	79	0	101	8	34.25	1	*****	1:3
609	ctgaag10	38	0	142	8	1.45	1	-	1:3
610	ctgaag11	127	0	53	8	1.9	1	-	3:1
611	ctgaag12	150	0	30	8	6.67	1	***	3:1
612	ctgaag13	98	0	82	8	40.56	1	*****	3:1
613	ctgaag14	145	0	35	8	2.96	1	*	3:1
614	ctgaag15	34	0	146	8	3.59	1	*	1:3
615	ctgaag16	101	0	79	8	92.92	1	*****	1:3
616	ctgaac1	76	0	104	8	28.47	1	*****	1:3
617	ctgaac2	35	0	145	8	2.96	1	*	1:3
618	ctgaac3	77	0	103	8	30.34	1	*****	1:3
619	ctgaac4	124	0	56	8	3.59	1	*	3:1
620	ctgaac5	105	0	75	8	26.67	1	*****	3:1
621	ctgaac6	20	0	160	8	18.52	1	*****	1:3
622	ctgaac7	24	0	156	8	13.07	1	*****	1:3
623	ctgaac8	27	0	153	8	9.6	1	****	1:3
624	ctgaac9	82	0	98	8	40.56	1	*****	1:3
625	ctgaac10	46	0	134	8	0.03	1	-	1:3
626	ctgaac11	83	0	97	8	42.79	1	*****	1:3
627	ctgaac12	121	0	59	8	5.81	1	**	3:1
628	ctgaac13	105	0	75	8	26.67	1	*****	3:1
629	ctgaac14	111	0	69	8	17.07	1	*****	3:1
630	ctgata1	139	0	41	8	0.47	1	-	3:1
631	ctgata2	67	0	113	8	14.34	1	*****	1:3
632	ctgata3	7	0	173	8	42.79	1	*****	1:3
633	ctgata4	28	0	152	8	8.56	1	****	1:3
634	ctgata5	20	0	160	8	18.52	1	*****	1:3
635	ctgata6	69	0	111	8	17.07	1	*****	1:3
636	ctgata7	10	0	170	8	36.3	1	*****	1:3
637	ctgata8	55	0	125	8	2.96	1	*	1:3
638	ctgata9	25	0	155	8	11.85	1	****	1:3
639	ctgata10	40	0	140	8	0.74	1	-	1:3
640	ctgata11	164	0	16	8	24.92	1	*****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
641	ctgaat1	39	0	141	8	1.07	1	-	1:3
642	ctgaat2	49	0	131	8	0.47	1	-	1:3
643	ctgaat3	13	0	167	8	30.34	1	*****	1:3
644	ctgaat4	29	0	151	8	7.59	1	***	1:3
645	ctgaat5	12	0	168	8	32.27	1	*****	1:3
646	ctgaat6	46	0	134	8	0.03	1	-	1:3
647	ctgaat7	20	0	160	8	18.52	1	*****	1:3
648	ctgaat8	49	0	131	8	0.47	1	-	1:3
649	ctgaat9	22	0	158	8	15.67	1	*****	1:3
650	ctgaat10	19	0	161	8	20.03	1	*****	1:3
651	ctgaga1	30	0	155	3	7.61	1	***	1:3
652	ctgaga2	15	0	170	3	28.15	1	*****	1:3
653	ctgaga3	78	0	107	3	29.06	1	*****	1:3
654	ctgaga4	49	0	136	3	0.22	1	-	1:3
655	ctgaga5	69	0	116	3	14.92	1	*****	1:3
656	ctgaga6	167	0	18	3	23.01	1	*****	3:1
657	ctgaga7	46	0	139	3	0	1	-	1:3
658	ctgaga8	145	0	40	3	1.13	1	-	3:1
659	ctgagt1	34	0	150	4	4.17	1	**	1:3
660	ctgagt2	109	0	75	4	24.38	1	*****	3:1
661	ctgagt3	113	0	71	4	18.12	1	*****	3:1
662	ctgagt4	159	0	25	4	12.78	1	*****	3:1
663	ctgagt5	137	0	47	4	0.03	1	-	3:1
664	ctgact1	152	0	33	3	5.06	1	**	3:1
665	ctgact2	83	0	102	3	38.94	1	*****	1:3
666	ctgact3	39	0	146	3	1.52	1	-	1:3
667	ctgact4	51	0	134	3	0.65	1	-	1:3
668	ctgact5	120	0	65	3	10.14	1	****	3:1
669	ctgact6	105	0	80	3	32.84	1	*****	3:1
670	ctgact7	52	0	133	3	0.95	1	-	1:3
671	ctgact8	123	0	62	3	7.15	1	***	3:1
672	ctgact9	64	0	121	3	9.08	1	****	1:3
673	ctgact10	49	0	136	3	0.22	1	-	1:3
674	ctgact11	60	0	125	3	5.45	1	**	1:3
675	ctgact12	57	0	128	3	3.33	1	*	1:3
676	ctgact13	25	0	160	3	13.02	1	*****	1:3
677	ctgact14	22	0	163	3	16.95	1	*****	1:3
678	ctgaca1	11	0	174	3	35.82	1	*****	1:3
679	ctgaca2	27	0	158	3	10.68	1	****	1:3
680	ctgaca3	28	0	157	3	9.6	1	****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
681	ctgaca4	73	0	112	3	20.63	1	*****	1:3
682	ctgaca5	44	0	141	3	0.15	1	-	1:3
683	ctgaca6	45	0	140	3	0.05	1	-	1:3
684	ctgaca7	152	0	33	3	5.06	1	**	3:1
685	ctgaca8	47	0	138	3	0.02	1	-	1:3
686	ctgaca9	85	0	100	3	43.29	1	*****	1:3
687	ctgaca10	47	0	138	3	0.02	1	-	1:3
688	ctctag1	110	0	69	9	126.85	1	*****	1:3
689	ctctag2	69	0	110	9	17.52	1	*****	1:3
690	ctctag3	109	0	70	9	19	1	*****	3:1
691	ctctag4	122	0	57	9	4.47	1	**	3:1
692	ctctag5	96	0	83	9	43.59	1	*****	3:1
693	ctctag6	100	0	79	9	34.95	1	*****	3:1
694	ctctag7	36	0	143	9	2.28	1	-	1:3
695	ctctag8	120	0	59	9	6.05	1	**	3:1
696	ctctag9	90	0	89	9	58.34	1	*****	3:1
697	ctctag10	107	0	72	9	22.12	1	*****	3:1
698	ctctag11	99	0	80	9	37.02	1	*****	3:1
699	ctctag12	62	0	117	9	8.87	1	****	1:3
700	ctctag13	104	0	75	9	104.6	1	*****	1:3
701	ctctag14	162	0	17	9	409.61	1	*****	1:3
702	ctctag15	137	0	42	9	0.23	1	-	3:1
703	ctctag16	103	0	76	9	29.1	1	*****	3:1
704	ctctag17	100	0	79	9	34.95	1	*****	3:1
705	cattct1	148	0	31	9	5.63	1	**	3:1
706	cattct2	32	0	147	9	4.84	1	**	1:3
707	cattct3	103	0	76	9	29.1	1	*****	3:1
708	cattct4	37	0	142	9	1.79	1	-	1:3
709	cattct5	118	0	61	9	7.87	1	***	3:1
710	cattct6	125	0	54	9	2.55	1	-	3:1
711	cattct7	15	0	164	9	26.37	1	*****	1:3
712	cattct8	148	0	31	9	5.63	1	**	3:1
713	cattct9	52	0	127	9	1.57	1	-	1:3
714	cattct10	39	0	140	9	0.99	1	-	1:3
715	cattct11	128	0	51	9	1.16	1	-	3:1
716	cattct12	90	0	89	9	61.01	1	*****	1:3
717	cattgt1	160	0	19	9	19.76	1	*****	3:1
718	cattgt2	21	0	158	9	16.81	1	*****	1:3
719	cattgt3	10	0	169	9	35.98	1	*****	1:3
720	cattgt4	154	0	25	9	11.62	1	****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
721	cattgt5	106	0	73	9	23.78	1	*****	3:1
722	cattgt6	27	0	152	9	9.39	1	****	1:3
723	cattgt7	34	0	145	9	3.44	1	*	1:3
724	cattgt8	139	0	40	9	0.67	1	-	3:1
725	cattgt9	133	0	46	9	0.05	1	-	3:1
726	ctctat1	57	0	122	9	4.47	1	**	1:3
727	ctctat2	101	0	78	9	32.94	1	*****	3:1
728	ctctat3	24	0	155	9	12.83	1	*****	1:3
729	ctctat4	130	0	49	9	0.54	1	-	3:1
730	ctctat5	77	0	102	9	30.99	1	*****	1:3
731	ctctat6	83	0	96	9	43.59	1	*****	1:3
732	ctctat7	105	0	74	9	25.49	1	*****	3:1
733	ctctat8	103	0	76	9	29.1	1	*****	3:1
734	ctctat9	107	0	72	9	22.12	1	*****	3:1
735	ctctat10	99	0	80	9	37.02	1	*****	3:1
736	ctctat11	99	0	80	9	37.02	1	*****	3:1
737	ctctat12	133	0	46	9	0.05	1	-	3:1
738	ctctat13	163	0	16	9	24.63	1	*****	3:1
739	ctctat14	155	0	24	9	12.83	1	*****	3:1
740	ctctat15	92	0	87	9	53.19	1	*****	3:1
741	ctctat16	131	0	48	9	0.31	1	-	3:1
742	ctctat17	128	0	51	9	1.16	1	-	3:1
743	ctctat18	137	0	42	9	0.23	1	-	3:1
744	ctctat19	92	0	87	9	53.19	1	*****	3:1
745	ctctat20	97	0	82	9	41.34	1	*****	3:1
746	ctctga1	70	0	116	2	15.84	1	*****	1:3
747	ctctga2	43	0	143	2	0.35	1	-	1:3
748	ctctga3	100	0	86	2	44.74	1	*****	3:1
749	ctctga4	114	0	72	2	18.65	1	*****	3:1
750	ctctga5	73	0	113	2	20.14	1	*****	1:3
751	ctctga6	148	0	38	2	2.07	1	-	3:1
752	ctctga7	22	0	164	2	17.21	1	*****	1:3
753	ctctga8	85	0	101	2	42.5	1	*****	1:3
754	ctctga9	74	0	112	2	21.68	1	*****	1:3
755	ctctga10	64	0	122	2	8.78	1	****	1:3
756	ctctga11	87	0	99	2	47.03	1	*****	1:3
757	cattta1	128	0	58	2	3.79	1	*	3:1
758	cattta2	100	0	86	2	44.74	1	*****	3:1
759	cattta3	148	0	38	2	2.07	1	-	3:1
760	cattta4	168	0	18	2	23.29	1	*****	3:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
761	cattta5	34	0	152	2	4.48	1	**	1:3
762	cattta6	59	0	127	2	4.48	1	**	1:3
763	cattta7	58	0	128	2	3.79	1	*	1:3
764	cattta8	27	0	159	2	10.9	1	*****	1:3
765	cattta9	146	0	40	2	1.21	1	-	3:1
766	cattta10	165	0	21	2	18.65	1	*****	3:1
767	cattta11	111	0	75	2	23.29	1	*****	3:1
768	cattta12	77	0	109	2	26.67	1	*****	1:3
769	cattta13	112	0	74	2	21.68	1	*****	3:1
770	cattta14	161	0	25	2	13.25	1	*****	3:1
771	cattta15	141	0	45	2	0.06	1	-	3:1
772	cattta16	19	0	167	2	21.68	1	*****	1:3
773	cattta17	124	0	62	2	6.89	1	***	3:1
774	cattta18	131	0	55	2	2.07	1	-	3:1
775	cattta19	107	0	79	2	30.29	1	*****	3:1
776	cattta20	146	0	40	2	1.21	1	-	3:1
777	cattta21	90	0	96	2	54.26	1	*****	1:3
778	cattta22	30	0	156	2	7.81	1	***	1:3
779	cattta23	77	0	109	2	26.67	1	*****	1:3
780	cattta24	30	0	156	2	7.81	1	***	1:3
781	cattta25	20	0	166	2	20.14	1	*****	1:3
782	cattta26	168	0	18	2	23.29	1	*****	3:1
783	cattta27	170	0	16	2	26.67	1	*****	3:1
784	cattta28	68	0	118	2	13.25	1	*****	1:3
785	cattta29	19	0	167	2	21.68	1	*****	1:3
786	cattta30	15	0	171	2	28.45	1	*****	1:3
787	cattta31	10	0	176	2	38.2	1	*****	1:3
788	cattta32	156	0	30	2	7.81	1	***	3:1
789	cattta33	166	0	20	2	20.14	1	*****	3:1
790	cattta34	168	0	18	2	23.29	1	*****	3:1
791	cattta35	169	0	17	2	24.95	1	*****	3:1
792	cattac1	131	0	55	2	2.07	1	-	3:1
793	cattac2	39	0	147	2	1.61	1	-	1:3
794	cattac3	102	0	84	2	40.32	1	*****	3:1
795	cattac4	130	0	56	2	2.59	1	-	3:1
796	cattac5	37	0	149	2	2.59	1	-	1:3
797	cattac6	135	0	51	2	0.58	1	-	3:1
798	cattac7	26	0	160	2	12.05	1	*****	1:3
799	cattac8	36	0	150	2	3.16	1	*	1:3
800	cattac9	37	0	149	2	2.59	1	-	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
801	cattac10	135	0	51	2	0.58	1	-	3:1
802	ctctca1	174	0	12	2	34.13	1	*****	3:1
803	ctctca2	23	0	163	2	15.84	1	*****	1:3
804	ctctca3	63	0	123	2	7.81	1	***	1:3
805	ctctca4	72	0	114	2	18.65	1	*****	1:3
806	ctctca5	163	0	23	2	15.84	1	*****	3:1
807	ctctca6	106	0	80	2	32.18	1	*****	3:1
808	ctctca7	131	0	55	2	2.07	1	-	3:1
809	ctctca8	77	0	109	2	26.67	1	*****	1:3
810	cattag1	87	0	82	19	63.2	1	*****	1:3
811	cattag2	21	0	148	19	14.25	1	*****	1:3
812	cattag3	50	0	119	19	1.9	1	-	1:3
813	cattag4	126	0	43	19	0.02	1	-	3:1
814	cattag5	120	0	49	19	1.44	1	-	3:1
815	cattag6	59	0	110	19	8.85	1	****	1:3
816	cattag7	40	0	129	19	0.16	1	-	1:3
817	cattag8	19	0	150	19	17.06	1	*****	1:3
818	cattag9	20	0	149	19	15.62	1	*****	1:3
819	cattag10	26	0	143	19	8.33	1	****	1:3
820	ctctct1	74	0	95	19	31.81	1	*****	1:3
821	ctctct2	107	0	62	19	12.31	1	*****	3:1
822	ctctct3	134	0	35	19	1.66	1	-	3:1
823	ctctct4	61	0	108	19	11.09	1	*****	1:3
824	ctctct5	32	0	137	19	3.32	1	*	1:3
825	ctctct6	145	0	24	19	10.51	1	****	3:1
826	ctctct7	33	0	136	19	2.7	1	-	1:3
827	ctctgt1	147	0	22	19	12.94	1	*****	3:1
828	ctctgt2	130	0	39	19	0.33	1	-	3:1
829	ctctgt3	112	0	57	19	6.87	1	***	3:1
830	ctctgt4	92	0	77	19	38.11	1	*****	3:1
831	ctctgt5	153	0	16	19	21.75	1	*****	3:1
832	ctctgt6	22	0	147	19	12.94	1	*****	1:3
833	ctctgt7	17	0	152	19	20.12	1	*****	1:3
834	ctctgt8	95	0	74	19	31.81	1	*****	3:1
835	ctctgt9	43	0	126	19	0.02	1	-	1:3
836	ctctgt10	19	0	150	19	17.06	1	*****	1:3
837	ctctgt11	24	0	145	19	10.51	1	****	1:3
838	cattat1	122	0	47	19	0.71	1	-	3:1
839	cattat2	64	0	105	19	14.93	1	*****	1:3
840	cattat3	7	0	162	19	39.21	1	*****	1:3

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 : Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

EK-2. Devamı

No	Markör	A	H	B	-	χ^2	SD	ÖD	MS
841	cattat4	32	0	137	19	3.32	1	*	1:3
842	cattat5	40	0	129	19	0.16	1	-	1:3
843	cattat6	107	0	62	19	12.31	1	*****	3:1
844	cattat7	15	0	154	19	23.43	1	*****	1:3
845	cattat8	128	0	41	19	0.05	1	-	3:1
846	cattat9	63	0	106	19	13.59	1	*****	1:3
847	cattat10	49	0	120	19	1.44	1	-	1:3
848	cattat11	92	0	77	19	38.11	1	*****	3:1
849	cattat12	55	0	114	19	5.13	1	**	1:3
850	cattat13	17	0	152	19	20.12	1	*****	1:3
851	cattat14	134	0	35	19	1.66	1	-	3:1
852	BNL1395	26	105	34	23	1.7	1	-	3:1
853	BNL1694	45	71	49	23	3.4	2	-	1:2:1
854	BNL3031	2	0	165	21	50.46	1	*****	1:3
855	BNL3255	41	85	38	24	0.33	2	-	1:2:1
856	BNL1317	42	85	39	22	0.2	2	-	1:2:1
857	BNL0852	26	0	126	36	5.05	1	**	1:3
858	BNL0946	47	82	35	24	1.76	2	-	1:2:1
859	BNL3140	18	118	35	17	19.11	1	*****	1:3
860	CIR81	53	0	106	29	5.89	1	**	1:3
861	NAU1125	49	81	35	23	2.43	2	-	1:2:1
862	NAU2251	2	0	164	22	50.13	1	*****	1:3
863	NAU2173	39	81	45	23	0.49	2	-	1:2:1
864	MEGHES16	109	0	25	54	2.88	1	*	3:1
865	MEGHES31	3	0	160	25	46.63	1	*****	1:3
866	JESPR65	32	83	42	31	1.79	2	-	1:2:1
867	JESPR153	47	75	44	22	1.65	2	-	1:2:1
868	JESPR114	46	83	30	29	3.53	2	-	1:2:1

A: Stn 453, B: PI 528429, H: Heterozigot, -: kayıp veri, χ^2 :Ki-kare, ÖD: Önem düzeyi (*: p=0.05, **:p=0.001, ***:P=0.0001), MS: Markör segregasyonu

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Adem BARDAK
Uyruğu : T.C.
Doğum tarihi ve yeri : 29.08.1981 Düziçi/OSMANİYE
Medeni hali : Evli
Telefon : 05412024680
Faks :
e-posta : adembardak@ksu.edu.tr

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Doktora	KSÜ / Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı	2012
Yüksek lisans	KSÜ / Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı	2007
Lisans	KSÜ/ Ziraat Fakültesi / Bitkisel Üretim	2004
Lise	Osmaniye Atatürk Lisesi	1999

Yabancı Dil

İngilizce

Yayınlar

SCI, SSCI, AHCI indekslerine giren dergilerde yayınlanan makaleler

Nas, M. N., Bolek, Y., **Bardak, A.** 2011. Genetic diversity and phylogenetic relationships of *Prunus microcarpa* C.A. Mey. subsp. *tortosa* analyzed by simple sequence repeats (SSRs). *Scientia Horticulturae* 127(3):220-227.

Bölek, Y., Çokkızgın, H., **Bardak, A.** 2010. Combining ability and heterosis for fiber quality traits in cotton. *Plant Breeding and Seed Science*. 62:3-16.

Diğer dergilerde yayınlanan makaleler

Fidan, M. S., Bölek, Y., Oğlakçı, M., **Bardak, A.** 2009. Pamukta *Gossypol*.KSÜ Doğa Bil. Derg. 12(1):93-101.

Hakemli konferans/sempozyumların bildiri kitaplarında yer alan yayınlar

Bölek, Y., **Bardak, A.** “Pamuk F₂ Populasyonunda Lif Kalite Özelliklerinin Fenotipik Dağılımı”, *Uluslar arası Katılımlı 1. Ulusal Ali Numan Kıraç Tarım Kongresi ve Fuarı*, s:356, 27-30 Nisan 2011, Eskişehir.

Bölek, Y., O. Erdoğan, **Bardak, A.** “Bazı Pamuk Genotiplerinin Solgunluk (*Verticillium dahliae* Kleb) Hastalığına Karşı Tepkilerinin Belirlenmesi”, *Türkiye IV. Bitki Koruma Kongresi*, s:349, 28-30 Haziran 2011, Kahramanmaraş.

Bölek, Y., H. Korhan, **Bardak, A.**, M. Kaplan, “Sorgum F₂ Populasyonunda Bazı Agronomik Karakterlerin Değişimi”, *Uluslar arası Katılımlı 1. Ulusal Ali Numan Kıraç Tarım Kongresi ve Fuarı*, s:355, 27-30 Nisan 2011, Eskişehir.

Çokkızgın, H., Bölek, Y., **Bardak, A.**, Fidan, M. S. 2009. Pamuk Tohumlarında Hidroprimingin Soğuk Şartlarda Çimlenmeye Etkisi. *Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi*, 19-22 Ekim 2009, Cilt I, s. 335-338. Antalya.

Bölek, Y., Oğlakçı, M., Aydın, S., **Bardak, A.** 2005. Pamuk (*Gossypium* spp.) Genotiplerinin Erkencilik Yönünden Taranması. *Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi*, 5-9 Eylül 2005, Cilt I, s. 343-346. Antalya.

Bölek, Y., Oğlakçı, M., **Bardak, A.** 2005. Pamuk Tarımında Kullanılan Bitki İzleme Teknikleri. Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi, 5-9 Eylül 2005, Cilt I, s. 335-338. Antalya.

Bölek, Y., Oğlakçı, M., Tiryaki, İ., **Bardak, A.**, Fidan, M. S. 2007. Tetraploid Pamuk (*Gossypium* ssp.) Genotiplerinde Lif Kalite Özellikleri. GAP V. Tarım Kongresi. s. 607-615. 17-19 Ekim 2007. Şanlıurfa.

Yüksek Lisans Tezi

Bardak, A. 2007. Diploid ve Tetraploid Pamuklarda SSR Markörleriyle Belirlenen Genetik Farklılık ve Lif Kalite Özellikleri İlişkisi. KSÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, s:36, Kahramanmaraş. Yrd Doç. Dr. Yüksel BÖLEK