



T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**PAMUKTA (*Gossypium hirsutum* L.) DOĞAL
KAHVERENGİ LİF ÖZELLİĞİ İLE İLİŞKİLİ
MARKÖRLERİN BELİRLENMESİ**

SEVTAP KARTAL

DOKTORA TEZİ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

KAHRAMANMARAŞ 2023

T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**PAMUKTA (*Gossypium hirsutum* L.) DOĞAL
KAHVERENGİ LİF ÖZELLİĞİ İLE İLİŞKİLİ
MARKÖRLERİN BELİRLENMESİ**

SEVTAP KARTAL

DOKTORA TEZİ
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

KAHRAMANMARAŞ 2023

TEZ BİLDİRİMİ

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

Sevtap KARTAL



Bu çalışma, TÜBİTAK 1002 Destek Programı Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 119O20

Bu çalışma, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2018/ 3-24D

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.

PAMUKTA (*Gossypium hirsutum* L.) DOĞAL KAHVERENGİ LİF ÖZELLİĞİ İLE İLİŞKİLİ MARKÖRLERİN BELİRLENMESİ

(DOKTORA TEZİ)

SEVTAP KARTAL

ÖZET

Pamuk (*Gossypium* spp.) dünyada sıcak iklimin görüldüğü tropik ve subtropik bölgelerde tarımı yapılan bir endüstri bitkisidir. Bu çalışmada doğal kahverenkli pamukta lif genlerini kontrol eden DNA markörlerinin belirlenmesi amacıyla, farklı lif rengi ve lif fiziksel özelliklerine sahip *Gossypium hirsutum* L. (kahverengi) ve *Gossypium barbadense* L. (beyaz) türlerinin melezlenmesiyle elde edilen RIL popülasyonunda genetik haritalama yapılmış ve lif rengi değerleri (DL, Da, Db, Dc, Dh, dE) ve bazı fiziksel özellikleri (incelik, uzunluk, mukavemet, elastikiyet, üniformite) ile ilgili QTL'ler belirlenmiştir.

Markör belirleme çalışmasında, 36213 adet Tek Nükleotid Polimorfizm (Single Nucleotide Polymorphism) markörlerinin en küçük allel frekansı 0.05'ten küçük olan (MAF<0.05) 18432 adet SNP markörü kullanılarak Kompozit Interval Haritalama (Composit Interval Mapping) yöntemi ile kantitatif özellik lokusları (QTLs) belirlenmiştir.

Kompozit Interval Haritalama yöntemi sonucunda renk ile ilgili 3 QTL'in 3 kromozom üzerinde olduğu belirlenirken, lif uzunluğu (UHML) ile ilgili 20 QTL'in 14 kromozom üzerinde olduğu, ortalama lif uzunluğu (ML) ile ilgili 5 QTL'in 5 kromozom üzerinde olduğu, lif inceliği ile ilgili 5 QTL'in 5 kromozom üzerinde olduğu, lif mukavemeti ile ilgili 14 QTL'in 12 kromozom üzerinde olduğu, lif elastikiyeti ile ilgili 13 QTL'in 12 kromozom üzerinde olduğu, lif üniformitesi ile ilgili 6 QTL'in 5 kromozom üzerinde olduğu tespit edilmiştir.

Lif renk değerleri ile ilgili QTL'ler fenotipik varyasyonu % 12-14 arasında açıklarken, lif fiziksel özellikleri ile ilgili QTL'ler fenotipik varyasyonu % 12-23 arasında açıklamıştır. Belirlenen QTL'lerin pamuk ıslahına yönelik markör destekli seleksiyon çalışmalarında ıslah sürecini kısaltılmak amacıyla kullanılmaları mümkün olabilir.

Ayrıca çalışmada, F₉ popülasyonunda kahverengi lif rengine sahip uzun lif, yüksek üniformite ve yüksek elastikiyette rekombinant bireyler elde edilmiştir.

Anahtar kelimeler: Pamuk, kahverengi pamuk, RIL, SNP, GBS.

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Eylül / 2023

Danışman: Prof. Dr. Fatih KILLI

Eş-Danışman: Doç. Dr. Adem BARDAK

Sayfa sayısı: 69

**DETERMINATION OF MARKERS ASSOCIATED WITH NATURAL BROWN
FIBER FEATURE COLOR IN COTTON (*Gossypium hirsutum* L.)**

(Ph.D. THESIS)

SEVTAP KARTAL

ABSTRACT

Cotton is an industrial plant cultivated in tropical and subtropical regions of the world with hot climates. In this study, in order to determine the DNA markers that control natural brown fiber color in cotton, genetic mapping was performed on the RIL population obtained by crossing *Gossypium hirsutum* L. (brown) and *Gossypium barbadense* L.(white) species, which have different fiber colors and fiber physical properties, and fiber color values were determined. QTLs related to (DL, Da, Db, Dc, Dh, dE) and some physical properties (fineness, length, strength, elasticity, uniformity) were determined. In the marker identification study, quantitative trait loci (QTLs) were determined by the Composite Interval Mapping method using 18432 SNP markers with the smallest allele frequency less than 0.05 (MAF<0.05) of 36213 Single Nucleotide Polymorphism markers has been determined.

As a result of the Composite Interval Mapping method, it was determined that 3 QTLs related to color were on 3 chromosomes, 20 QTLs related to fiber length (UHML) were found on 14 chromosomes, 5 QTLs related to average fiber length (ML) on 5 chromosomes, 5 QTLs related to fiber fineness are on 5 chromosomes, 14 QTLs related to fiber strength are on 12 chromosomes, 13 QTLs related to fiber elasticity are on 12 chromosomes, 6 QTLs related to fiber uniformity were found to be on 5 chromosomes.

While QTLs related to fiber color values explained the phenotypic variation between 12-14%, QTLs related to fiber physical properties between 12-23%. It may be possible to use the identified QTLs in marker assisted selection studies for cotton breeding to shorten the breeding process.

In addition, in the study, recombinant individuals with brown fiber color, long fiber, high uniformity and high elasticity were obtained in the F₉ population.

Key words: Cotton, brown cotton, RIL, SNP, GBS.

Kahramanmaraş Sütçü İmam University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops, September / 2023

Supervisor: Prof. Dr. Fatih KILLI

Co-supervisor: Assoc. Prof. Dr. Adem BARDAK

Page numbers:69

TEŞEKKÜR

Tez çalışmamın tamamlanmasında öneri, destek ve yardımlarını esirgemeyen danışman hocam sayın Prof. Dr. Fatih KILLI'ya, doktora eğitimim boyunca desteğini ve yardımlarını esirgemeyen doktora tezimi bu şekilde meydana gelmesinde büyük emekleri olan ikinci danışmanım sayın Doç. Dr. Adem BARDAK'a,

Araştırmamın istatistiki analiz kısmını yapmamı sağlayan Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü öğretim üyelerinden sayın Prof. Dr. Ziya DUMLUPINAR'a,

Maddi manevi her konuda bana desteğini esirgemeyen aileme,

Ve ismini sayamadığım bütün arkadaşlarım ve dostlarıma teşekkür eder, saygılarımı sunarım.

Sevtap KARTAL

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	iv
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	5
2.1. Doğal Renkli Pamukta Lif Özelliği İle İlgili Çalışmalar	5
2.2. Doğal Renkli Pamukta Lif Özelliği ile İlgili Moleküler Çalışmalar	8
3. MATERYAL 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 iklim özellikleri	15
3.1.4. Deneme alanının toprak özellikleri	15
3.2. Metot	16
3.2.1. Tarla denemeleri	16
3.2.2. Kullanılan makina ve cihazlar ile incelenen özellikler	17
3.2.2.1. Rollergin çırçır makinası	17
3.2.2.2. HVI (High Volume Instruments) cihazında saptanan lif özellikleri	17
3.2.2.3. Datacolor 650d cihazında saptanan renk özellikleri	17
3.2.3. Kahverengi lif özelliği ile ilişkili markör belirleme	19
3.2.3.1. Yaprak örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu	19
3.2.3.2. DNA konsantrasyonu ve saflığının belirlenmesi	21
3.2.4. GBS metodu	24
3.2.5. İstatistiksel analizler	25
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	27
4.1. Aşkabat 100 × Ekstrem Okra F ₈ ve F ₉ Generasyonlarının DL, Da, Db, Dc, Dh, dE Özellikleri ile İlgili Fenotipik Açılımlar	27
4.1.1. Pamuk genotiplerinin DL değerleri	27
4.1.2. Pamuk genotiplerinin Da değerleri	29
4.1.3. Pamuk genotiplerinin Db değerleri	30

4.1.4. Pamuk genotiplerinin Dc değerleri	32
4.1.5. Pamuk genotiplerinin Dh değerleri	33
4.1.6. Pamuk genotiplerinin dE değerleri.....	34
4.2. Aşkabat 100 × Ekstrem Okra F ₈ ve F ₉ Generasyonlarının Lif İnceliği, Lif Uzunluğu, Lif Mukavemeti, Lif Üniformitesi ve Lif Elastikiyeti Özellikleri ile İlgili Fenotipik Açılımlar.....	36
4.2.1. Pamuk genotiplerinin lif inceliği değerleri.....	36
4.2.2. Pamuk genotiplerinin lif uzunluğu değerleri.....	39
4.3. Pamuk Genotiplerinin Lif Mukavemeti Değerleri	41
4.3.1. Pamuk genotiplerinin lif elastikiyeti değerleri	43
4.4. Komposit İnterval Haritalama (CIM) Analizi ile Fenotipik Özellikler ile İlişkili QTL'lerin Belirlenmesi.....	45
4.4.1. DL ile ilişkili QTL'lerin Belirlenmesi	45
4.4.2. Da ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi	45
4.4.3. Db ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	46
4.4.4. Dc ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	46
4.4.5. Dh ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	46
4.4.6. Komposit interval haritalama yöntemine göre dE ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi	47
4.4.7. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	47
4.4.8. Komposit interval haritalama yöntemine göre ortalama lif uzunluğu (ML) ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi	50
4.4.9. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif elastikiyeti ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	51
4.4.10. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif inceliği ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	52
4.4.11. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif mukavemeti ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	53
4.4.12. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif üniformitesi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	55
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	59
KAYNAKLAR.....	61
ÖZGEÇMİŞ.....	67

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. Kahramanmaraş ili 2018, 2019 ve uzun yıllar yağış, sıcaklık ve nispi nem verileri.....	15
Çizelge 3.2. Deneme alanı 2018 ve 2019 yılları toprak analiz sonuçları	16
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan cihazlar ve kimyasallar	20
Çizelge 3.4. Pamuk genotiplerinin Nanodrop konsantrasyonları	21
Çizelge 4.1. DL değerlerine ait varyans analiz sonuçları	27
Çizelge 4.2. Da değerlerine ait varyans analiz sonuçları.....	29
Çizelge 4.4. Dc değerlerine ait varyans analiz sonuçları.....	32
Çizelge 4.5. Dh değerlerine ait varyans analiz sonuçları	33
Çizelge 4.6. dE değerlerine ait varyans analiz sonuçları.....	35
Çizelge 4.7. Pamuk genotiplerinin incelik değerlerine ait varyans analiz sonuçları.....	37
Çizelge 4.8. Pamuk genotiplerinin lif uzunluğu değerlerine ait varyans analiz sonuçları ..	39
Çizelge 4.9. Pamuk genotiplerinin lif mukavemeti değerlerine ait varyans analiz sonuçları	41
Çizelge 4.10. Pamuk genotiplerinin lif elastikiyeti değerlerine ait varyans analiz sonuçları	43
Çizelge 4.11. CIM yöntemine göre DL ile ilişkili QTL'ler	45
Çizelge 4.12. CIM yöntemine göre Da ile ilişkili QTL'ler	45
Çizelge 4.13. CIM yöntemine göre Db ile ilişkili QTL'ler	46
Çizelge 4.14. CIM yöntemine göre Dc ile ilişkili QTL'ler	46
Çizelge 4.15. CIM yöntemine göre Dh ile ilişkili QTL'ler	46
Çizelge 4.16. CIM yöntemine göre dE ile ilişkili QTL'ler	47
Çizelge 4.17. CIM yöntemine göre lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili QTL'ler.....	48
Çizelge 4.18. CIM yöntemine göre ML ile ilişkili QTL'ler.....	50
Çizelge 4.19. CIM yöntemine göre elastikiyet ile ilişkili QTL'ler	51
Çizelge 4.20. CIM yöntemine göre lif inceliği ile ilişkili QTL'ler	52

Çizelge 4.21. CIM yöntemine göre lif mukavemeti ile ilişkili QTL'ler	54
Çizelge 4.22. CIM yöntemine göre lif üniformitesi ile ilişkili QTL'ler.....	55



ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 3.1. Renk dağılım diyagramı	18
Şekil 3.2. Boyutsal renk dağılımı	19
Şekil 3.3. Genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü	24
Şekil 3.4. GBS Lab protokolü	25
Şekil 4.1. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları DL değerleri dağılımı	28
Şekil 4.2. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Da değerleri dağılımı	30
Şekil 4.3. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Db değerleri dağılımı	31
Şekil 4.4. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Dc değerleri dağılımı	33
Şekil 4.5. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Dh değerleri dağılımı	34
Şekil 4.6. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları dE değerleri dağılımı	36
Şekil 4.7. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları incelik değerleri dağılımı	38
Şekil 4.8. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları lif uzunluğu (UHML) değerleri dağılımı	40
Şekil 4.9. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları mukavemet değerleri dağılımı	42
Şekil 4.10. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları lif elastikiyeti değerleri dağılımı ..	44
Şekil 4.11. SNP1037 QTL'i NCBI karşılaştırma	49

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

AFLP	: Amplified Fragment Polymorphic DNA (Çoğaltılmış Polimorfik DNA Fragmentleri)
AM	: Association Mapping (İlişkilendirme Haritalaması)
BC	: Backcross (Geri melezleme)
Bç	: Baz çifti
CMD	: Cotton Marker Database
cM	: Santi Morgan
CTAB	: Setiltrimetiletidyum bromür
dNTP	: Deoksiribonükleozidtrifosfat
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit
EtBr	: Etidyum Bromür
GBS	: Genotyping by Sequencing (Sekanslama yoluyla Genotipleme)
GLM	: General Linear Model (Genel Lineer Model)
kb	: Kilo Baz Çifti
L	: Litre
LD	: Linkage Disequilibrium (Bağlantı Eşitsizliği)
LOD	: Logarithm of Odds (LOD Skoru)
MAS	: Markör Yardımıyla Seleksiyon
MLM	: Mixed Linear Model (Karışık Liner Model)
N	: Azot
NaCl	: Sodyum klorür
NCBI	: National Center for Biotechnology Information
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
q	: QTL sembolü

QTL	: Quantitative Trait Loci (Kantitatif Özellik Lokusu)
r²	: Coefficient of Determination (Linkage Disequilibriumun bir ölçüsüdür.)
RAPDs	: Random Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Parça Uzunluğu)
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism (Sınırlı Parça Uzunluğu Polimorfizmi)
RILs	: Recombinant Inbred Lines (Kendilenmiş Saf Hatlar)
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism (Tek Nükleotit Farklılığı)
UHML	: Upper Half Mean Length (Üst Yarı Ortalama Uzunluk)
ML	: Mean Length (Ortalama Uzunluk)
L	: Litre
LD	: Linkage Disequilibrium (Bağlantı Eşitsizliği)

1. GİRİŞ

Pamuk (*Gossypium* spp.), geçmişten günümüze tekstil ve gıda sanayi başta olmak üzere elliden fazla sanayi kolunun hammaddesini oluştururken, yaygın ve zorunlu kullanım alanı ile insanlık açısından, oluşturduğu katma değer ve istihdam olanaklarıyla da üretici ülkeler açısından en önemli endüstri bitkilerinden birisidir. Pamuk işlenmesi açısından çırçır sanayisinin, lifi ile tekstil sanayisinin, tohumları ile yağ ve yem sanayisinin, linteri ile de kâğıt sanayisinin hammaddesi durumundadır (Kartal, 2016).

Toplam tekstil ihtiyacının % 27'si pamuk kaynaklıdır. Ülkemizde pamuk ihtiyacının % 40'ı üretimle, % 60'ı ithalat ile karşılanmaktadır. Ülkemiz lif verimi bakımından Avusturalya'nın ardından ikinci sırada yer almaktadır. Uluslararası Pamuk İstişare Komitesi (ICAC)'nin 2014-2018 arası 5 yıllık dönemin verileri incelendiğinde; Dünyada ortalama 32.1 milyon hektar alanda pamuk ekimi yapıldığı ve ortalama 24.6 milyon ton lif pamuk elde edildiği görülmektedir. Dünyada pamuk üretimini % 80'ine yakını Türkiye'nin de içinde bulunduğu 7 ülke tarafından gerçekleştirilmektedir (Anonim, 2023).

Pamukta doğal lif rengi Hindistan, Mısır ve Güney Amerika'da 5000 yıl öncesine dayanmaktadır. Doğal pamuk lif rengi kahverengi, hâkî, gri ve yeşil arasında geniş bir skalaya sahiptir. Günümüzde ise önemsenmeyecek miktarlarda renkli pamuk üretimi yapılmaktadır. Çevreye duyarlı ürünlerin yetiştirilmesi söz konusu olduğunda doğal pamuğa olan ilgi zaman zaman yeniden canlanmaktadır. Doğal renkli pamuk üretimini, düşük verim potansiyeli, zayıf lif özellikleri, sınırlı renkler, renklerin stabil olmaması, düşük pazar talebi ve pazarlama olanaklarının eksiklikleri sınırlandırmaktadır. Renkli pamuk liflerinden üretilen kumaşın, cildi zararlı UV ışınlarından korumak için mükemmel özelliklere sahip yüksek seviyelerde ultraviyole koruma faktörü (UPF) gösterdiği bulunmuştur. Doğal renk kalıcıdır ve tekrar tekrar yıkandıktan sonra zamanla koyulaşır. Kahverengi pamuk, renkli pamuklar arasında en fazla karşılaşılan renktir. Kahverengi pamukta açık kahveden koyu kırmızı kahveye kadar farklı tonlarda renkler bulunmaktadır. Renk yoğunluğuna bağlı olarak açık kahve, devetüyü rengi, kahverengi, koyu kahve/çikolata rengi, sarımsı ve kırmızı kahverengi tonlarında bulunmaktadır. Kahverengi kültüre alınan 4 türle birlikte yabani türlerin çoğunda bulunmaktadır ve yeşil renge göre daha stabildir (Kranthi, 2014).

Tekstil, petrol sektörünün ardından, dünyanın en büyük ikinci kirleticisidir. Toplam küresel emisyonların % 7'si tekstil sektöründen kaynaklanmaktadır. Tekstil ve boya endüstrilerindeki hızlı teknolojik ilerlemeler beraberinde önemli çevre problemlerini de getirmektedir. Toprağı, suları ve havayı kirleten atıkların doğal ekosisteme olan negatif etkileri uzun zamandır araştırılmaktadır. Tekstil sektörü oldukça yüksek atık debisine sahip endüstriyel sektörler arasında yer almaktadır. Tekstilde yaş prosesler olan kısmi ağartma, boyama ve yıkama işlemleri için çok büyük miktarlarda su ve kimyasal madde tüketilmektedir. Bir ton tekstil kumaşını işlemek için yaklaşık 230-270 ton arası su kullanılmaktadır. Bir pamuklu t-shirt için 2 bin 500 litre, bir jean pantolon için 10 bin 850 litre ve bir pamuklu ceket için 10 bin litre civarında su harcanmaktadır.

Pamuk kumaşların boyanmasında kullanılan suni boyalar ciltte alerji ve kaşıntılara bazende cilt kanserine sebep olabilmektedir. Bu durum suni boya üretiminde ve kullanımında çalışan kişilerin sağlıkları için de olumsuz etki oluşturmaktadır. Tekstil sektöründe kullanılan sentetik boyarmadde gruplarından bazıları indirgenerek parçalanıp alerjik etkilere yol açabilmekte ve canlı renklere sahip oldukları için tercih edilen ve dünya çapında tüm sentetik boyaların yaklaşık 2/3'ünü içeren azo boyarmaddeler sağlık açısından tehlike oluşturabilmektedir. Boyama işleminden sonra kimyasal kalıntıları uzaklaştırmak nehirlerdeki suların ve toprağın kirlenmesine neden olmaktadır. Bu nedenle doğal renkli pamuklar suni boyaların sebep olduğu çevre kirliliğini azaltıcı etkilere sebep olacaktır. Bulunduğumuz çevrenin temizliği ve gelecek nesillere nasıl bir dünya bırakacağımız konularındaki artan hassasiyet, beyaz pamuğa alternatif olarak renkli pamuğun da talep gören bir sektör haline gelmesinde etkili olabilir (Kayahan ve ark., 2016).

Bitkilerde en uzun, en hızlı büyüyen hücreler olan pamuk lifleri, tekstil endüstrisinde vazgeçilmez bir doğal kaynaktır. *Gossypium hirsutum* türü pamuklar yüksek lif verimine ve geniş adaptasyona sahip olup, dünya pamuk üretiminin % 95'inden fazlasını oluşturmaktadır (Wang ve ark., 2020). Ekstra uzun lifli, Pima, Mısır veya Deniz Adası pamuğu olarak bilinen *Gossypium barbadense* türü pamuklar, *hirsutum* türü pamuklar ile karşılaştırıldığında daha kaliteli liflere sahiptir. Ancak yüksek sıcaklık ve düşük nem gereklilikleri nedeniyle verimleri nispeten düşük olup belirli ekolojilerde üretilmektedir (Zhang ve ark., 2015). Pamuk ıslahının ana hedefi, lif verimi ile özellikle lif uzunluğu açısından üstün kalitede lifler üreten pamuk çeşitleri geliştirmektir. *Gossypium hirsutum* ve *Gossypium barbadense* türleri arasındaki genetik rekombinasyon,

uzun lifli bireyler seçmek için yaygın olarak kullanılmakta ve lif uzunluğu için birkaç yüz aday QTL tanımlanmıştır (Chandnani ve ark., 2018).

Pamuk yetiştiricileri birim alandan elde edilen pamuk miktarını arttırmanın yanı sıra yüksek kalitede satılabilecek pamuk üretme çabası içindedirler. Kuraklık toleransı, doğal renkli pamuk, lif kalite ve üniformitesi gibi özellikler gelecekte pamuk ıslahında çok daha yüksek öncelik taşıyacaktır. Bu konularda pamuk üreticilerini bekleyen zorluk birbiriyle etkileşim halinde olan ve birçok gen tarafından kontrol edilen verim ve lif kalitesi gibi ekonomik olarak önemli özelliklerin fenotipik olarak karmaşık özellikler olmasıdır (Ullao ve ark., 2007, Cuming, 2011).

Pamuk (*Gossypium* spp.), Malvaceae familyasının *Gossypium* cinsine aittir. *Gossypium* cinsi 45 türü diploid ($2n=26$) ve 5'i ise allotetraploid ($2n=52$) olan 50 türden oluşmaktadır. *Gossypium* türleri, kromozom eşleşme eğilimlerine göre 8 farklı genom grubu (A-G ve K) içerisinde yer almaktadır. Tüm tetraploid pamuklar 1-2 milyon yıl önce meydana gelen A ve D genom diploidlerinin tek bir türler arası melezlenmesinden kaynaklanır. Tetraploid beş tür, genom yapılarına göre $(AD)_1$ -(AD)₅ olarak ifade edilmektedir. Pamuk lif rengi ile ilgili genetik araştırmalara bakıldığında, lif rengi ile ilgili genlerin pleiotropik (tek bir genin birçok fenotipik özellik üzerinde genetik etkisi) olduğu ve lif renginin altı lokusta yer alan (Lc1, Lc2, Lc3, Lc4, Lc5, Lc6) bir grup gen tarafından kontrol edildiği ve pamukta rengin beyaza göre baskın olduğu belirtilmiştir (Dutt ve ark., 2004).

Pamukta doğal lif rengi, bitkinin kalıtsal genetik özelliğinden kaynaklanmaktadır. Lif renginden sorumlu flavonoidler Lc1, Lc2 ve Lc3 lokuslarındaki genler tarafından kontrol edilir. Yeşil renk bir gen tarafından kontrol edilirken kahverengi renk iki veya daha fazla gen tarafından kontrol edilmektedir. Bu genlerden bazılarının lif gelişimini, uzunluğunu ve inceliğini olumsuz etkilediği bildirilmiştir (Kranthi, 2014).

DNA markörleri, sekansa dayalı (SNP), hibridizasyona dayalı (RFLP) ve PCR'a dayalı (RAPD, AFLP, SSR) markörler olarak sınıflandırılabilir. Pamukta moleküler ıslah yapılabilmesi için öncelikle kantitatif özellik lokuslarının (QTL) belirlenmesi gerekmektedir. Bağlantı haritalaması (linkage mapping) ve ilişkilendirme haritalaması (Association mapping) QTL belirleme çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır (Zhao ve ark., 2018).

Pamukta kahverengi lif özelliği ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi DNA markörlerinin kullanımı ile artış göstermiştir. Bu markörlerden SSR markörü (He ve ark., 2007; Lacape ve ark., 2009), AFLP markörü (Cuming ve ark., 2015), SRAP (Lin ve ark., 2005; Yu ve ark., 2007), RFLP (Saranga ve ark., 2001; Paterson ve ark., 2003), RAPD markörü farklı markör sistemlerine dayalı haritalama çalışmalarında kullanılmıştır. Fakat Yeni Nesil Dizileme yönteminden elde edilen SNP markörünün pamukta genetik analizlerde kullanılması yeni olup yeterli seviyeye ulaşmamıştır.

Yeni nesil bir dizileme metodu olan GBS (Genotyping by Sequencing), yeni bir çeşit geliştirme ve ıslah çalışmalarında genotipleme ve SNP belirlemede oldukça fazla kullanılmaktadır. GBS, ıslah popülasyonlarında kullanılacak yüksek yoğunluklu SNP elde edilmesinden dolayı düşük maliyeti ile cazip bir uygulama olmuştur. Bu yöntemle elde edilen yüksek yoğunluklu veriler; genetik haritalama, ilişkilendirme haritaları, genetik çeşitliliğin belirlenmesi, kantitatif gen bölgelerinin belirlenmesi (QTL) ve markör destekli seleksiyon çalışmalarında kullanılmaktadır (Elshire ve ark., 2011; Poland ve Rife, 2012; Spindel ve ark., 2013, He ve ark., 2014; Galubitz ve ark., 2014; Wang ve ark., 2015; Kim ve ark., 2016).

Bu çalışmada, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümünde bulunan Aşkabat 100 ve Ekstrem Okra pamuk genotiplerinin melezlenmesi sonucu F₉ generasyonundaki rekombinant kendilenmiş saf hat (RIL) popülasyonunun SNP markörü ile kahverengi lif özelliği ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Doğal Renkli Pamukta Lif Özelliği İle İlgili Çalışmalar

Joshi ve Chirde (1998), renkli pamuk ile beyaz pamuğun melezlenmesi sonucu oluşan 40 melez kombinasyonunun renkli ebeveynlerden daha iyi özelliklere sahip olduğunu belirtmişlerdir. Lif uzunluğunun (UHML) 27-28 mm, lif mukavemetinin 24-25 g tex⁻¹, lif inceliğinin 3,9-4,02 mic. olduğunu belirtmişlerdir.

Başbağ ve Temiz (2004), farklı renklerdeki pamuk liflerinin bazı agronomik ve teknolojik özelliklerini belirlemek için yürüttükleri çalışmada, Sayar 314'ün % 39,47 çırçır randımanı ve 33,41 g tex⁻¹ lif mukavemeti, Belizvor 432'nin 30,02 mm lif uzunluğu, yeşil lifin 2,87 mic lif inceliğine sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Dutt ve ark. (2004), üç farklı renkteki (beyaz, kahverengi ve yeşil) pamuk lifinin kalite ve verim özelliklerini karşılaştırmak için yaptıkları çalışmada, renkli pamuklarda lif kalitesinin beyaz renkli pamuğa göre daha düşük olduğunu bildirmişlerdir. Pamuk liflerinin selüloz ve mineral elementlerinin miktarlarına bakarak bunların lif kalitesi üzerindeki etkisini anlamak için üç lifteki farklı hücre gelişim aşamalarını incelemişlerdir. Beyaz renkli pamukta selüloz içeriği fazla olduğu için bunun lif kalitesini arttırabileceğini söylemişlerdir. Ayrıca potasyumun lif kalite özellikleri ile pozitif ilişkili olduğunu belirtmişlerdir.

Kıllı ve Şerefoğlu (2005), Lif renkleri farklı (devetüyü, yeşil, krem ve beyaz) pamuk genotipleri ile Kahramanmaraş koşullarında yürüttükleri 2 yıllık çalışmada, devetüyü ve beyaz lifli pamukların yüksek çenet sayısı ve mot ağırlığı, krem ve beyaz lifli pamukların yüksek koza kütlü ağırlığı ve mot sayısı oluşturdıklarını belirlemişlerdir. Yüksek mot sayısı ve ağırlığı ile düşük tohum tutma etkinliği nedeniyle devetüyü ve krem lifli pamukların çevresel streslere (sıcaklık, su ve bitki besleme) daha hassas olduklarını bildirmişlerdir.

Chen ve Cluver (2010), doğal renkli pamukların biyobozunma ve küf direncini araştırdıkları çalışmada, doğal renkli pamukların yüksek miktarlarda mumsu madde (wax) içerdiğini özellikle geleneksel pamuktan farklı bir wax yapısına ve selüloz bağlantısına sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Efe ve ark. (2010), Kahramanmaraş koşullarında 4 yıl süre ile 4 farklı doğal renkli pamuk hattı (açık kahverengi, koyu kahverengi, krem ve yeşil) ve 2 beyaz pamuk çeşidi

(Maraş-92 ve Sayar-314) ile yürüttükleri çalışmada renkli pamuk genotiplerinin kütlü pamuk verimi, çırçır randımanı ve lif kalite (uzunluk, incelik ve mukavemet) değerlerinin beyaz pamuk çeşitlerinden önemli derecede düşük olduklarını belirlemişlerdir.

Feng ve ark. (2011), kahverengi liflere renk ve kalitenin heterosis ve genetik etkisini anlamak için yaptıkları çalışmada çırçır randımanı, lif elastikiyeti ve lif mukavemetinin lif rengi üzerine olan etkisini 0.01 düzeyinde önemli bulmuşlardır. Lif renginin çırçır randımanı, lif elastikiyeti, lif üniformitesi ve lif mukavemeti üzerine negatif korelasyona sahip olduğunu belirtmişlerdir. Çevresel farklılıklardan yararlanarak çırçır randımanı ve lif kalitesini iyileştirmek için bölgesel planlamalar yapılabileceğini belirtmişlerdir.

Zhang ve ark. (2011), kahverengi, yeşil ve beyaz pamuk türlerinin (*Gossypium hirsutum* L.) gelişimi boyunca lifteki renk değişimini tristimulus kalorimetre ile belirlemek için yaptıkları çalışmada, L* parlaklık değerinin ($F=25.86-1575.18$, $p<0.0001$) önemli bir farklılık gösterdiğini bildirmiştir. Tüm pamuk türlerinde ilk pamuk açımında renk değerlerinin daha yüksek, olgunlaşmada ise renk değerlerinde kısmi bir düşüş olduğunu belirtmişlerdir.

Kranthi (2014), NACOC (Natural Colored Cotton Fibers) bitkilerinin böceklerle ve hastalıklara karşı yüksek dirence sahip olduğunu, tuza toleranslı, kuraklığa dayanıklı olduğunu bildirmiştir. Boyanmış beyaz pamuk liflerinde karşılaşılan renk solmasına karşın, yıkamadan sonra doğal renkli pamuk lifinin renginin daha güçlü hale geldiğini bildirmiştir. NACOC'tan yapılan giysilerin cilt hastalıklarını önlemede ve cildi ultraviyole ışınlardan korumada başarılı olduğunu belirtmiştir.

Matusiak ve Frydrych (2014), farklı kökenli doğal renkli pamukların lif özelliklerini incelemek için yaptıkları çalışmada, Amerika kökenli kahverengi liflerin lif inceliğini 4.0 mic., lif uzunluğunu 26.5 mm, lif mukavemeti 26.0 g tex⁻¹, Türkiye de tescil edilmiş açık kahverengi uzun liflerin lif inceliği 3.9 mic., lif uzunluğunu 28.0 mm, lif mukavemetini 29.1 g tex⁻¹ olarak bildirmişlerdir.

Hinchliffe ve ark. (2015), beyaz renkli pamuk ve doğal renkli kahverengi pamuk elyafından farklı yöntemlerle ürettikleri dokusuz kumaşların fiziksel yanma özelliklerini araştırdıkları çalışmada; kahverengi pamuk elyafından üretilen kumaşlarda beyaz renkli pamuk elyafından üretilen kumaşlara kıyasla önemli ölçüde daha yüksek alev geciktirme derecesi gözlemlendiğini bildirmişlerdir. Fosfor ve magnezyum gibi alev geciktirici elementlerin kahverengi pamuk elyafında yüksek seviyede olduğunu bildirmişlerdir.

Kahverengi kumaşın yanma süresinin beyaz kumaşa göre 4 ve 30 kat daha uzun süreye sahip olduğunu açıklamışlardır.

Ma ve ark. (2016a), doğal kahverengi pamuk liflerinin mükemmel antibakteriyel özelliklere sahip olduğunu belirtmişlerdir. Kahverengi pamukların andioksidan kapasitesi beyaz pamuklara göre önemli ölçüde yüksek çıkmıştır. Antioksidan özelliğin ovma ve yıkama işleminden sonra da sabit kaldığını bildirmişlerdir. Liflerdeki fenolik pigment kompozisyonunun onların antioksidan özelliğine katkıda bulunduğunu söylemişlerdir.

Rathinamoorthy ve Parthiban (2019), rotor eğirme teknolojisi kullanılarak eğrilmiş ve iplik özelliklerini analiz ettikleri kahverengi pamuk ipliklerinden, dokuma tekniği kullanılarak üç farklı kumaş tipi geliştirilmiş ve geliştirilen kumaşların aşınma, boncuklanma direnci, sertlik, hava geçirgenliği, buruşma geri kazanımı ve yırtılma mukavemeti gibi fiziksel özelliklerini incelemişlerdir. Yıkama ve ışığa karşı renk haslığı gibi haslık özelliklerini de incelemiş ve umut verici sonuçlar elde ettiklerini bildirmişlerdir.

Palamutçu ve ark. (2018), Türkiye’de melezleme ve seleksiyon ıslah teknikleri ile geliştirilmiş iki beyaz (Nazilli 84 S ve Aydın 110) ve üç doğal kahverenkli (Emirel, Akdemir ve Nazilli DT-15) pamuk genotipleri ile iki farklı lokasyonda 5 yıl süre ile yürüttükleri çalışmada, lif tipi, konum ve yıla bağlı olarak incelik, uzunluk ve mukavemet gibi fiziksel lif özelliklerini belirlemişlerdir. Lif uzunluğunun ve inceliğinin farklı yıl ve lokasyonlara göre değişim gösterdiğini, lif mukavemetinde ise iklim farklılıklarının etkili faktör olduğunu belirtmişlerdir. Aydın 110 çeşidi en iyi lif özelliklerine sahip olurken Akdemir çeşidi en düşük lif özelliklerine sahip olmuştur. Lif uzunluğuna karşı lif tipi*yıl karşılaştırmasında en yüksek değerin Aydın 110 çeşidinden 2013 yılında (33,34 mm), en düşük değerin Akdemir çeşidinden 2012 yılında (25,17 mm) alındığını belirtmişlerdir.

Saritha ve Patil (2020), renkli pamuk genotiplerinin verim ve lif kalite özelliklerini belirlemek için yaptıkları çalışmada, yeşilden kahverengiye 240 adet renkli pamuk genotipi ile 5 adet beyaz pamuk genotipini augmented deneme desenine göre denemeye almışlardır. Renkli pamukların ortalama çırçır randımanı % 33,84, UHML 22,19 mm, lif mukavemeti 23,95 g tex⁻¹, incelik 4,02 mic. değerlerinin elde edildiğini bildirmişlerdir.

Godwa ve ark. (2022), ekstra uzun elyaf sınıfındaki kendilenmiş *Gossypium barbadense* pamuğunun özelliklerini görmek için yürüttükleri çalışmada, lif uzunluğu (24,91 ile 34,06 mm), lif mukavemeti (25,02 ile 35,86 g tex⁻¹), inceliği (2,89 ile 4,57 mic), üniformite indeksi (64,08 ile 98,83), lif elastikiyeti (5,37 ile 6,60) ve olgunluk oranı (0,48

ile 0,76) aralığında deęerler almıştır. Korelasyon analizi sonucunda lif uzunluęu ile mukavemet arasında tohum verimi üzerine herhangi bir etkinin olmadığını 255 RIL popölasyonu normal daęılım gösterdiğini bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2022), doęal kahverengi pamuk liflerini (NBCC), iplik kalitelerini iyileştirmek ve daha fazla renk tonu üretmek için belli oranda beyaz lifle karıştırarak ürettikleri kumaşların antibakteriyel özelliklerini araştırmışlardır. NBCC lifi, *Staphylococcus aureus* ve *Escherichia coli*'ye karşı sırasıyla % 91,7 ve % 86,9 antibakteriyel aktivite göstermiştir. % 70'ten fazla kahverengi pamuk içeren karışımların antibakteriyel aktiviteleri NCBB liflerinkine çok benzerlik gösterdiğini belirtmişlerdir.

Xu ve ark (2022), doęal kahverengi pamuktan ağartılmış gazlı bezin yara iyileştirme üzerine etkilerini belirlemek için yürüttükleri çalışmada, kahverengi pamuktan oluşan gazlı bezin yara iyileştirme oranını % 14,81 arttırdığı, iltihaplı hücre sayısını %12.93 azalttığı, yeni kan damarı sayısını % 6,88 arttırdığı belirtilmiştir. Doęal kahverengi pamuklu ağartılmış gazlı bezin yara iyileşmesi üzerinde sıradan emici pamuklu gazlı bezden daha iyi bir etkiye sahip olduğunu ve tıbbi pansuman olarak kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

2.2. Doęal Renkli Pamukta Lif Özellięi ile İlgili Moleküler Çalışmalar

Wu ve ark. (2008), HS 46×MARCABUCAG8US-1-88 melezinden elde ettikleri 94 adet F₂ bireyi ile 188 RIL popölasyonu kullanarak agronomik ve lif özellikleri ile ilgili QTL haritalarının oluşturulması için yaptıkları çalışmada, 141 polimorfik SSR primerinden 125 tanesini, oluşturdukları 26 linkage grupta toplamışlar ve genomun 965 cM'luk kısmını haritalayabilmişlerdir. 24 linkage grup 115 lokus kapsamakla birlikte, spesifik kromozomları içerdiğini tespit etmişlerdir. Elde ettikleri 56 QTL'in 14'ünün agronomik ve lif özellikleri ilgili olmakla birlikte 17 kromozomda lokalize olduğunu belirtmişlerdir. 1 QTL'in lif uzunluęu ile ilgili olmakla birlikte linkage grup LGU01'de yer aldığını ve alt genom A'da 9 kromozomdaki 10 QTL'in agronomik özellik ile ilgili 17'sinin de lif özellikleri ile ilgili olduğunu belirlemişlerdir. D alt genomunda yer alan 8 kromozomda da 13 QTL'in agronomik özellik ile ilgili, 16'sının da lif özellikleri ile ilgili olduğunu belirlemişlerdir. Diğer kromozomlarla karşılaştırıldığında kromozom 3, 5, 12, 13, 14, 16, 20 ve 26'nın lif kalitesi açısından önemli QTL'ler içerdikleri ve bunun da etkili pamuk hatlarının oluşturulmasında ıslahçılar tarafından seleksiyonda rahatlıkla kullanılabileceğini

ifade etmişlerdir. Tüm linkage analizleri için Joinmap 3 ve Kosambi haritalama fonksiyonu seçilmiş, QTL analizleri QTLMapper 1.6 programını kullanarak oluşturmuşlardır.

Sun ve ark. (2009), SSR markörleri ile renkli pamuklardaki genetik çeşitliliği araştırdıkları çalışmada, 40 kahverengi pamuk ve 21 yeşil pamuk olmak üzere 61 renkli pamuk hattının SSR markörleri ile belirlendiği çalışmada, 66 polimorfik SSR lokusundan toplam 344 allel tespit etmişlerdir. SSR lokusu başına allel sayısı 2 ile 12 arasında değişmiş, ortalama 5.21 olduğunu bildirmiştir. Cluster analizleri ile renkli pamukları, 9 alt grup içeren 4 ana gruba ayrıldığını bildirmişlerdir.

Zhang ve ark. (2009), T586×Yumian 1 melezlenmesi ile oluşan 270 adet $F_{2:7}$ RIL popülasyonu ile lif özelliklerinin belirlendiği çalışmada, popülasyonun 7508 SSR, 740 IT-ISJ ve 384 SRAP markörü ile taradıkları çalışmada 60 bağlantı grubu elde ettiklerini bildirmişlerdir. Elde edilen haritanın 3140.9 cM uzunlukta olduğu ve lokuslar arası ortalama mesafenin ise 5.2 cM olduğunu bildirmişlerdir. 13 adet QTL bölgesinin lif özellikleri ile bağlantılı olduğunu, fenotipik varyansın % 7,4 ve 43,1 arasında olduğunu açıkladığını ve 11 QTL bölgesinin A alt genomda, 2 QTL bölgesinin D alt genomda yerleştiğini bildirmişlerdir.

Altan (2010), Kahve 95×Aydın 110 ebeveynlerinin melezlenmesinden elde ettiği 112 bireye sahip F_2 popülasyonundan RAPD, SSR ve AFLP DNA markörleri kombine edilerek genom haritaları oluşturmuştur. Haritalama popülasyonunda, 179 AFLP, 70 RAPD, 20 SSR polimorfik markör ve 1 morfolojik markör elde etmiş, bunların 199 adeti haritalanarak, 1975 cM uzunluğunda ve 12 bağlantı grubu içeren bir genom haritası oluşturmuştur. İki markör arası ortalama uzaklığı 9.92 cM olarak belirlenmiştir. 6 farklı lif fiziksel özelliği (lif inceliği, lif mukavemeti, lif uzunluğu, lif uniformite indeksi, SFI, lif elastikiyeti) incelenmiştir. Lif renklerini sayısal rakamlara dönüştürmek için Minolta marka Chromometer cihazı kullanmış ve bu cihazın lif renklerine ilişkin 7 farklı parametresini (L, a, b, ΔL , Δa , Δb , ΔE) analiz etmiştir. Kahve 95×Aydın 110 melezinde toplam 121 QTL saptamıştır. Kahve 95×Aydın 110 melezinde F_2 popülasyonu lif fiziksel özellikleri ile ilgili QTL'lerin, fenotipik varyasyonu % 1 ile % 25 arasında açıkladığı, renk özelliği için belirlenen QTL'lerin fenotipik varyasyonu % 1 ile % 54 arasında açıkladığı bulmuştur. Açılma gösteren F_2 generasyonunda 209, 240, 249, 254, 277, 294, 295 ve 304 nolu bireylerde hem kahverengi lifli F_2 ve hem de uzun lifli rekombinantlar elde etmiştir.

Cuming (2011), doğal yeşil renkli pamukta lif renk genlerini kontrol eden DNA markörlerinin belirlenmesi amacı ile yaptığı çalışmada, *Gossypium hirsutum* L. (Yeşil) ve *Gossypium hirsutum* L. (Nazilli 84) çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen F₂ popülasyonunda, 123 AFLP markörü ile 27 bağlantı grubundan oluşan 2068.5 cM uzunluğunda bir harita elde edip, haritada iki markör arasındaki uzaklık 16.8 cM' dir. Tek markör analizi kullanılarak 11 bağlantı grubunda lif rengi ve lif fiziksel özellikleri ile ilgili 43 QTL belirlemiştir.

Surgun ve ark. (2012), RAPD-PCR analizleri ile Türkiye'de kültürü yapılan 9 pamuk genotipindeki genetik çeşitliliği belirledikleri çalışmada, genotipler arasında polimorfizmi saptamak amacıyla, toplam 42 adet RAPD primeri kullanılmış, 34 primerden değerlendirilebilir sonuçlar alınmış ve toplam 319 RAPD-PCR bandı elde ettiklerini bildirmişlerdir. Çalıştıkları genotipler arasında % 18,1 polimorfizm oranı saptanırken, herhangi iki genotip arasındaki genetik benzerlik % 90,2 ve % 96,5 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2014), genetik linkage analizi SSR ve EST-SSR markörleri ile iki kahverengi kültürü yapılan pamuk türü üzerine *Lc*₁ ve *Lc*₂ lokuslarında lif rengi haritası oluşturmuşlardır. Xincaimian6 (*Gossypium hirsutum* L.) tarafından taşınan *Lc*₁ lokusu kromozom 7'nin uzun kolu üzerinde NAU2862 ve NAU1043 markörleriyle çevrelenmiş, sırasıyla genetik mesafelerini 7.8 cM ve 3.8 cM bulmuştur. Xincaimian5 (*Gossypium hirsutum* L.) tarafından taşınan *Lc*₂ lokusu kromozom 6'nın kısa kolu üzerinde NAU5433 ve NAU2968 markörleriyle çevrelenmiş, sırasıyla genetik mesafelerini 4.4 cM ve 7.4 cM bulmuştur. Bu markör çalışmaları renkli pamukta bu önemli genlerin izolasyonları için basit bilgiler vermiştir.

Feng ve ark. (2015), renkli pamukta lif rengi ve kalitesi arasındaki korelasyonu anlamak için lif rengi ile ilgili kantitatif özellik lokuslarını belirlemek için yaptıkları çalışmada; Zong 128 (kahverengi pamuk) ve iki beyaz pamuk hattı çaprazlamalarından bir RIL ve iki F₂ popülasyonu oluşturmuştur. İki sabit ve güçlü QTL (*qLC*-7-1, *qFC*-7-1) lif uzunluğu ve lif rengi için çoklu generasyonlar ve çevre karşılaştırmalarından fenotipik varyansın % 16,01 - % 59,85 tekabül ettiğini ortaya çıkarmıştır. Bazı küçük QTL'ler de RIL popülasyonlarında değil yalnızca F₂ popülasyonlarında düşük varyans (% 5) 5, 14, 21 ve 24 numaralı kromozomlarda tanımlamıştır. Özellikle, lif rengi ve kalitesi için çoklu efekt lokusu çoklu çevrelerde kromozom 7 (A genomu) üzerinde NAU1043 ve NAU3654 komşu markörleri arasında ortaya çıkmıştır. Bunlardan *qLC*-7-1, *qFC*-7-1 lif renginin

gelişimi ve pozitif etkilerden sorumlu olduğunu bildirmişlerdir. Bu arada % 2,19-% 8,78 fenotipik varyansın açıklandığı lif kalite QTLs (*qFL-7-1*, *qFU-7-1*, *qFF-7-1*, *qFE-7-1* ve *qFS-7-1*) negatif etkiye sahip olduğunu, bu çoklu efekt lokusu lif rengi ve kalitesi için denemedeki iki tür arasında negatif korelasyon açığa çıkaracağını, böylece pamuğun gelişimine giden yolu açacağını belirtmişlerdir.

Zhang ve ark. (2015), allotetraploid TM-1 (*Gossypium hirsutum* L.) ve Hai 7124 melezlenmesi ile elde edilen 59 adet F₂ bireyinden daha iyi lif kalitesinin elde edilmesi amacıyla GBS metodu ile yaptıkları sekanslama çalışmasında ultra yoğunluklu harita elde etmişlerdir ve belirlenen SNP'lerin 26 bağlantı grubuna dağıldığını bildirmişlerdir.

Sun ve ark. (2017), farklı bölgelerden elde ettikleri pamuk tohumları ile yaptıkları ilişkilendirme haritalama çalışmasında tüm genom üzerinde 10511 SNP elde etmişlerdir. Lif kalitesi ile ilişkili 46 SNP, lif uzunluğu ve mukavemet ile ilişkili 2 adet QTL'in A07 ve D11. kromozomlar üzerinde olduğunu bildirmişlerdir.

Fan ve ark. (2018), *G. barbadense* RIL popülasyon hattında lif özellikleri ile ilişkili QTL'leri SNP markörleri GBS ile yüksek yoğunluklu bir harita elde ettikleri çalışmada; Çin *Gossypium barbadense* çeşidi 5917 ile Amerikan Pima S-7 ebeveynlerinden elde ettikleri 143 RIL popülasyonundan SNP markörleri ile GBS metodunu kullanarak genotiplemişlerdir. 26 linkage grubu 3557 GBS SNP ile oluşturdukları yüksek yoğunluklu haritada 3076.23 cM genetik mesafe elde etmişlerdir. Markörler arasındaki mesafe 1.09 cM'dir. 42 QTL tespit edilmiştir. 28 QTL A alt genomunda diğerleri D alt genomunda yer almıştır. Elyaf kalitesiyle ilişkili 24 QTL 12 bağlantı grubu arasına dağılmıştır. LG1 (5 QTL) ile en fazla QTL sayısına sahiptir onu LG10 (3 QTL) ve LG25 (3 QTL) tespit edildiğini belirtmişlerdir. 12 bağlantı grubu üzerindeki 24 QTL lif kalitesi ile ilişkilidir. 7 bağlantı grubu üzerindeki 18 QTL lif verimi ile ilişkilidir. QTL'ler fenotipik varyasyonun % 0,97 ile % 20,7'sini açıklamıştır.

Mohan Kumar ve ark. (2018), *Gossypium barbadense* L. pamuğunda lif kalitesi ve verim özellikleri için 63K SNP çip tabanlı bağlantı eşitsizliği ile QTL analizinde kantitatif özellik lokuslarının belirlenmesine yönelik yürütülen çalışmada, 63K Illumina Infinium SNP boncuk çipi kullanılarak, ebeveynler Suvin ve BCS 23-18-7 (*G. barbadense*) arasında 525 homozigot polimorfik markör tespit etmiştir. 185 F₂ bitkisinin genotiplemesinde kullanılmıştır. 1219.4 cM bağlantı haritası ortalama 2.7 cM işaret aralığı ile 21 kromozom üzerine dağılmış ve 460 SNP lokusu ile oluşturulmuştur. Birleşik haritalama yoluyla, 13 kromozomda LOD değerleri 2.51 ile 11.56 arasında değişen fenotipik varyasyonun % 0,4

ile 28,0'ını açıklayan 29 QTL tanımlanmıştır. Verim bileşenleri ve lif kalite özellikleri ile ilgili sırasıyla 13 ve 16 QTL tanımlanmıştır. Lif kalite özelliklerinden sorumlu başlıca QTL'ler *G. barbadense*'nin 5, 6 ve 23. kromozomlarında tespit edilen Uhml-1, Uhml-2, Str-2 ve El-3 belirlenmiştir. Doğrulamadan sonra bu ana lif QTL'leri, *G. hirsutum*'un lif kalitesini iyileştirmek için introgresyon ıslahında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Wen ve ark. (2018), Linkage (bağlantı) ve association mapping (ilişkilendirme haritaları) ile kahverengi lifin genetik temelini ortaya çıkarmak için yaptıkları çalışmada, lif verimi ile ilgili 10 QTL ve lif kalitesi ile ilgili 19 QTL belirlemişlerdir. *qBF-A07-2* lokusunun lif verimini negatif bir şekilde etkilediğini ve kalite ile *qBF-A07-1* lokusu arasında epistatik bir etki olduğu bildirmişlerdir.

Ravichandran ve ark. (2019), RIL popülasyonda SSR markörü ile lif kalite özelliklerini belirlemek için yürüttükleri haritalama çalışmasında; toplam genetik mesafe 2883.3 cM olan 120 polimorfik markör ile 18 adet bağlantı grubu elde etmişlerdir.

Sabev ve ark. (2020), pamuk ıslahında moleküler markörlerin ve onların uygulamalarının önemini belirttikleri çalışmada; verim, lif kalitesi, hastalıklara dayanım ve olumsuz büyüme koşulları gibi poligenik uygulamalar hakkında bilgi eksikliği nedeniyle geleneksel ıslahın genetik gelişmeleri sınırlandırdığını belirtmişlerdir. Moleküler markör kullanımının, genetik alandaki önemli gelişmelerden olduğunu ve DNA polimorfizmlerinin daha hızlı saptanmasına ve kullanılmasına olanak sağladığını belirtmişlerdir.

Wang ve ark. (2020), 239 RIL kullanarak yüksek yoğunluklu bir genetik harita oluşturmak için SLAF tabanlı SNP ve SSR markörleri ile faydalı olacağını belirtmişlerdir. Burada, LMY22'den (yüksek-verim *Gossypium hirsutum* L. çeşidi) × LY343 (*G. barbadense* L. introgresyonlu üstün lif kalitesinde bir germplazm). Genetik harita, 3556 SAF tabanlı SNP ve 199 SSR işaret lokusu dahil olmak üzere 3426.57 cM'yi kapsayan bir harita oluşturmuşlardır. 7 lokasyondan toplanan fenotipik verilerden lif kalitesi için 67 QTL ve verim özellikleri için 37 QTL olmak üzere toplam 104 QTL tanımlanmıştır. Bunların arasında, 66 QTL, 12 kromozom üzerinde 19 QTL kümesinde birlikte yerleşmiştir. 24 QTL, üç veya daha fazla lokasyonda tespit edilmiş ve stabil olduğu belirlenmiştir. Ayrıca LY343'ün genomik bileşenlerini ve LY343'ün tüm genomunu derinlemesine sıralayarak lif ile ilgili özelliklere katkılarını da inceledikleri çalışmada *G. hirsutum* ırklarından (*G. barbadense* ebeveyni aracılığıyla LY343'e giren) genomik bileşenlerin daha olumlu katkıda bulunduğunu bildirmişleridir. *G. hirsutum* alelleri *G. barbadense*'den gelenlerden daha fazla bulunduğunu belirtmişlerdir.

3. MATERYAL METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki materyali

Çalışmanın başlangıç materyalini farklı lif rengi ve lif özelliklerine sahip türler arası pamuk bitkileri oluşturmaktadır. Kahverengi lif rengine sahip Ekstrem Okra (*Gossypium hirsutum* L.) ile beyaz lif rengine sahip Aşkabat 100 (*Gossypium barbadense* L.) çeşitlerinin melezlenmesi ile elde edilip F₇ kademesine kadar getirilen pamuk genotipleri materyal olarak kullanılmıştır.

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü öğretim elemanı Doç. Dr. Adem Bardak'tan temin edilen F₇ kademesindeki 231 adet RIL popülasyon pamuk genotipi ile ebeveynler Aşkabat 100 lif kalite özellikleri çok yüksek iken Ekstrem Okra kahverengi renktedir. Standart olarak Devetüyü ve Candia çeşitleri kullanılmıştır. Candia beyaz renkli (*Gossypium hirsutum* L.) Avusturalya orjinli bir çeşit iken, Devetüyü kahverenkli (*Gossypium hirsutum* L.) Türkiye de tescil ettirilmiş bir çeşittir.

Aşkabat 100 (Beyaz-uzun lifli) x Ekstrem Okra (Kahverengi-kısa lifli)

(*Gossypium barbadense* L.) (*Gossypium hirsutum* L.)



3.1.2. Deneme yeri ve yılı

Deneme KSÜ Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümüne ait Uygulama ve Araştırma Birimi'nde bulunan araştırma alanında, 2018 ve 2019 yılları pamuk yetiştirme sezonunda yürütülmüştür. Denemenin yürütüldüğü Kahramanmaraş ili, 37° 11' ve 38° 36' kuzey enlemleri ile 36° 15' ve 37° 42' doğu boylamları arasında yer almaktadır. F₇ kademesindeki pamuk genotiplerinin 2018 yılında tarla koşullarında ekimi yapılmıştır. Yapılan gözlemler sonucunda zayıf gelişme ve lif özelliklerine sahip pamuk genotipleri elimine edilerek dayanıklı genotipler belirlenmiştir. 2019 yılında ise sekanslama işlemini gerçekleştirmek için tekrar ekim yapılmıştır.

3.1.3. Deneme alanının iklim özellikleri

Denemenin yürütüldüğü Kahramanmaraş ili Türkiye'nin Doğu Akdeniz Bölgesinde yer almaktadır. Kahramanmaraş yöresinde Akdeniz iklimi etkili olup gece-gündüz arası sıcaklık farkı düşükken, mevsimler arası sıcaklık farkı ise yüksektir. Kışları genel itibariyle ılık ve yağışlı, yazları ise sıcak ve kuraktır. Kahramanmaraş iline ait 2018, 2019 ve uzun yıllar iklim verileri Çizelge 3.1.'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Kahramanmaraş ili 2018, 2019 ve uzun yıllar yağış, sıcaklık ve nispi nem verileri

<i>Aylar</i>	<i>Yağış (mm)</i>			<i>Sıcaklık (°C)</i>			<i>Nispi Nem (%)</i>		
	<i>2018</i>	<i>2019</i>	<i>UY</i>	<i>2018</i>	<i>2019</i>	<i>UY</i>	<i>2018</i>	<i>2019</i>	<i>UY</i>
<i>Mayıs</i>	52.9	4.0	51.8	21.7	23.1	20.3	52.6	44.0	53.7
<i>Haziran</i>	39.4	6.2	8.2	25.4	27.2	26.0	49.1	48.0	46.4
<i>Temmuz</i>	0.3	0.1	1.1	28.6	28.4	29.6	46.2	47.2	44.2
<i>Ağustos</i>	0.0	0.1	0.9	29.1	29.5	29.5	43.8	47.7	48.7
<i>Eylül</i>	0.6	1.5	14.3	27.2	26.3	25.7	38.4	41.2	45.4
<i>Ekim</i>	115.0	36.6	37.9	19.8	21.3	19.6	51.5	55.1	48.1
<i>Kasım</i>	33.2	39.1	76.8	12.7	13.5	11.7	66.7	56.2	60.2
<i>Toplam</i>	148.2	87.6	191	164.5	169.3	162.4	348.3	339.4	346.7
<i>Ort.</i>	21.17	12.51	27.28	23.5	24.18	23.2	49.75	48.48	49.52

3.1.4. Deneme alanının toprak özellikleri

Denemenin gerçekleştirildiği Tarla Bitkileri Bölümü Uygulama ve Araştırma Birimi'ndeki deneme alanı arazisinden, 0 - 30 cm derinlikten alınan toprak örneklerinin fiziksel ve kimyasal analizleri, KSÜ Ziraat Fakültesi Toprak Bölümü laboratuvarında yapılmıştır. Yapılan toprak analizlerine göre deneme topraklarının fiziksel ve kimyasal yapısı Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.2. Deneme alanı 2018 ve 2019 yılları toprak analiz sonuçları

<i>Analiz yapılan parametreler</i>	<i>2018</i>	<i>Yorumlar</i>	<i>2019</i>	<i>Yorumlar</i>
<i>Derinlik (cm)</i>	0-30		0-30	
<i>Saturasyon (%)</i>	61.6	Killi-Tınlı	59.4	Killi-Tınlı
<i>pH</i>	7.45	Nötr	7.53	Hafif Alkali
<i>Tuz (%)</i>	0.14	Tuzsuz	0.13	Tuzsuz
<i>Kireç (%)</i>	1.60	Kireçli	2.19	Kireçli
<i>Organik Madde (%)</i>	1.82	Az	2.65	Orta
<i>Potasyum K₂O (kg da⁻¹)</i>	141.5	Yeterli	112.1	Yeterli
<i>Fosfor P₂O₅ (kg da⁻¹)</i>	5.76	Az	5.78	Az

3.2. Metot

Çalışma, laboratuvar ve tarla şartlarında kahverengi renk belirleme ve bu renkle ilişkili markör belirleme çalışmalarından oluşmaktadır.

3.2.1. Tarla denemeleri

Denemede pamuk genotiplerine ait tohumlar, 2018 yılında 231 adet genotip Augmented deneme desenine göre 5 blok olarak yürütülen çalışmada blok uzunluğu 4 m, bloklar arası 1 m, sıra arası 70 cm ve sıra üzeri 20 cm olacak şekilde pamuk genotipleri ile ebeveyn ve standart çeşitler 5 kez tekerrür ederek, ekimi 27.05.2018 tarihinde gerçekleştirilmiştir. Pamuk bitkilerinde kendilemeye devam edilmiştir. Bu amaçla bitkilerin çevrelerine dikilen demir kazıklar ve tüller yardımıyla çiçeklenme döneminde bitkilerin izolasyonu sağlanmıştır. Yapılan gözlemler sonucunda elde edilen üstün fenotipik özelliklere sahip pamuk genotipleri seçilmiştir. Denemenin ikinci yılında (2019), önceki yıldan gelen ve seçilen 100 adet F₈ genotiplerine ait kendilenmiş tohumlar, ebeveynler ve standart çeşitler ile augmented deneme desenine göre 4 blok olarak ekilmiştir. Çalışmada blok uzunluğu 4 m, bloklar arası 1 m, sıra arası 70 cm ve sıra üzeri 20 cm her genotip iki sıra olacak şekilde ekimleri 23.05.2019 tarihinde yapılmıştır. Ekimden önce 6 kg da⁻¹ saf azot ve fosfor 20-20-0 kompoze gübre cinsinden taban gübresi uygulanmış ve toprak hazırlığından sonra el ile ekim yapılmıştır. Temmuz ayının ilk haftasında sulamaya başlanmış olup, 5 gün ara ile damlama sulama yapılmıştır. İlk sulama

öncesi el ile 6 kg da⁻¹ hesabıyla Amonyum sülfat uygulaması yapılmıştır. Son gübreleme ise 3. su öncesi el ile saf 6 kg da⁻¹ N hesabıyla % 46'lık üre gübresi verilerek gübreleme sonlandırılmıştır. Trips (*Thrips tabaci* L.) pamuk zararlısına karşı ilaçtan 100 ml da⁻¹ hesabıyla 3 kez ilaçlama yapılmıştır. Gelişmekte olan pamuk fidelerini yabancı otlardan korumak, topraktaki suyun buharlaşmayla kaybolmasını önlemek, fidelerin köklerinin gelişmesini ve derinlere inmesini sağlamak için 3 kez el ve 3 kez traktör çapası yapılmıştır. İkinci yılı oluşturan F₉ generasyonunda da bitkiler birinci yılda uygulanan yöntem kullanılarak kendileme uygulaması tekrarlanmıştır. Hasat işlemi ilk yıl (2018), kozaların % 50-60'ının açtığı dönemde 17.10.2018 ve 01.11.2018 tarihlerinde olmak üzere iki defada yapılmıştır. İkinci yıl (2019) 12.10.2019 ve 19.10.2019 tarihlerinde olmak üzere iki defada yapılmıştır.

3.2.2. Kullanılan makina ve cihazlar ile incelenen özellikler

3.2.3.1. Rollergin çırçır makinası

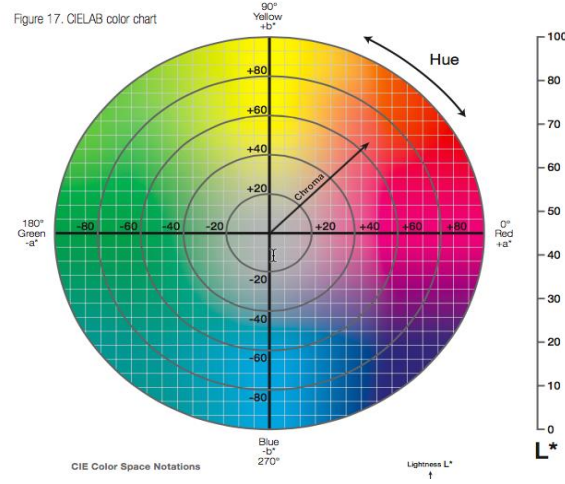
KSÜ Ziraat Fakültesi Tarla Bitleri Bölümü Çırçır Laboratuvarında bulunan randıman rollergin çırçır makinesi ile kütlü pamuğun liflerini tohumdan ayırmak için kullanılmıştır.

3.2.2.2. HVI (High Volume Instruments) cihazında saptanan lif özellikleri

HVI (High Volume Instruments) cihazı kullanılarak lif pamuk örneklerinin lif inceliği (micronaire), üst yarı ortalama uzunluk (UHML) (mm), ortalama uzunluk (ML) (mm), lif uzunluk uyum indeksi (üniformite indeksi) (%), lif kopma dayanıklılığı (lif mukavemeti) (g tex⁻¹), lif kopma uzaması (elastikiyet) (%) özellikleri incelenmiştir.

3.2.2.3. Datacolor 650d cihazında saptanan renk özellikleri

Elde edilen liflerin renkleri Datacolor marka 650d Spektrofotometre renk analiz cihazı ile ölçülünerek rakamlara dönüştürülmüştür. Cihaza numune olarak Candia pamuk çeşidi okutulup sonra mevcut pamuk liflerinin renk değerleri tespit edilmiştir. Ebeveynler, standartlar, F₈ ve F₉ bireylerine ait pamuk lif renkleri renk ölçer cihazı (Datacolor 650d Spechtrophotometer) ile ölçülünerek rakamlara (DL, Da, Db, Dc, Dh, dE) dönüştürülmüştür.



Şekil 3.1. Renk dağılım diyagramı

DL: Toplam (siyah- beyaz) renk değişimini vermektedir; pozitif değer parlaklığı, negatif değer koyuluğu ifade etmektedir.

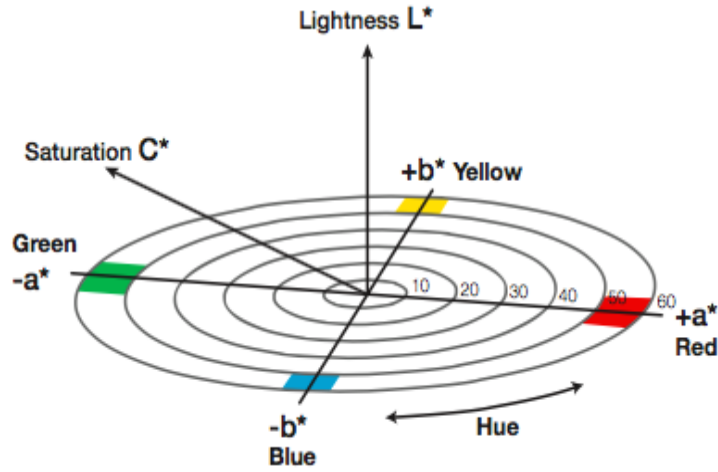
Da: Toplam (kırmızı-yeşil) renk değişimini vermektedir; pozitif değer kırmızı rengi, negatif değer yeşil rengi temsil etmektedir.

Db: Toplam (sarı-mavi) renk değişimini vermektedir; pozitif değer sarı rengi, negatif değer mavi rengi belirtmektedir.

Dc: Renk doygunluğunu ifade etmektedir; pozitif değer daha parlak, negatif değer daha soluk olduğunu göstermektedir.

Dh: Ton farkındaki farklılığı ifade etmektedir.

dE: Birbirinden bağımsız olarak incelenmiş toplam renk değişimini vermektedir.



Şekil 3.2. Boyutsal renk dağılımı

3.2.3. Kahverengi lif özelliği ile ilişkili markör belirleme

Kahverengi lif özelliği ile ilişkili markör belirleme çalışmasında, F₉ kademesindeki lif renklerine göre seçilmiş 94 pamuk genotipi ve 2 adet ebeveynden, sekanslama yoluyla genotipleme (GBS: Genotyping by Sequencing) yöntemiyle elde edilen tek nükleotid polimorfizmi (SNP: Single Nucleotide Polymorphism) (Tek nükleotid farklılığı) kullanılmıştır.

3.2.3.1. Yaprak örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu

Bitkiler 4-5 gerçek yaprak oluşturdıklarında yaprak örnekleri alınarak saf su ile temizlenip kuru buz içerisinde muhafaza edilerek kullanılıncaya kadar -80 °C'de saklanmıştır.

DNA izolasyonu için Zhang ve Stewart (2000)'ın geliştirdiği protokol modifiye edilerek uygulanmıştır. 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⁻¹ CTAB, % 2 Polyvinylpyrrolidone-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, ezilen bu yaprak parçaları tüplere konularak üzerine 0.5 ml chloroform eklenip çalkalanarak 65 °C sıcaklıktaki su banyosunda 1 saat bekletilmiştir. Su banyosundan alınıp +4 °C'de 10 dakika 12000 (rpm) devirde 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 devirde, +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 eklenerek DNA izolasyonu tamamlanmıştır. Çalışmada kullanılan cihazlar ve kimyasallar Çizelge 3.4’te verilmiştir.

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan cihazlar ve kimyasallar

<i>Kullanılan cihaz ve kimyasallar</i>	<i>Kullanım amaçları</i>
-80 buzdolabı	Numune muhafaza
-24 buzdolabı	Numune muhafaza
Hot surface shaker	DNA izolasyon
Nanodrop	Nükleik asit konsantrasyon ölçümü
Sıcak su banyosu	DNA izolasyon
Kuru buz	DNA izolasyon
Etüv (inkübatör)	Kültür geliştirme
Laminar kabin	Temizlik ve güvenlik gerektiren tüm çalışmalar
UV cihazı	Jel görüntüleme
Yatay Elektroforez	DNA’ları yürütme
pH ölçer	pH ayarı
Küçük santrifüj	1.5 veya 2 ml’lik ependorf tüpleri
Büyük santrifüj	15 ml’lik falkon tüpler
Hassas terazi	Hassas tartım
Mikrodalga fırın	Agaroz çözme
Otoklav	Steril
1-1000 arası mikropipetler	Hacim ayarı
Dispenser	DNA izolasyon
Havan	DNA izolasyon
Tokmak	DNA izolasyon
Saf su cihazı	DNA izolasyon
Çalkalayıcı	DNA izolasyon
Vorteks	DNA izolasyon
10×buffer (Ekstraksiyon buffer)	DNA izolasyon
EDTA (pH:8)	DNA izolasyon
Tris-HCl	DNA izolasyon
CTAB	DNA izolasyon
Phenanthroline	DNA izolasyon
Polvinyl-pyrrolidone	DNA izolasyon
Merchптоethanol	DNA izolasyon
Kloroform isoamily (24:1)	DNA izolasyon
İsopropanol	DNA izolasyon
RNAs	DNA saflaştırma
Proteinaz K	DNA saflaştırma
HCl	pH dengesi
Asetik asit	DNA izolasyon
TAE	Jel elektroforez

Brophophenol mavisi	Jel yükleme boyası
TBE (Tris borik edta)	Elektroforez çözeltisi
%80'lik etil alkol	DNA izolasyon
%70'lik etil alkol	DNA izolasyon
DNA Ladder	DNA Fragment cetveli

3.2.3.2. DNA konsantrasyonu ve saflığının belirlenmesi

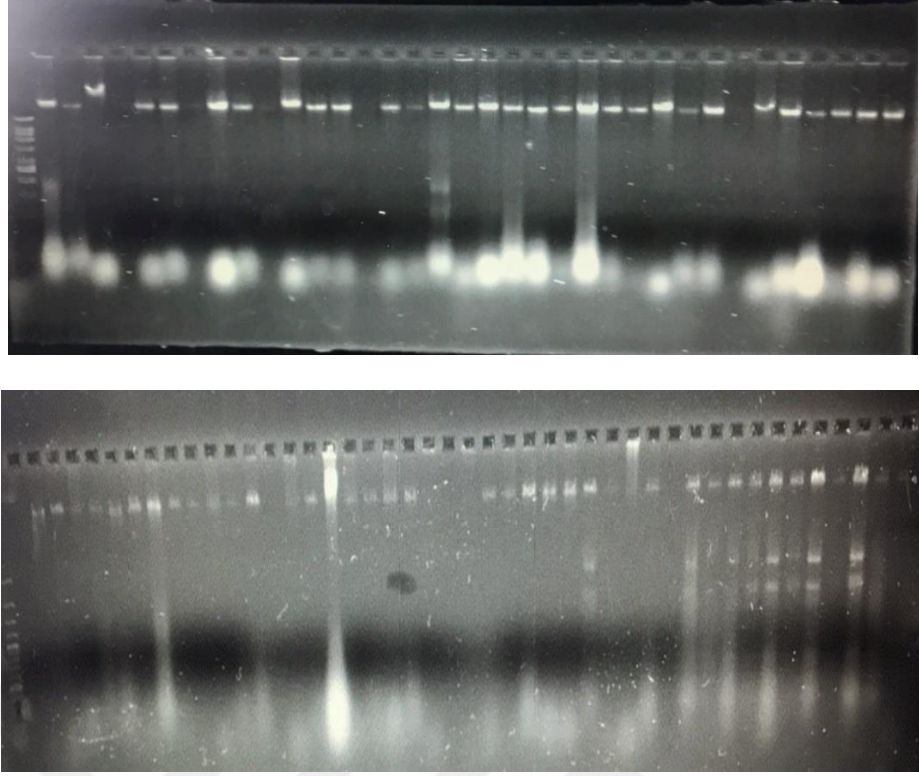
İzolasyonları yapılan pamuk DNA'ları % 1'lik Agaroz jelde TAE [(1×TAE; 4.84 g Tris, 1.142 mL Asetik Asit, 2 mL 0.5 Molar (M) EDTA (Tris-Asetat-EDTA, Ph:8)] çözeltisi içerisinde 50 mA elektrik akımında elektroforez yapılarak ultra viyole (UV) ışık altında görüntüleme yapılmıştır (Şekil 3.3). Ayrıca izole edilen DNA'ların konsantrasyon ve saflık dereceleri Nanodrop Spektrofotometre 2000 yardımıyla belirlenmiştir. Saflık ve konsantrasyonları ayarlanan 94 adet DNA özel bir plate konularak Diversity Array Technology (Canberra/Avustralya) firmasına gönderilmiştir.

Çizelge 3.4. Pamuk genotiplerinin Nanodrop konsantrasyonları

	<i>Genotip</i>	<i>Nucleic Acid Conc. (ng/μl)</i>	<i>260/280</i>
1	242	108.6	2
2	183	170	1.75
3	24	343.7	1.69
4	115	230.7	1.75
5	284	472.9	2.03
6	308	126.5	2.12
7	203	104.5	2.07
8	204	338.1	2.04
9	98	202.2	2.02
10	248	184.7	1.97
11	288	105.2	1.61
12	182	261.1	1.88
13	83	272.1	1.98
14	25	42.5	1.74
15	339	386.7	2.02
16	32	578	1.92
17	99	305	1.88
18	176	73.1	2.01
19	39	187.8	1.76
20	224	305.2	1.98
21	143	267.2	2.03
22	246	179.4	1.76
23	319	342	2.02
24	314	89.2	1.93
25	27	261.9	2.02

26	206	240.5	2.08
27	130	111.6	1.74
28	59	390.1	1.99
29	47	135.7	2.11
30	50	417	1.89
31	306	482.7	2.07
32	158	350.3	2.04
33	275	145.5	1.6
34	234	234.6	2.15
35	44	125.7	2.01
36	87	268.5	2
37	80	26	2
38	178	379.6	1.97
39	108	164.7	1.87
40	35	22.9	1.98
41	328	459.5	1.97
42	207	202.6	2.03
43	11	15.7	2.01
44	1	232.8	2
45	191	92.2	2.13
46	15	120.3	1.65
47	10	40.4	1.93
48	167	155.7	1.8
49	67	80.2	1.99
50	264	112.1	2.12
51	64	357.3	1.73
52	263	154.8	1.93
53	154	186.1	2.07
54	218	136.1	2.03
55	264	152.4	1.81
56	28	230.7	2.04
57	3	116.4	1.76
58	159	55.5	1.64
59	20	246.1	1.89
60	146	154.1	1.7
61	126	139.7	2.04
62	297	1.000	-6.73
63	195	318.1	1.98
64	199	327.1	1.42
65	70	304.1	2.13
66	16	216.1	2.01
67	216	267.7	1.8
68	204	181.5	1.97
69	174	232.3	1.92
70	39D	202.6	1.9
71	328D	425.6	1.97
72	315	127.2	1.91
73	311	174.2	1.85
74	198	140.4	2.02
75	179	270.0	2.05

76	267	334.9	2.02
77	166	283.2	1.96
78	131.2	97.90	2.17
79	136	89.50	1.77
80	122	333.0	1.99
81	103	154.6	2.16
82	112	563.1	1.76
83	91	158.1	2.15
84	70	240.8	2.14
85	214	158.1	2.13
86	116	165.7	2.16
87	131.1	230.1	2.13
88	91	91.00	2.18
89	188	137.6	2.13
90	80	62.80	2.28
91	25	279.0	2.12
92	Aşkabat 100	210.7	2.08
93	Ekstrem okra	115.4	1.89
94	290	76.70	1.92
95	171	255.0	1.84
96	54	140.7	1.78
97	297	62.9	1.79
98	214	255.3	1.66
99	103	306.8	2.00
100	207	128.1	1.71
101	91	199.5	1.88
102	207	182.1	2.08
103	243	264.0	1.69



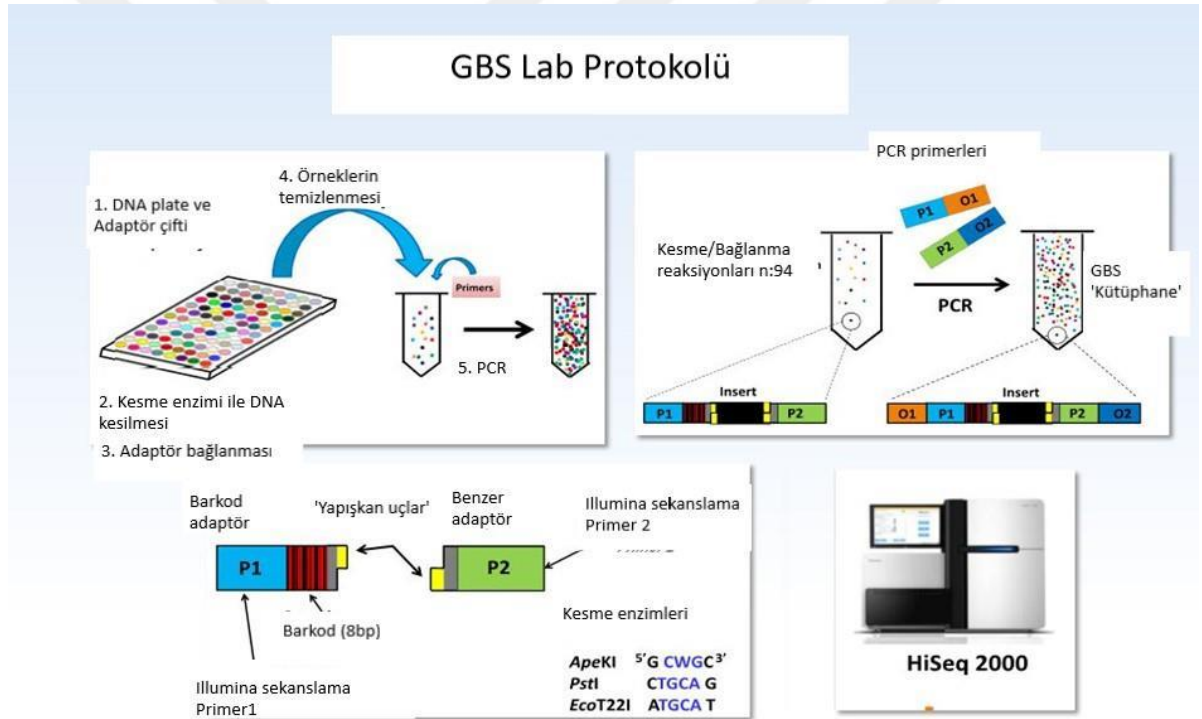
Şekil 3.3. Genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü

3.2.4. GBS metodu

İzole edilmiş DNA'lar bir plate olarak Diversity Arrays Technology Pty. Ltd. şirketine Canberra, Avusturalya'ya gönderilmiştir. Şirket DArTseq adlı bir yöntem geliştirmiştir. DArTseq, genom karmaşıklığını azaltma yöntemlerini ve yeni nesil dizileme platformlarını birleştirmektedir. GBS analizleri Elshire ve ark. (2011) ve Poland ve ark. (2012)'in uyguladıkları yönteme göre DART firmasında gerçekleştirilmiştir. Ham dizi verilerinin elde edilmesi ve SNP'lerin belirlenmesi ve diğer işlemler Şekil 3.5'te gösterilmiştir.

SNP genotiplendirmelerinde, NGS (Next Generation Sequencing) (Yeni Nesil Dizileme) yaklaşımları ile geliştirilen GBS (Genotyping by Sequencing) (Dizileme ile genotiplendirme) giderek popüler olmaktadır. Genom dizileme, SNP varyasyonlarının tespitine olanak sağlamakla birlikte, genotipleme amaçlı derinlemesine genom boyutlu dizilemeler günümüzde ekonomik görülmemektedir. Bu kapsamda ekonomik olarak ucuz NGS teknolojilerinin kullanıldığı GBS gibi rutin genotip tanımlamalarda kullanılacak yaklaşımlar geliştirilmiştir. Bu tür genotipleme sistemlerinde esas olarak düşük derinlikte (coverage) dizilemeler yapılırken, NGS cihazlarında değişik barkodlanmış DNA örneklerinin çoklu okumaları bir örnek gibi koşturulmakta ve maliyet düşürülmektedir.

Basitçe, GBS ‘genotyping by sequencing’ tekniğinde düşük derinlikte okumalar yapılmaktadır. Örneğin çeltikte harita popülasyonu için bu derinlik 0.02X-0.13X iken, farklı genotipleri içeren türlerde ise, 1X derinlikte okumalar yapılmaktadır. Ancak bu dizilemeler/okumalar tüm genom boyunca yayılmakla birlikte, düşük derinlikteki okumalardan dolayı aranan herhangi bir lokusta SNP tespiti güçleşebilmektedir. Bu nedenle GBS yaklaşımlarında dizi okumaları tüm genomda değil, genomda alt bölgelere yönelik yapılmakta ve tercihen SNP tespitinde kullanılacak ayırık lokuslar tercih edilmektedir. Orjinal olarak tek enzim kesimine dayanan GBS protokolü, iki-enzim sistemine modifiye edilmiş ve arpa, buğday, yulaf ve pamuk gibi bitkilerde başarı ile uygulanmıştır.



Şekil 3.4. GBS Lab protokolü

3.2.5. İstatistiksel analizler

Renk ve verim karakterlerine ait özellikler için varyans analizi ve LSD (Least significant difference) student t testi JMP 7 paket programında belirlenmiştir. (https://www.jmp.com/en_dk/software.html). Microsoft excel'de verilerin ortalaması kullanılarak frekans grafikleri yapılmıştır.

Kendilenmiş saf pamuk hatlarının kahverengi ile ilişkili SNP markörü belirlemek

iin TASSEL 5 bilgisayar paket programı ile filtreleme iřlemi gerekleřmiřtir. Bu amala ncelikle GBS metodu sonucu elde edilen SNP markrlerinin minr allel frekansı 0.05'ten kk olanlar ($MAF < 0.05$) program yardımıyla belirlenerek ıkarılmıř ve datalar analize hazır hale getirilmiřtir. IC Map ile haritalama iřlemi, Qgene istatistik programı ile QTL analiz gerekleřtirilmiřtir. Composit Interval Haritalama (CIM) yntemi ile standart program ayarları kullanılarak LOD deėeri ($LOD > 2.5$) olan kantitatif karakter lokusları belirlenmiř ve izelgeler zerinde gsterilmiřtir.



4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Pamuk tropikal ve subtropikal bölgelerde yetiştirilen bir sıcak iklim bitkisi. Artan sıcaklıklar ve yağışların eşit olmayan dağılımı küresel düzeyde pamuk üretimini etkilemektedir.

Elyaf kalite özellikleri ekimi yapılan 2018 ve 2019 yıllarında ayrı ayrı analiz edilmiştir.

Kahramanmaraş koşullarında denemenin yapıldığı yerde doğal renkli pamukların gelişme dönemlerinin bölgede yetiştirilen beyaz lifli çeşitlerle benzer oldukları ve aynı koşullarda yetiştirebilecekleri anlaşılmıştır. İki yıl süre ile kurulan renkli pamuk denemesinde elde edilen fenotipik analizler ve genotipik analizler olmak üzere değerlendirilerek, aşağıda verilmiştir.

4.1. Aşkabat 100 × Ekstrem Okra F₈ ve F₉ Generasyonlarının DL, Da, Db, Dc, Dh, dE Özellikleri ile İlgili Fenotipik Açılımlar

4.1.1. Pamuk genotiplerinin DL değerleri

Pamuk genotiplerinin DL değeri ile ilişkili varyans analiz sonuçları Çizelge 4.1'den, genotip ortalamaları Şekil 4.1'den izlenebilmektedir. Genotipler arasındaki fark ile yıl×genotip interaksyonunun çok önemli ($p<0.01$) olduğu tespit edilmiştir. Pamuk genotipleri beyazın tonlarından kahverenginin tonlarına kadar geniş bir skala göstermiştir. Parlaklıktaki değişimi ifade eden DL değeri genellikle negatif değer almıştır.

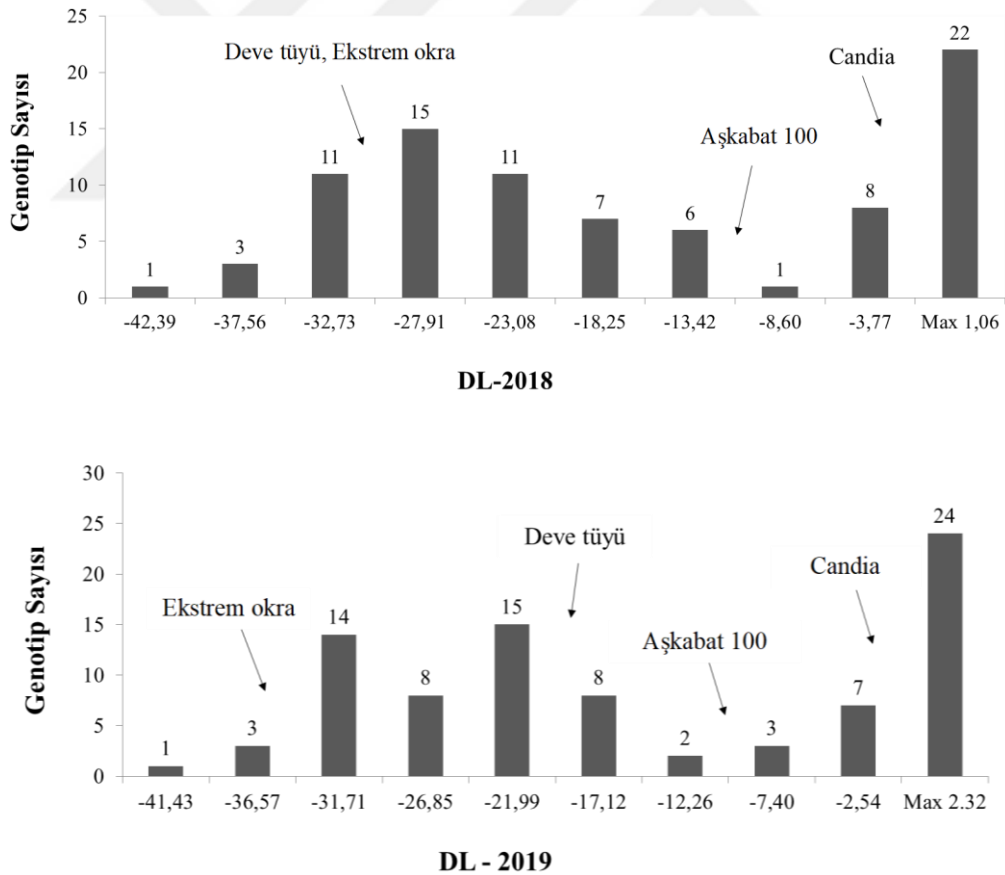
Çizelge 4.1. DL değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	109.27	109.27	17.99
<i>Tekerrür</i>	2	5.67	2.83	0.46
<i>Genotip</i>	97	109005.27	1123.76	185.02**
<i>Yıl×genotip</i>	97	4266.30	43.98	7.24**
<i>Hata</i>	389	2362.68	6.07	
<i>C. Toplam</i>	586	115754.87		
<i>% CV : %8</i>				

** $p<0.01$

DL değeri toplam (siyah-beyaz) renk değişimini vermektedir; pozitif değer parlaklığı, negatif değer koyuluğu ifade etmektedir. 2018 yılında elde edilen DL değerleri -42,39 ile 1,06 arasında değişiklik göstermiştir. Ebeveyn Ekstrem okra -23,49 değerini

alırken Aşkabat 100 -9,49 değerini almıştır. 39 adet genotip -23,49'un altında değer alırken, 14 adet genotip -23,49 ile -9,49 arasında değer almıştır. 30 adet genotip ise -9,49'dan büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia -0,53 değerini alırken Deve tüyü -25,23 değerini almıştır. 82 adet genotip negatif değer alırken, 3 adet genotip pozitif değer almıştır. 2019 yılında elde edilen DL değerleri -41,43 ve 2,32 arasında değişiklik göstermiştir. Ebeveyn Ekstrem okra -34,58 değerini alırken Aşkabat 100 -7,68 değerini almıştır. 9 adet genotip -34,58'in altında değer alırken, 43 adet Genotip -34,58 ile -7,68 arasında değer almıştır. 31 adet genotip -7,68'den büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,77 değerini alırken Deve tüyü -19,65 değerini almıştır. 77 adet genotip negatif değer alırken, 8 adet genotip pozitif değer almıştır. Kullanılan standart Candia çeşidine göre genotiplerin çoğunluğunun koyu olduğunu göstermektedir. Cuming (2011), beyaz ve yeşil renkli genotipler üzerinde yaptığı çalışmada parlaklık değerinin -35,6 ve -5,83 arasında değişen bir skala elde etmiştir.



Şekil 4.1. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları DL değerleri dağılımı

4.1.2. Pamuk genotiplerinin Da değeri

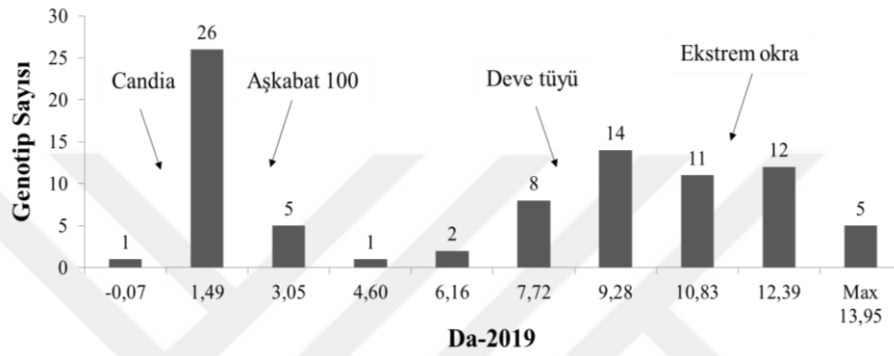
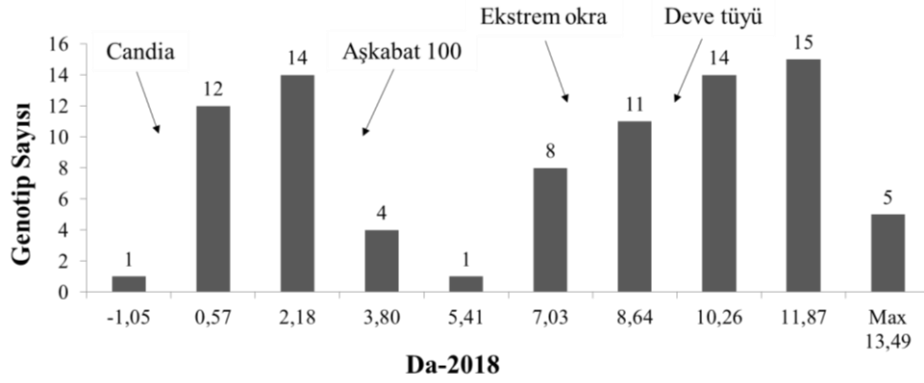
Pamuk genotiplerinin Da değeri ile ilişkili varyans analiz sonuçları Çizelge 4.2’de verilmiştir. Da özelliği yönünden genotipler arasındaki fark ile yıl×genotip interaksiyonunun çok önemli ($p<0.01$) olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.2.).

Çizelge 4.2. Da değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	0.15	0.15	0.31
<i>Tekerrür</i>	2	0.22	0.11	0.23
<i>Genotip</i>	97	11564.06	119.21	245.68**
<i>Yıl×genotip</i>	97	341.28	3.51	7.25**
<i>Hata</i>	389	188.76	0.48	
<i>C. Toplam</i>	586	12094.56		
% CV : % 8				

** $p<0.01$

Da değeri toplam (kırmızı-yeşil) renk değişimini vermektedir; pozitif değer kırmızı rengi, negatif değer yeşil rengi temsil etmektedir. Da ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler -1,05 ile 13,49 arasında değer almıştır. Ebeveyn Ekstrem okra 8,01 değerini alırken Aşkabat 100 2,57 değerini almıştır. 44 genotip 2,32’nin altında değer alırken, 18 genotip 2,32 ile 8,44 arasında, 38 adet genotip 8,44’ten büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,25 değerini alırken Deve tüyü 9,33 değerini almıştır. 2019 yılında genotipler -0,07 ile 13,95 arasında değer almıştır. Aşkabat 100, 2,59 değerini alırken Ekstrem okra 11,98 değerini almıştır. 30 adet genotip Aşkabat 100’ün altında değer alırken 47 adet Genotip 2,59 ile 11,98 arasında, 6 adet genotip 11,98’den büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,30 değerini alırken Deve tüyü 8,17 değerini almıştır. Her iki yılda da 5 adet genotip negatif değer alırken, 80 adet genotip pozitif değer almıştır.



Şekil 4.2. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Da değerleri dağılımı

Araştırmada Da açısından elde ettiğimiz bulgular, eklemeli gen etkilerinin renk yönetiminde önemli olduğunu bildiren Çetin (2022) ile benzerlik göstermiştir.

4.1.3. Pamuk genotiplerinin Db değerleri

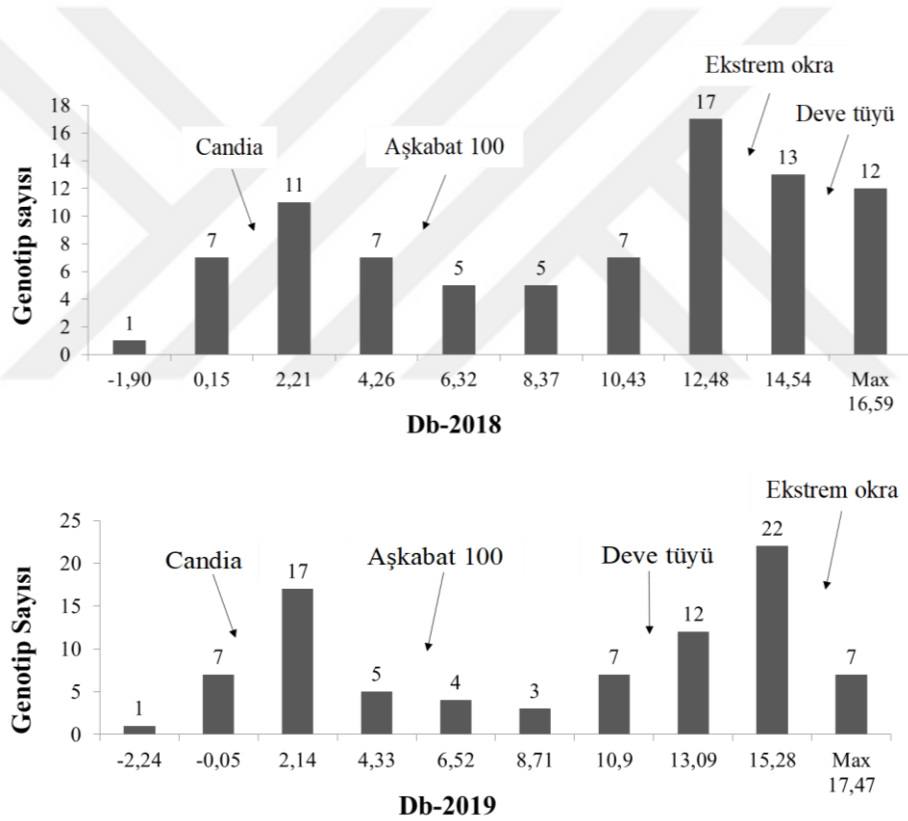
Pamuk genotiplerinin Db değeri ile ilişkili varyans analiz sonuçları Çizelge 4.3' ten, genotip ortalamaları Şekil 4.3'ten izlenebilmektedir. Genotipler arasındaki fark ile yıl×genotip interaksiyonunun çok önemli ($p<0.01$) olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.3. Db değerlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Yıl	1	4.99	4.99	3.48
Tekerrür	2	1.59	0.79	0.55
Genotip	97	19583.05	201.88	140.75**
Yıl×genotip	97	426.55	4.39	3.06**
Hata	389	557.96	1.43	
C. Toplam	586	20571.61		
% CV : % 8				

** $p<0.01$

Db değeri toplam (sarı-mavi) renk değişimini vermektedir; pozitif değer sarı rengi, negatif değer mavi rengi belirtmektedir. Db ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler -1,9 ile 16,59 arasında değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100, 5,29 değerini alırken Ekstrem okra 12,78 değerini almıştır. 29 genotip 5,29'un altında değer alırken, 33 genotip 5,29 ile 12,78 arasında, 32 adet genotip 12,78'den büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia -0,44 değerini alırken Deve tüyü 14,96 değerini almıştır. 2019 yılında genotipler -2,24 ile 17,47 arasında değer almıştır. Aşkabat 100, 4,77 değerini alırken Ekstrem okra 15,34 değerini almıştır. 30 adet genotip Aşkabat 100'ün altında değer alırken 49 adet genotip 4,77 ile 15,34 arasında, 7 adet genotip 15,34'ten büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,89 değerini alırken Deve tüyü 11,28 değerini almıştır.



Şekil 4.3. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Db değerleri dağılımı

Araştırmada Da açısından elde ettiğimiz bulgular, eklemeli gen etkilerinin renk yönetiminde önemli olduğunu bildiren Çetin (2022) ile benzerlik göstermiştir.

4.1.4. Pamuk genotiplerinin Dc deęerleri

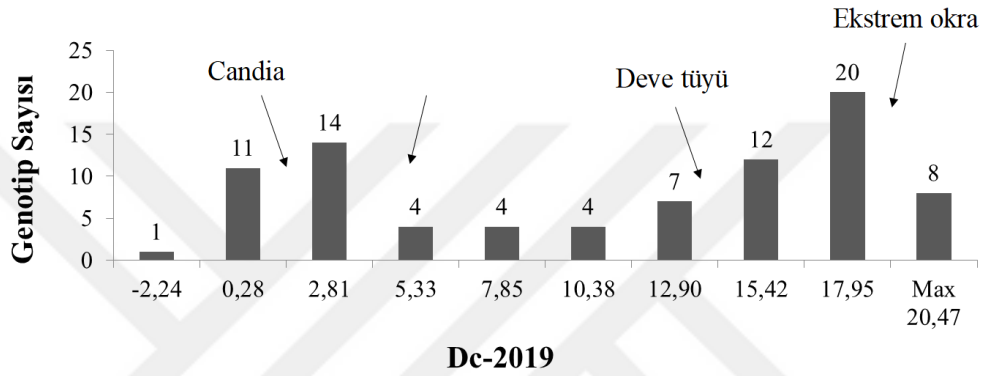
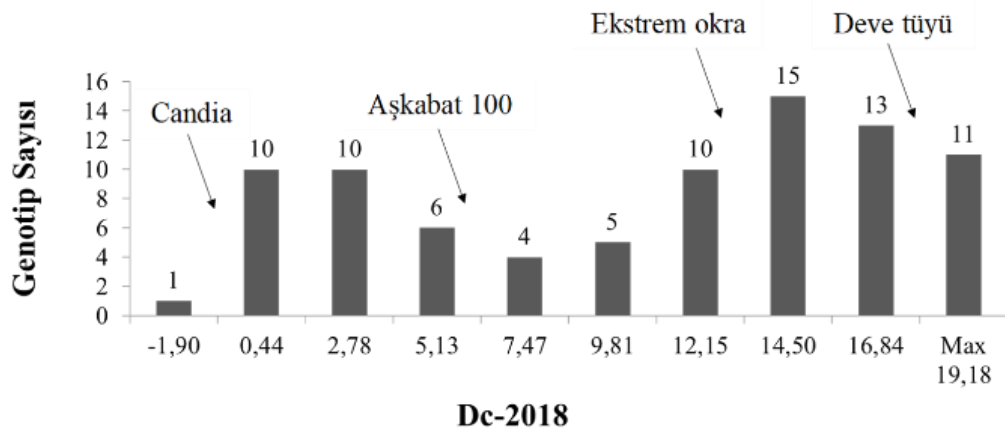
Pamuk genotiplerinin Dc deęeri ile iliřkili varyans analiz sonuları izelge 4.4' ten, genotip ortalamaları řekil 4.4'ten izlenebilmektedir. Yıllar arasındaki farkın önemli ($p<0.05$) olduęu tespit edilmiřtir.

izelge 4.4. Dc deęerlerine ait varyans analiz sonuları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Deęeri</i>
<i>Yıl</i>	1	10.52	10.52	6.29*
<i>Tekerrür</i>	2	1.15	0.57	0.34
<i>Genotip</i>	97	26698.36	275.24	164.52
<i>Yıl×genotip</i>	97	569.57	5.87	3.50
<i>Hata</i>	389	650.77	1.67	
<i>C. Toplam</i>	586	27928.86		
% CV : % 8				

* $p<0.05$

Dc deęeri renk doygunluęunu ifade etmektedir; pozitif deęer daha parlak, negatif deęer daha soluk olduęunu gstermektedir. Dc ile ilgili lmler deęerlendirildięinde; 2018 yılında genotipler -1,90 ile 19,18 arasında deęer almıřtır. Ebeveyn Ařkabat 100, 5,58 deęerini alırken Ekstremler okra 14,50 deęerini almıřtır. 29 genotip 5,58'in altında deęer alırken, 32 genotip 5,58 ile 14,50 arasında, 23 adet genotip 14,50'den byk deęer almıřtır. Standart eřitlerden Candia -0,41 deęerini alırken Deve ty 16,86 deęerini almıřtır. 2019 yılında genotipler -2,24 ile 20,47 arasında deęer almıřtır. Ařkabat 100, 5,44 deęerini alırken Ekstremler okra 18,25 deęerini almıřtır. 32 adet genotip Ařkabat 100'n altında deęer alırken, 47 adet Genotip 2,59 ile 11,98 arasında, 6 adet genotip 11,98'den byk deęer almıřtır. Standart eřitlerden Candia 0,91 deęerini alırken Deve ty 12,99 deęerini almıřtır.



Şekil 4.4. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Dc değerleri dağılımı

4.1.5. Pamuk genotiplerinin Dh değerleri

Pamuk genotiplerinin Dh değeri ile ilişkili varyans analiz sonuçları Çizelge 4.5'ten, genotip ortalamaları Şekil 4.5'ten izlenebilmektedir. Genotipler ve yıllar arasındaki fark ile yıl× genotip interaksiyonunun çok önemli ($p<0.01$) olduğu tespit edilmiştir.

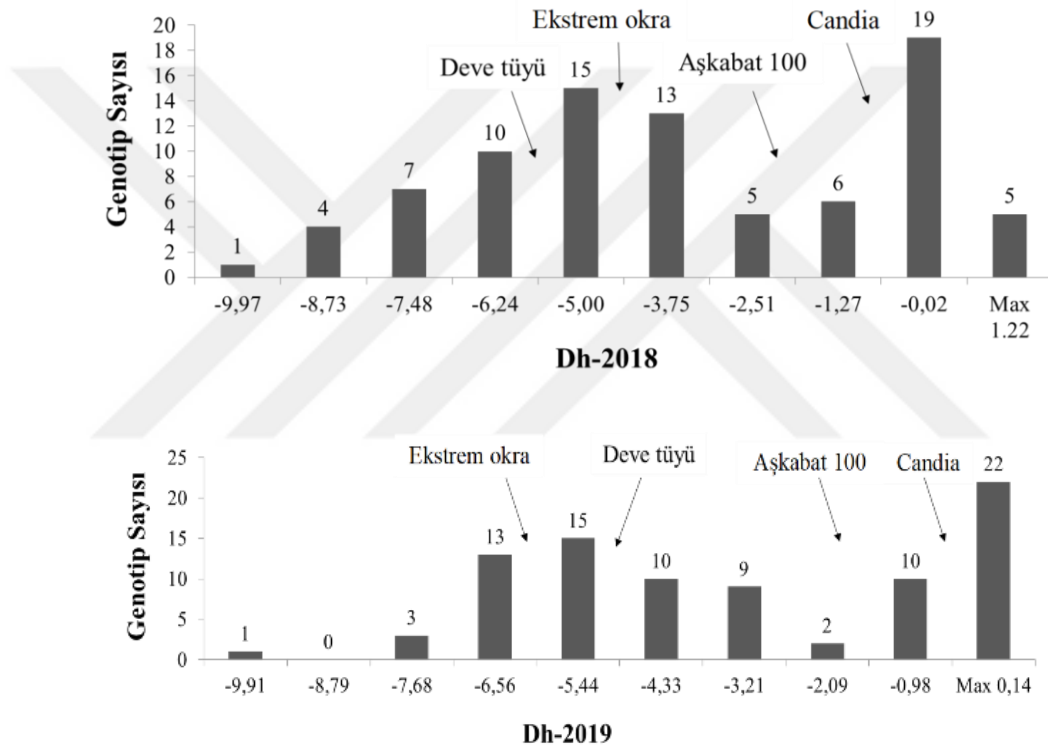
Çizelge 4.5. Dh değerlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Yıl	1	4.66	4.66	17.12**
Tekerrür	2	0.18	0.09	0.33
Genotip	97	4609.25	47.51	174.46**
Yıl×genotip	97	229.21	2.36	8.67**
Hata	389	105.95	0.27	
C. Toplam	586	4949.67		
% CV : % 8				

** $p<0.01$

Dh değeri ton farkındaki değişikliği ifade etmektedir. Dh ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler -9,97 ile 1,22 arasında değer almıştır.

Ebeveyn Aşkabat 100, -1,69 değerini alırken Ekstremler okra -4,70 değerini almıştır. 45 adet genotip -4,70'in altında değer alırken, 14 genotip -4,70 ile -1,69 arasında, 28 adet genotip -1,69'dan büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia -0,29 değerini alırken, Deve tüyü -5,18 değerini almıştır. 2019 yılında genotipler -9,91 ile 0,14 arasında değer almıştır. Aşkabat 100, -1,89 değerini alırken Ekstremler okra -6,60 değerini almıştır. 15 adet genotip Ekstremler okra'nın altında değer alırken, 38 adet genotip -6,60 ile -1,89 arasında değer almış, 31 adet genotip -1,89'dan büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia -0,22 değerini alırken Deve tüyü -5,04 değerini almıştır.



Şekil 4.5. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları Dh değerleri dağılımı

4.1.6. Pamuk genotiplerinin dE değerleri

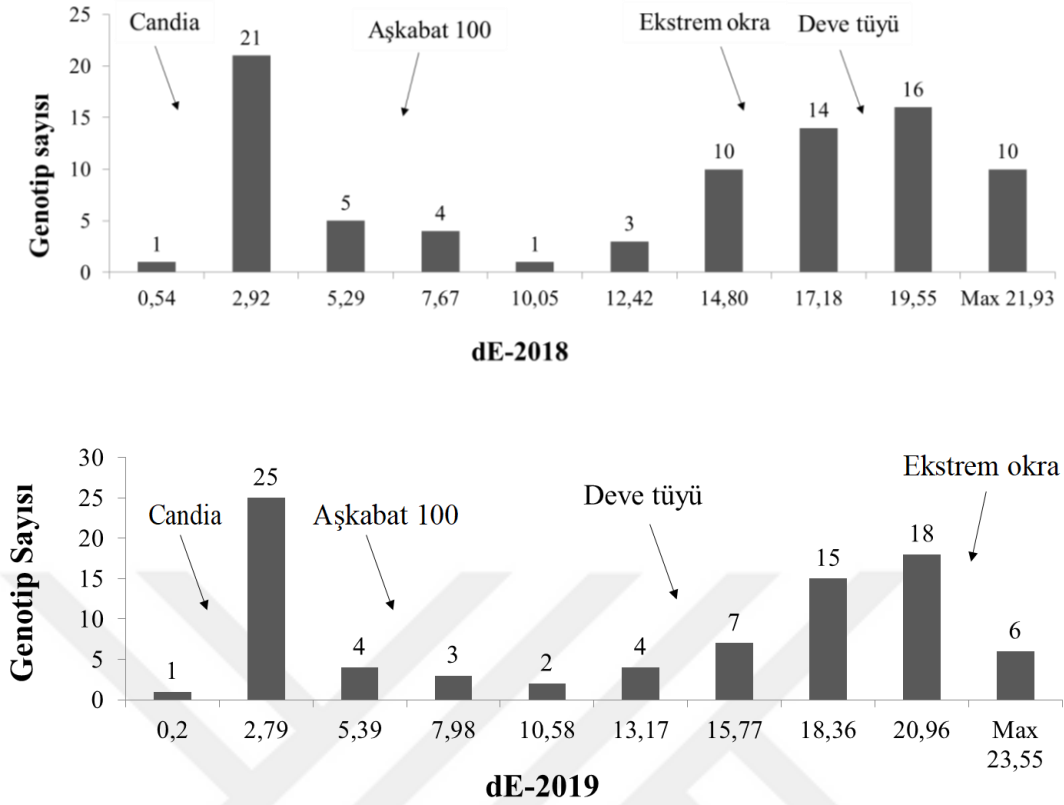
Pamuk genotiplerinin dE değeri ile ilişkili varyans analiz sonuçları Çizelge 4.6'dan, genotip ortalamaları Şekil 4.6'dan izlenebilmektedir. Genotipler arasındaki fark ile yıl×genotip interaksiyonunun çok önemli ($p<0.01$) olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.6. dE değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	0.59	0.59	0.52
<i>Tekerrür</i>	2	0.25	0.12	0.11
<i>Genotip</i>	97	34433.88	354.98	311.80**
<i>Yıl×genotip</i>	97	798.14	8.22	7.22**
<i>Hata</i>	389	442.87	1.13	
<i>C. Toplam</i>	586	35679.19		
% CV : % 8				

** p<0.01

dE değeri birbirinden bağımsız olarak incelenmiş toplam renk değişimini vermektedir. dE ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler 0,54 ile 21,93 arasında değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100 5,83 değerini alırken, Ekstrem okra 15,69 değerini almıştır. 28 adet genotip 5,83'ün altında değer alırken, 20 genotip 5,98 ile 15,69 arasında, 34 adet genotip 15,69'dan büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,54 değerini alırken Deve tüyü 18,30 değerini almıştır. 2019 yılında genotipler 0,20 ile 23,55 arasında değer almıştır. Aşkabat 100, 5,35 değerini alırken Ekstrem okra 21,38 değerini almıştır. 30 adet genotip Aşkabat 100'ün altında değer alırken 51 adet genotip 5,35 ile 21,38 arasında, 3 adet genotip 21,38'den büyük değer almıştır. Standart çeşitlerden Candia 0,79 değerini alırken, Deve tüyü 14,36 değerini almıştır.



Şekil 4.6. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları dE değerleri dağılımı

4.2. Aşkabat 100 × Ekstrem Okra F₈ ve F₉ Generasyonlarının Lif İnceliği, Lif Uzunluğu, Lif Mukavemeti, Lif Üniformitesi ve Lif Elastikiyeti Özellikleri ile İlgili Fenotipik Açılımlar

4.2.1. Pamuk genotiplerinin lif inceliği değerleri

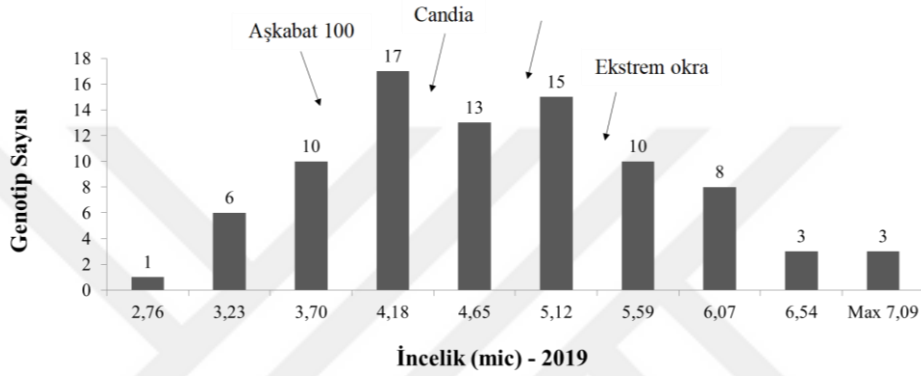
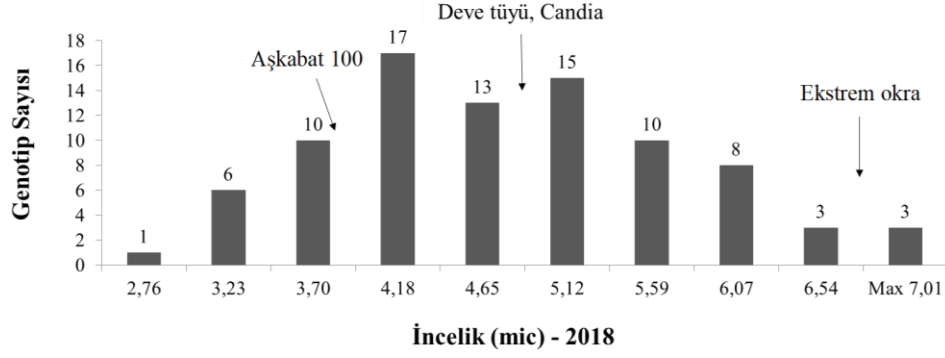
Elyaf inceliği bize elyafın çapı veya elyafın enine kesitinin boyutları hakkında bilgi verir. Birim lif uzunluğu başına ağırlık veya lifin doğrusal yoğunluğu, lif inceliği olarak adlandırılır. Lif inceliği birimi olarak micronaire kullanılmaktadır. Lif inceliği iplik numarası, düzgünsüzlük, mukavemet ve telef değerleri açısından önemlidir. Genotiplerin lif inceliği değerlerine ilişkin varyans analiz sonuçları Çizelge 4.7’de verilmiştir. İncelik özelliği bakımından genotip, yıl, tekerrür ve yıl×genotip interaksiyonu bakımından istatistiki farklılık çok önemli ($p < 0.01$) bulunmuştur (Çizelge 4.7.).

Çizelge 4.7. Pamuk genotiplerinin incelik değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	5.44	5.44	44.42**
<i>Tekerrür</i>	2	3.65	1.82	14.88**
<i>Genotip</i>	98	421.32	4.29	35.05**
<i>Yıl×genotip</i>	98	32.81	0.33	2.73**
<i>Hata</i>	394	48.32	0.12	
<i>C. Toplam</i>	593	511.57		
<i>% CV : % 3</i>				

** p<0.01

Lif inceliği pamukta en önemli lif kalite kriterlerinden biridir. Lif inceliği kalıtsal bir özellik olup varyeteden varyeteye değişir. Uzun elyaflı varyetelerde liflerin çapı, kısa olanlara nazaran daha incedir. Uzun elyaflı Sea Island varyetesinde liflerin çapı 16,5 mikron iken kısa lifli Hint pamuklarında 21,5 mikrondur. İnce lifler sağlam, aynı zamanda yumuşak ve parlaktır. İncelik ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler 2,76 mic ile 7,01 mic arasında değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100, 3,92 mic değerini alırken Ekstrem okra 5,68 değerini almıştır. 21 adet genotip 3,92'nin altında değer alırken, 53 adet genotip 3,92 mic ile 5,68 mic arasında, 10 adet genotip 5,68 mic'ten büyük değer almıştır. Genotiplerimizin çoğunluğu orta ve kaba lif sınıfındadır. 2019 yılında genotipler 2,77 mic ile 7,09 mic arasında değer almıştır. Aşkabat 100, 4,00 mic değerini alırken Ekstrem okra 5,15 mic değerini almıştır. 37 adet genotip Aşkabat 100'ün altında değer alırken 37 adet Genotip 4,00 mic ile 5,15 mic arasında, 10 adet genotip 5,15 mic'ten büyük değer almıştır. 34 adet genotip 3,0 mic. ile 3,9 mic. arasında değer aldıkları için çok ince sınıfına girerken, 37 adet genotip orta sınıfında yer almaktadır. 6,00 mic'ten büyük lifler çok kaba lif sınıfına girmektedir. Gürel ve ark. (2001) renkli pamuk genotiplerinin Ege bölgesinde üretilme olanaklarını araştırdıkları çalışmada Deve tüyü hattının ortalama 4,1 mic ile 4,3 mic değerine, Ekstrem okranın 4,6 mic ile 5,2 mic değerine, kahverengi hatların 3,9 mic ile 4,9 mic aralığında değer aldıklarını bildirmişlerdir. Çalışmamızla benzer sonuçlar elde edilmiştir.



Şekil 4.7. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları incelik değerleri dağılımı

Araştırmada lif inceliği özelliği açısından elde ettiğimiz bulgular ile benzer şekilde Fan (2018), G. Barbadosense türleri 5917xAmerikan Pima S-7 143 RIL popülasyonunda lif inceliği değerlerinin 4,2 mic. ve 4,9 mic. arasında olduğunu bildirmiştir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif inceliği değerleri 2,60 mic. ile 5,50 mic. arasında değişiklik gösterdiğini iletmiştir. Zhang (2019), upland pamukları ile elde ettikleri RIL popülasyonunda lif inceliği değerlerinin 3,69 mic. ve 7,02 mic. arasında olduğunu bildirmiştir.

Ayrıca, krem, açık kahverengi ve koyu kahverengi pamuk genotiplerinin verim ve kalite özelliklerini belirlemek için yürüttükleri çalışmada Efe (2010) ile, RIL popülasyonlar üzerinde çalışmalar yapan Cao (2015), Shang (2016), Liu (2018) ile benzer sonuçlar elde edilmiştir.

4.2.2. Pamuk genotiplerinin lif uzunluğu değerleri

Lif uzunluğu, iplik kalitesini önemli ölçüde etkileyen faktörlerden biridir. Lif uzunluğu, iplik incelik sınırını, elyafın düzgünlüğünü, mukavemeti ve makine ayarlarını etkilemektedir. Herhangi bir liften iplik yapılabilmesi için liflerin birbirine tutunması ve sarılması gerekir. Bunun içinde liflerin yeterli uzunluğa sahip olması gerekir. Ayrıca lif uzunluğu, pamuğun hangi amaçla kullanılabileceği konusunda da fikir vermektedir. Çünkü bazı kumaşların dokunmasında sadece uzun liflerden eğrilmiş iplikler kullanılabilir. Bu nedenle alınacak bir pamuk partisinin uzunluğu ve uzunluk dağılımı bilinmelidir. Uzunluğu 20 mm'den az olan lifler kaba ve düşük kaliteli olarak kabul edilmekte ve 24 mm ve 30 mm arası lif uzunluğuna sahip lifler kabul edilmektedir (Bölükbaşı, 2008; Cuming, 2011).

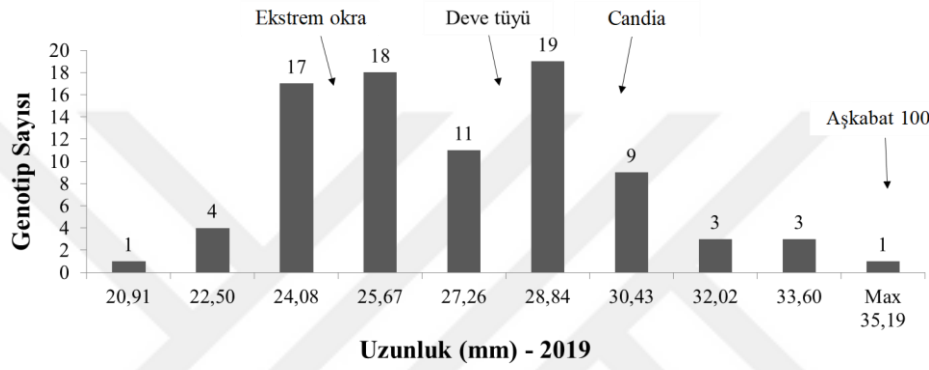
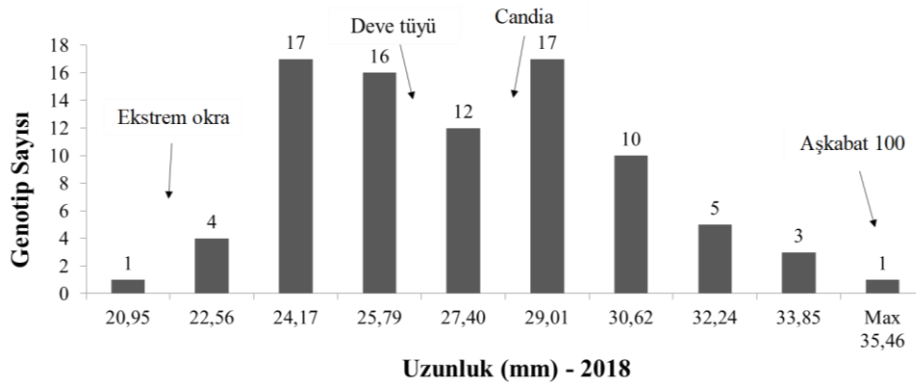
Genotiplerin uzunluk değerlerine ilişkin varyans analiz sonuçları Çizelge 4.8'de verilmiştir. Lif uzunluğu bakımından genotip ve yıl×genotip interaksyonu bakımından istatistiki farklılık çok önemli ($p<0.01$) bulunmuştur (Çizelge 4.8.).

Çizelge 4.8. Pamuk genotiplerinin lif uzunluğu değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	1.22	1.22	1.49
<i>Tekerrür</i>	2	1.20	0.6	0.73
<i>Genotip</i>	98	4623.95	47.18	57.37**
<i>Yıl×genotip</i>	98	431.06	4.39	5.34**
<i>Hata</i>	394	324.00	0.82	
<i>C. Toplam</i>	593	5381.45		
<i>% CV : % 3</i>				

** $p<0.01$

Lif uzunluğu ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler 20,95 ile 35,46 mm arasında değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100, 35,46 mm değerini alırken Ekstremler okra 21,71 mm değerini almıştır. 3 adet genotip 21,71 mm'nin altında değer alırken, 81 adet genotip 21,71 mm ile 35,46 mm arasında değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100 çok uzun elyaf sınıfında yer almaktadır. 2019 yılında genotipler 20,91 ile 35,19 mm arasında değer almıştır. 54 adet genotip ebeveyn Ekstremler okranın altında değer alırken, 30 adet genotip ebeveynler arasında değer almıştır. Çalışmamızdaki bulgulara benzer şekilde Palve ve ark. (2020) benzer sonuçlar elde etmiştir.



Şekil 4.8. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları lif uzunluğu (UHML) değerleri dağılımı

Araştırmada lif uzunluğu özelliği açısından elde ettiğimiz bulgular ile benzer sonuçlar, Fan (2018), G. Barbadense türleri 5917xAmerikan Pima S-7 143 RIL popülasyonunda lif uzunluğu değerleri 32,53 mm ve 40,13 mm arasında olduğunu bildirmiştir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif uzunluğu değerleri 25,20 mm ile 32,80 mm arasında değişiklik gösterdiğini iletmiştir.

Ayrıca, krem, açık kahverengi ve koyu kahverengi pamuk genotiplerinin verim ve kalite özelliklerini belirlemek için yürüttükleri çalışmada Efe (2010) ile, RIL popülasyonlar üzerinde çalışmalar yapan Cao (2015), Shang (2016), Liu (2018) ile benzer sonuçlar elde etmişlerdir.

4.3. Pamuk Genotiplerinin Lif Mukavemeti Değerleri

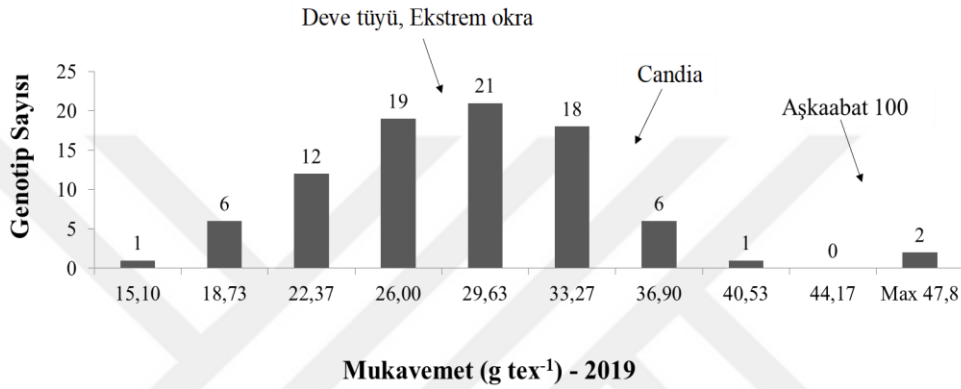
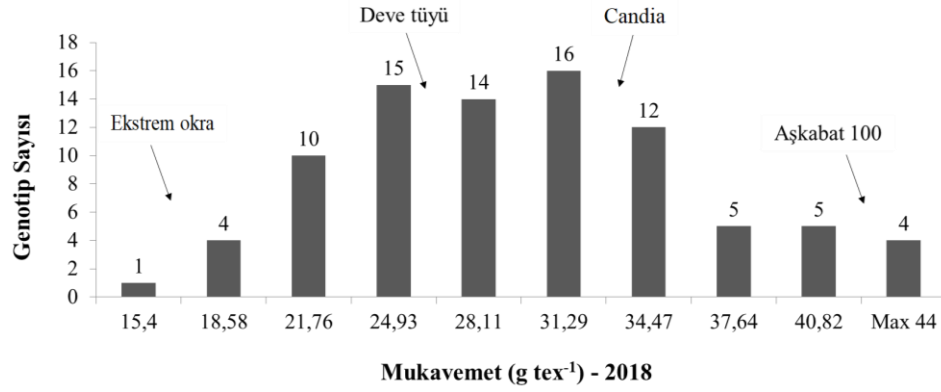
Genotiplerin lif mukavemeti değerlerine ilişkin varyans analiz sonuçları Çizelge 4.9'da verilmiştir. Mukavemet bakımından genotip, yıl ve yıl×genotip interaksyonu bakımından istatistiki farklılık çok önemli ($p<0.01$) bulunmuştur (Çizelge 4.9.).

Çizelge 4.9. Pamuk genotiplerinin lif mukavemeti değerlerine ait varyans analiz sonuçları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Değeri</i>
<i>Yıl</i>	1	141.87	141.87	20.69**
<i>Tekerrür</i>	2	7.61	3.80	0.55
<i>Genotip</i>	98	18872.01	192.57	28.08**
<i>Yıl×genotip</i>	98	1894.32	19.32	2.81**
<i>Hata</i>	394	2701.18	6.85	
<i>C. Toplam</i>	593	23617.01		
<i>% CV : % 3</i>				

** $p<0.01$

Lif mukavemeti ile ilgili ölçümler değerlendirildiğinde; 2018 yılında genotipler 15,40 g tex⁻¹ ile 44,00 g tex⁻¹ arasında değer almıştır. Standart lif mukavemet değerlerine göre 31 g tex⁻¹ ve üzerindeki pamuk genotipleri çok iyi sınıfında yer alırken 23 g tex⁻¹ ve aşağısındaki lifler çok zayıf mukavemet sınıfında yer almaktadır. Ebeveyn Aşkabat 100, 44,00 g tex⁻¹ mukavemet değeri ile genotipler içinde en yüksek değeri alırken Ekstrem okra 18,60 g tex⁻¹ değerini almıştır. 5 adet genotip 18,60 g tex⁻¹'in altında değer alırken, geriye kalan 80 genotip 18,60 g tex⁻¹'in üstünde değer almıştır. Ebeveyn Aşkabat 100 en mukavemetli lif olurken 43,55 g tex⁻¹ mukavemet değerini alarak ebeveyn çeşite çok yakın olan genotipler tespit edilmiştir. 2019 yılında genotipler 15,10 g tex⁻¹ ile 47,8 g tex⁻¹ arasında değer almışlardır. Ekstrem okra 27,15 g tex⁻¹ değerini alırken Aşkabat 100, 46,00 g tex⁻¹ değerini almıştır. 44 adet genotip Ekstrem okra'nın altında değer alırken 38 adet genotip 27,15 g tex⁻¹ ile 46,00 g tex⁻¹ arasında değer almıştır. 1 adet genotip ise 47,8 g tex⁻¹ değerini alarak en yüksek mukavemet değerine sahip olmuştur.



Şekil 4.9. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları mukavemet değerleri dağılımı

Lif mukavemeti iplik mukavemetini doğrudan etkiler. Tekstilde mukavemetin yüksek olması iplik kopuşunu ve makine duruşlarını azaltarak verimliliğin artmasını sağlar. İpliğin mukavemeti bir kalite göstergesi olarak ifade edilmektedir. Genotipler arasında farklı mukavemet değerlerinin bulunması, genotiplerin genetik yapıları ve çevreye olan tepkilerinin farklılığından kaynaklanmış olabilir. Benzer bulgular, Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif mukavemeti değerleri 23,40 g tex⁻¹ ile 45,40 g tex⁻¹ arasında değişiklik gösterdiğini iletmiştir. Fan (2018), *G. Barbadense* türleri 5917xAmerikan Pima S-7 143 RIL popülasyonunda lif mukavemeti değerlerinin 33,38 g tex⁻¹ ve 54,85 g tex⁻¹ arasında olduğunu bildirmiştir. Zhang (2019), upland pamukları ile elde ettikleri RIL popülasyonunda lif mukavemeti değerlerinin 20,90 g tex⁻¹ ve 32,57 g tex⁻¹ arasında olduğunu bildirmiştir.

Ayrıca, krem, açık kahverengi ve koyu kahverengi pamuk genotiplerinin verim ve kalite özelliklerini belirlemek için yürüttükleri çalışmada Efe (2010) ile, RIL popülasyonlar üzerinde çalışmalar yapan Cao (2015), Shang (2016), Liu (2018) ile benzer sonuçlar elde etmişlerdir.

Bulguların deęiřkenlik göstermesi alıřmaların yapıldıęı evresel ortam, genotip ve oluřturulan poplasyonların farklı lif deęerlerine sahip olmasından kaynaklanmış olabilir.

4.3.1. Pamuk genotiplerinin lif elastikiyeti deęerleri

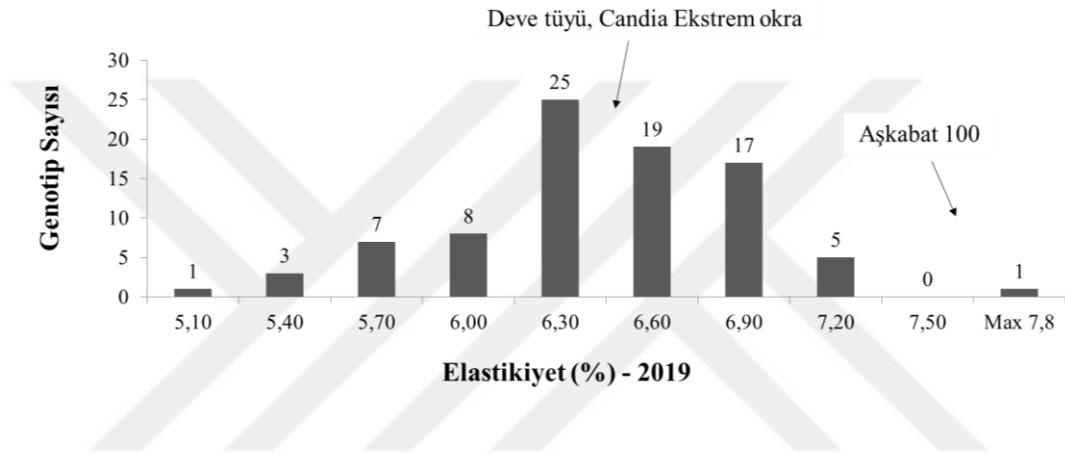
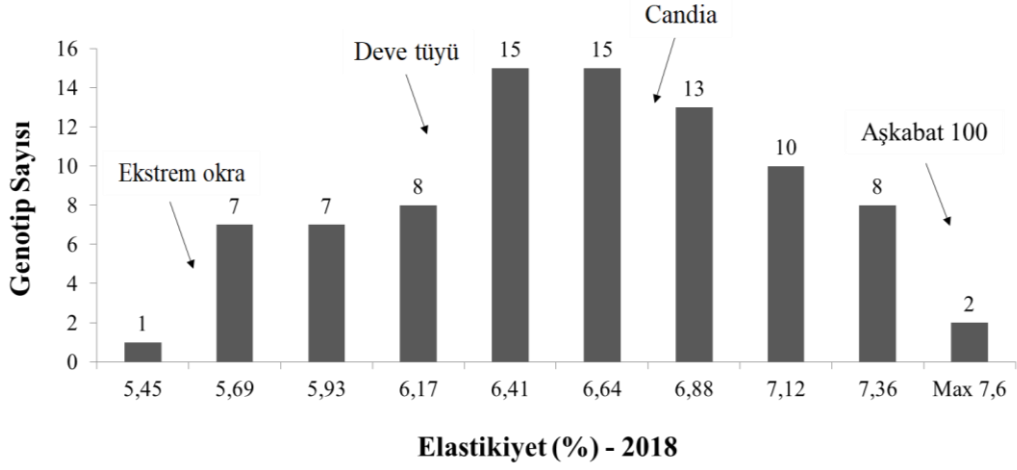
Lif elastikiyeti, bařlangı uzunluęunun son uzunluęa yzdesel oranı řeklinde ifade edilir. Lifler iplik yapımında zorlanmaya tabi olduęundan elastik lif tercih edilir. Elastik deęeri ne kadar yksek olursa o kadar iyidir. Genotiplerin lif elastikiyeti deęerlerine iliřkin varyans analiz sonuları izelge 4.10'da verilmiřtir. Lif elastikiyeti zellięi bakımından genotip, yıl ve yılgenotip interaksiyonu bakımından istatistiki farklılık ok nemli ($p<0.01$) bulunmuřtur (izelge 4.10.).

izelge 4.10. Pamuk genotiplerinin lif elastikiyeti deęerlerine ait varyans analiz sonuları

<i>Varyasyon Kaynakları</i>	<i>Serbestlik Derecesi</i>	<i>Kareler Toplamı</i>	<i>Kareler Ortalaması</i>	<i>F Deęeri</i>
<i>Yıl</i>	1	2.05	2.05	46.07**
<i>Tekerrr</i>	2	0.09	0.045	1.04
<i>Genotip</i>	98	112.03	1.143	25.69**
<i>Yılgenotip</i>	98	18.89	0.19	4.33**
<i>Hata</i>	394	17.53	0.04	
<i>C. Toplam</i>	593	150.61		
<i>% CV : % 3</i>				

** $p<0.01$

Lif elastikiyeti ile ilgili lmler deęerlendirildięinde; 2018 yılında genotipler % 5.45 ile % 7,60 arasında deęer almıřtır. Standart elastikiyet deęerlerine gre % 7,7 ve zerindeki pamuk genotipleri ok yksek sınıfında yer alırken % 4,9 ve ařaęısındaki lifler ok dřk elastikiyet sınıfında yer almaktadır. Ebeveyn Ekstrem okra % 5,70 deęerini alırken Ařkabat 100 % 7,60 deęerini almıřtır. 8 adet genotip % 5,70'in altında deęer alırken, 76 adet genotip % 5,70 ile % 7,60 arasında deęer almıřtır. 2019 yılında genotipler % 5,10 ile % 7,80 arasında deęer almıřtır. Ekstrem okra % 6,55 deęerini alırken Ařkabat 100 % 7,80 deęerini almıřtır. 59 adet genotip Ekstrem okra'nın altında deęer alırken 26 adet genotip % 6,55'in zerinde deęer almıřtır. Her iki ekim dneminde de ebeveyn Ařkabat 100'den daha yksek elastikiyet deęerine sahip bir genotip olmamıřtır.



Şekil 4.10. Pamuk genotiplerinin 2018 ve 2019 yılları lif elastikiyeti değerleri dağılımı

Genotipler arasında farklı elastikiyet değerlerinin bulunması, genotiplerin genetik yapıları ve çevreye olan tepkilerinin farklılığından kaynaklanmış olabilir. Araştırmada lif elastikiyeti özelliği açısından elde ettiğimiz bulgular ile benzer bulgular, Fan (2018), *G. Barbadense* türleri 5917xAmerikan Pima S-7 143 RIL popülasyonunda lif elastikiyeti değerlerinin % 5,12 ve % 8,10 arasında olduğunu bildirmiştir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif elastikiyeti değerleri % 6,4 ile % 7,0 arasında değişiklik gösterdiğini iletmiştir. Zhang (2019), upland pamukları ile elde ettikleri RIL popülasyonunda lif elastikiyeti değerlerinin % 3,85 ve % 12,54 arasında olduğunu bildirmiştir. Ayrıca, RIL popülasyonlar üzerinde çalışmalar yapan Cao (2015), Shang (2016), Liu (2018) ile benzer sonuçlar elde etmişlerdir.

Benzer bulgular Dutt ve ark. (2004), Efe ve ark. (2010) ve Çetin (2022) çalışmaları ile benzerlik göstermektedir.

4.4. Komposit İnterval Haritalama (CIM) Analizi ile Fenotipik Özellikler ile İlişkili QTL'lerin Belirlenmesi

CIM ile analizi yapılan her bir özellik için belirlenen QTL'ler ve istatistiki verileri ayrı başlıklar altında verilmiştir. Her bir QTL için LOD değeri, etki değeri ve R^2 (fenotipik) değerleri verilmiştir.

4.4.1. DL ile İlişkili QTL'lerin Belirlenmesi

DL ile ilişkili A07 kromozomu üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiş ve Çizelge 4.11'de gösterilmiştir.

Çizelge 4.11. CIM yöntemine göre DL ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	mLOD	R^2
D12	SNP15856	12.1	3.24	9.40	12.86	2.65	0.13
A07	SNP3197	4	3.12	-4.84	12.25	2.54	0.13

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R^2 :Fenotipik varyans

DL ile ilişkili bulunan SNP15857 ve SNP3197 QTL'lerinin maksimum LOD değerleri 2.65 ve 2.54 olurken, DL ile ilişkili bulunan QTL'lerin fenotipik varyasyonu % 13 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.11.). Benzer şekilde 7. Kromozom üzerinde Feng ve ark. (2015), Zong 128 (kahverengi) ve iki beyaz pamuk çeşidini melezleyerek elde ettikleri F_2 ve RIL popülasyonlarında, lif rengi ile ilgili iki güçlü QTL (q_{LC-7-1} , q_{FC-7-1}) elde etmişlerdir.

4.4.2. Da ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Da ile ilişkili A07 kromozomu üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiş ve 4.12'de gösterilmiştir.

Çizelge 4.12. CIM yöntemine göre Da ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R^2
D12	SNP15856	12.1	3.33	-3.16	13.32	2.74	0.14
A07	SNP3197	4	3.15	1.61	12.38	2.56	0.13

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R^2 :Fenotipik varyans

Da ile ilişkili bulunan SNP15857 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.74 olurken, Da ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 14 oranında açıklarken, SNP3197 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.56 olurken, Da ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 13 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.12.).

4.4.3. Db ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Db ile ilişkili D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiş ve Çizelge 4.13.'te gösterilmiştir.

Çizelge 4.13. CIM yöntemine göre Db ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D12	SNP15856	12.1	3.02	-3.92	11.77	2.44	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Db ile ilişkili bulunan SNP15857 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.44 olurken, Db ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 12 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.13).

4.4.4. Dc ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Dc ile ilişkili D12 kromozomu üzerinde 21adet QTL tespit edilmiş ve Çizelge 4.14'te gösterilmiştir.

Çizelge 4.14. CIM yöntemine göre Dc ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D12	SNP15856	12.1	3.13	-4.66	12.29	2.54	0.13

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Dc ile ilişkili bulunan SNP15857 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.54 olurken, Dc ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyon değeri % 13 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.14.).

4.4.5. Dh ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Dh ile ilişkili A03 kromozom üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiş ve Çizelge 4.15'te gösterilmiştir.

Çizelge 4.15. CIM yöntemine göre Dh ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
A03	SNP1229	98	3.28	-1.42	13.05	2.69	0.13
D12	SNP15856	12.1	3.18	1.92	12.55	2.59	0.13

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Dh ile ilişkili bulunan SNP1229 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.69 olurken, Dh ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyon değeri % 13, SNP15856 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.59 olurken, Dh ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 13 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.15.).

4.4.6. Komposit interval haritalama yöntemine göre dE ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

dE ile ilişkili D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiş ve Çizelge 4.16'da gösterilmiştir.

Çizelge 4.16. CIM yöntemine göre dE ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus name	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D12	SNP15856	12.1	3.21	-5.32	12.72	2.63	0.13

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

dE ile ilişkili bulunan SNP15857 QTL'inin maksimum LOD değerleri 2.63 olurken, dE ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 13 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.16.).

4.4.7. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili A02 kromozomu üzerinde 1 adet, A03 kromozomu üzerinde 2 adet, A05 kromozomu üzerinde 2 adet, A06 kromozomu üzerinde 2 adet, A07 kromozomu üzerinde 1 adet, A08 kromozomu üzerinde 2 adet, A09 kromozomu üzerinde 1 adet, A11 kromozomu üzerinde 3 adet, D02 kromozomu üzerinde 1 adet, D03 kromozomu üzerinde 1 adet, D05 kromozomu üzerinde 1 adet, D08 kromozomu üzerinde 1 adet, D11 kromozomu üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL belirlenmiştir. (Çizelge 4.17)

Çizelge 4.17. CIM yöntemine göre lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
A05	SNP2319	30	5.30	5.08	23.85	4.66	0.22
A11	SNP5809	22	4.90	-2.12	21.62	4.27	0.20
D11	SNP15567	66.1	4.77	2.55	20.91	4.14	0.20
A03	SNP1037	30	4.57	2.55	19.79	3.94	0.19
D02	SNP8602	56	4.27	-2.20	18.17	3.65	0.18
D12	SNP15856	12.1	4.19	2.29	17.73	3.57	0.17
A06	SNP2866	30	4.03	-1.92	16.88	3.41	0.16
A06	SNP2935	74	3.98	-1.6	16.62	3.37	0.16
A08	SNP3823	16	3.87	-2.32	16.07	3.26	0.16
A02	SNP565	8	3.82	-1.34	15.8	3.21	0.16
A09	SNP4359	10.8	3.70	2.21	15.19	3.10	0.15
D03	SNP122	40	3.70	-2.63	15.18	3.10	0.15
A03	SNP980	12	3.64	-1.73	14.85	3.03	0.15
A07	SNP3466	44	3.63	-1.71	14.82	3.03	0.15
D05	SNP10726	36	3.58	-2.79	14.54	2.98	0.14
A11	SNP959	78	3.53	-1.39	14.31	2.93	0.14
A08	SNP3957	96	3.44	-1.74	13.86	2.85	0.14
A05	SNP2497	80	3.33	-1.29	13.29	2.74	0.13
A11	SNP6169	110	3.30	-1.34	13.14	2.71	0.13
D08	SNP12575	40	3.12	-1.22	12.22	2.53	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

UHML ile ilişkili bulunan QTL'lerin LOD değeri 4.66 ile 2.53 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 22 ile % 12 arasında açıklamaktadır. SNP2319 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.66 olurken, UHML ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 22 oranında açıklamaktadır. SNP5809 ve SNP15567 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.27, UHML ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu % 20 ilişkili, SNP1037 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.14 olurken, UHML ile ilişkili bulunan QTL'in fenotipik varyasyonu %19 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.17.).

Lif uzunluğu ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da (National Center for Biotechnology Information) karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır. SNP15567 markörünün D11 kromozomunda L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase, mitochondrial ile LOC107925893 gen kimliğine ait olduğu belirlenmiştir. L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase (GLDH), birçok ökaryotik organizmada bulunan mitokondri yerleşimli bir enzimdir. (Ostergaard ve ark., 1997; Bartoli ve ark., 2005; Pineau ve ark., 2008) GLDH Askorbik asidin (AsA) sentezi için gereklidir (Smirnoff ve ark., 2001) Birden fazla bitki türünde yapılan transgenik çalışmalar sayesinde GLDH aktivitelerinin bitki hücrelerinin ve organlarının normal büyümesi ve gelişmesi için olumsuz çevre faktörlerine etkili tepki vermelerinden dolayı gerekli olduğu kanıtlanmıştır. Örneğin, hem tütün ve domateste, GLDH fonksiyonunun baskılanması, hücre ve organ büyümesinin azalmasına neden olmuştur (Alhagdow 2007, Tabata 2001).

Arabidopsis'te yapılan çalışmada, RNA girişimi yoluyla GLDH ekspresyonunun kısmen azaltılmasının sadece AsA içeriğini düşürmekle kalmayıp, aynı zamanda kuraklık stresine karşı potansiyel toleransın önemli ölçüde azalmasına neden olduğunu ortaya koymuştur (Li, 2014).

SNP15538 markörünün D11 kromozomunda receptor-like protein EIX2 (LOC107930876), SNP2935 markörünün A06 kromozomunda DNA repair RAD52-like protein 2, chloroplastic (LOC107901978), SNP3823 markörünün A08 kromozomunda DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 36 (LOC107928620), SNP3824 markörünün A08 kromozomunda protein SENESENCE-ASSOCIATED GENE 21, mitochondrial-like (LOC107926816), SNP4359 markörünün A09 kromozomunda nuclear pore complex protein GP210 (LOC107892125), SNP10726 markörünün D05 kromozomunda importin-4 (LOC107903940), SNP10727 markörünün D05 kromozomunda putative clathrin assembly protein At2g01600 (LOC107903952), SNP2497 markörünün A05 kromozomunda alpha-mannosidase At5g13980 (LOC107948549), SNP8624 markörünün D02 kromozomunda AP-1 complex subunit gamma-2 (LOC107909653), SNP4446 markörünün A09 kromozomunda lysine-specific demethylase JMJ25 (LOC107888974) genleri ile eşleştikleri tespit edilmiştir.

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download

Select columns

Show100

select all

72 sequences selected

GenBank

Graphics

Distance tree of results

MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒	Gossypium turneri isolate D10-2 chromosome D10_03	Gossypium turneri	128	128	100%	1e-25	100.00%	64909839	CP032573.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7220	XM_053025790.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7223	XM_053025789.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6072	XR_008280185.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6844	XR_008280184.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6367	XR_001867535.2
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6514	XR_008280183.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6532	XR_008280182.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6529	XR_001867534.2
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7224	XM_053025788.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7220	XM_053025787.1
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7230	XM_017759909.2
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7224	XM_017759908.2
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7139	XM_017759911.2
☒	PREDICTED: Gossypium arboreum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC1084604...Gossypium arb...	Gossypium arb...	128	128	100%	1e-25	100.00%	7133	XM_017759912.2
☒	PREDICTED: Gossypium hirsutum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC10791071...Gossypium hirs...	Gossypium hirs...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6275	XM_016838687.2
☒	PREDICTED: Gossypium hirsutum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC10791071...Gossypium hirs...	Gossypium hirs...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6373	XM_041088767.1
☒	PREDICTED: Gossypium hirsutum lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC10791071...Gossypium hirs...	Gossypium hirs...	128	128	100%	1e-25	100.00%	6269	XM_016838686.2

Şekil 4.11. SNP1037 QTL'i NCBI karşılaştırma

Çalışmamıza benzer sonuçlar Feng ve ark. (2015), Zong 128 (kahverengi) ve iki beyaz pamuk çeşidini melezleyerek elde ettikleri F₂ ve RIL popülasyonlarında, lif uzunluğu ile ilgili 4 QTL'in, qFL-6-2, qFL-1-1 fenotipik varyasyonu sırasıyla % 3.84 ve %

3.75-5.84'ünü açıklayan ve *qFL-6-1*, *qFL-7-1* sırasıyla fenotipik varyasyonu % 3.73-5.48'ini ve % 3.75-5.84'ünü açıklamıştır. Li (2016), upland pamukları ile elde ettikleri 188 RIL popülasyonunda lif uzunluğu ile ilişkili 12 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu 5.28-17.98% açıklamış ve Chr05, Chr09, Chr10, Chr12, Chr14 ve Chr19 üzerinde konumlandığını bildirmişlerdir. 3 QTL (*qFL-Chr10-1*, *qFLChr-14-3* ve *qFLChr15-1*) 2 çevrede de elde ettiklerini iletmışlerdir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif uzunluğu ile ilişkili 21 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı % 5.0-17.6 açıklamıştır. 7 QTL (*qFL01.1*, *qFL08.1*, *qFL15.1*, *qFL20.1*, *qFL21.1*, *qFL23.1* ve *qFL24.1*) 3 çevrede de elde ettiklerini iletmışlerdir. Kısmen benzer sonuçlar elde edilmiştir.

4.4.8. Komposit interval haritalama yöntemine göre ortalama lif uzunluğu (ML) ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Ortalama lif uzunluğu (ML) ile ilişkili A07 kromozomu üzerinde 1 adet, A09 kromozomu üzerinde 1 adet, A11 kromozomu üzerinde 1 adet, D04 kromozomu üzerinde 1 adet, D05 kromozomu üzerinde 1 adet QTL belirlenmiştir. (Çizelge 4.18.)

Çizelge 4.18. CIM yöntemine göre ML ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
A07	SNP3297	14	5.10	4.38	22.72	4.46	0.21
A11	SNP5809	22	4.67	-2.71	20.33	4.04	0.19
A09	SNP4534	64.8	4.32	2.11	18.45	3.70	0.18
D05	SNP10431	18	4.16	-2.03	17.59	3.54	0.17
D04	SNP9651	40	3.72	-2.14	15.27	3.11	0.15

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

ML ile ilişkili bulunan QTL'lerin LOD değeri 4.46 ile 3.11 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 21 ile %15 arasında açıklamaktadır. SNP3297 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.46 olurken, fenotipik varyasyonu % 21 oranında açıklamaktadır. SNP4446 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.21 olurken, fenotipik varyasyonu % 20 oranında açıklamaktadır. SNP5809 QTL'inin maksimum LOD değerleri 4.04 olurken, fenotipik varyasyonu % 19 oranında açıklamaktadır. SNP4534 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.54 olurken, fenotipik varyasyonu % 17 oranında açıklamaktadır. SNP9651 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.11 olurken, fenotipik varyasyonu % 15 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.18.).

Ortalama lif uzunluğu ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır. SNP3297 markörünün A07 kromozomunda two-component response regulator ARR12-like (LOC107957211) gen kimliğine ait olduğu belirlenmiştir.

4.4.9. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif elastikiyeti ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Lif elastikiyeti ile ilişkili A02 kromozomu üzerinde 2 adet, A05 kromozomu üzerinde 1 adet, A06 kromozomu üzerinde 4 adet, A07 kromozomu üzerinde 2 adet, A08 kromozomu üzerinde 10 adet, A09 kromozomu üzerinde 2 adet, A10 kromozomu üzerinde 1 adet, A11 kromozomu üzerinde 1 adet, D02 kromozomu üzerinde 2 adet, D03 kromozomu üzerinde 2 adet, D07 kromozomu üzerinde 3 adet, D08 kromozomu üzerinde 2 adet, D12 kromozomu üzerinde 2 adet QTL belirlenmiştir. (Çizelge 4.19.)

Çizelge 4.19. CIM yöntemine göre elastikiyet ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D02	SNP8602	56	3.93	-0.32	16.36	3.32	0.16
A06	SNP2935	74	3.81	-0.24	15.74	3.20	0.15
A08	SNP3957	96	3.67	-0.27	14.99	3.06	0.15
A08	SNP3910	72	3.59	-0.24	14.63	2.99	0.15
D07	SNP12126	50	3.58	0.20	14.55	2.98	0.14
D08	SNP12539	34	3.57	-0.22	14.48	2.96	0.14
D03	SNP9122	40	3.55	-0.39	14.42	2.95	0.14
A09	SNP4534	64.8	3.52	0.22	14.27	2.93	0.14
A02	SNP652	30	3.51	-0.18	14.21	2.91	0.14
A11	SNP6169	110	3.50	-0.21	14.13	2.90	0.14
A05	SNP2341	34	3.48	-0.46	14.04	2.88	0.14
D12	SNP15856	12.1	3.13	0.30	12.29	2.54	0.12
A10	SNP5177	82	3.10	-0.23	12.17	2.52	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Lif elastikiyeti ile ilgili bulunan QTL'lerin LOD değeri 3.32 ile 2.52 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 16 ile %12 arasında açıklamaktadır. SNP8602 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.32 olurken, fenotipik varyasyonu % 16 oranında açıklamaktadır. SNP2935 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.23 olurken, fenotipik varyasyonu % 15 oranında açıklamaktadır. SNP3957 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.06 olurken, fenotipik varyasyonu % 15 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.18.).

Lif elastikiyeti ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır SNP2935 markörünün A06 kromozomunda DNA repair RAD52-like protein 2, chloroplastic (LOC107901978), SNP12126 markörünün D07 kromozomunda ER lumen protein-retaining receptor erd-2.2-like (LOC107955399) genleri ile eşleştikleri tespit edilmiştir.

Çalışmamıza kısmen benzer sonuçlar Feng ve ark. (2015), Zong 128 (kahverengi) ve iki beyaz pamuk çeşidini melezleyerek elde ettikleri F₂ ve RIL popülasyonlarında, lif elastikiyeti ile ilgili 5 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu % 4.74 ile % 6.72'sini oluşturan, 7., 9., 12. ve 23. kromozomlar üzerinde haritalanmıştır. *qFE-9-1* ve *qFE-9-2* ikiside negatif etkiye sahip 3 ortamda tanımlanmıştır. 3 QTL ise pozitif bir katkı etkisine sahiptir.

Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif elastikiyeti ile ilişkili 22 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı 5.2-18.8% açıklamıştır. Chr10, Chr11, Chr13, Chr15 ve Chr18 üzerinde sırasıyla 3, 2, 3, 2, ve 2 QTL'i farklı çevrelerde tespit etmişlerdir. 5 QTL'i (*qFE01.1*, *qFE08.1*, *qFE15.2*, *qFE20.1*, *qFE24.1*) 3 çevrede de elde ettiklerini, Li (2016), upland pamukları ile elde ettikleri 188 RIL popülasyonunda lif inceliği ile ilişkili 7 kromozom (Chr11, Chr14, Chr16, Chr17, Chr18, Chr20 ve Chr24) üzerine konumlanmış 9 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu 5.65-32.28% açıklamıştır. 3 QTL (*qFE-Chr14-1*, *qFE-Chr-20-1* ve *qFE-Chr-24-1*) 2 çevrede de elde ettiklerini iletmışlerdir.

4.4.10. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif inceliği ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Lif inceliği ile ilişkili A5 kromozomu üzerinde 1 adet, A11 kromozomu üzerinde 1 adet, D01 kromozomu üzerinde 1 adet, D05 kromozomu üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.20.).

Çizelge 4.20. CIM yöntemine göre lif inceliği ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D01	SNP7942	44	3.57	0.66	14.53	2.97	0.14
A11	SNP5809	22	3.55	0.53	14.39	2.95	0.14
D12	SNP15857	12.1	3.40	-0.61	13.64	2.80	0.14
A05	SNP2137	18	3.22	0.40	12.75	2.63	0.13
D05	SNP10479	20	3.13	0.3	12.28	2.54	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Lif inceliği ile ilişkili bulunan QTL'lerin LOD değeri 2.97 ile 2.54 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 14 ile %12 arasında açıklamaktadır. SNP7942, SNP5809, SNP15857 QTL'leri fenotipik varyasyonu % 14 oranında, SNP2137 QTL'i fenotipik varyasyonu %13 oranında, SNP10479 QTL'i fenotipik varyasyonu %12 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.20.).

Lif inceliği ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır SNP 15857 markörünün D12 kromozomunda lysM domain receptor-like kinase 4 (LOC121224682), SNP10479 markörünün D05 kromozomunda phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplastic-like (LOC107905096) genleri ile eşleştikleri tespit edilmiştir.

Çalışmamızla farklı sonuçlar Feng ve ark. (2015), Zong 128 (kahverengi) ve iki beyaz pamuk çeşidini melezleyerek elde ettikleri F₂ ve RIL popülasyonlarında, lif inceliği ile ilgili 2 QTL 7. Kromozom ve 24. Kromozom üzerinde konumlanmıştır. *qFF-7-1* 4.5 LOD skoru ile bir ortamda tanımlanıp fenotipik varyansın %5.15'ini açıklamıştır. *qFF-24-1* üç ortamda fenotipik varyasyonu sırasıyla %2.48 (LOD 2.94), %4.38 (LOD 3.5) ve %2.41'ini (LOD 4.3) oluşturan pozitif bir katkı etkisinin olduğunu belirtmişlerdir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif inceliği ile ilişkili 18 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı % 5.2-17.2 açıklamıştır. Chr8, Chr13 ve Chr16 üzerinde sırasıyla 2, 3 ve 2 QTL tespit etmişlerdir. 2 güçlü QTL (*qFM16.2* ve *qFM24.1*) 3 çevrede de elde etmişlerdir. Fakat 5 QTL (*qFM09.1*, *qFM.13.2*, *qFM16.1*, *qFM19.1* ve *qFM25.1*) fenotipik varyasyonu yaklaşık 10% açıklamıştır. Li (2016), upland pamukları ile elde ettikleri 188 RIL popülasyonunda lif inceliği ile ilişkili 8 kromozom (Chr01, Chr05, Chr07, Chr10, Chr14, Chr16, Chr17 ve Chr24) üzerine konumlanmış 10 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu 5.52-18.24% açıklamıştır. 3 QTL (*qMIC-Chr14-1*, *qMIC-Chr-16-1* ve *qMIC-Chr16-2*) 2 çevrede de elde etmişlerdir.

4.4.11. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif mukavemeti ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Lif mukavemeti ile ilişkili A02 kromozomu üzerinde 1 adet, A03 kromozomu üzerinde 1 adet, A05 kromozomu üzerinde 1 adet, A06 kromozomu üzerinde 2 adet, A08 kromozomu üzerinde 1 adet, A09 kromozomu üzerinde 2 adet, D02 kromozomu üzerinde

1 adet, D05 kromozomu üzerinde 1 adet, D06 kromozomu üzerinde 1 adet, D08 kromozomu üzerinde 1 adet, D11 kromozomu üzerinde 1 adet, D12 kromozomu üzerinde 1 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.21.).

Çizelge 4.21. CIM yöntemine göre lif mukavemeti ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
D12	SNP15857	12.1	4.51	4.81	19.44	3.88	0.19
A05	SNP2319	30	4.26	9.21	18.12	3.64	0.17
A08	SNP3915	76	3.87	2.71	16.03	3.26	0.16
A02	SNP706	72	3.67	-2.85	15.02	3.07	0.15
A06	SNP2935	74	3.54	-3.04	14.37	2.94	0.14
A03	SNP1129	76	3.46	3.80	13.93	2.86	0.14
D02	SNP8602	56	3.40	-3.95	13.66	2.81	0.14
A09	SNP4630	70.8	3.39	-2.97	13.58	2.79	0.14
D08	SNP12521	28	3.38	-6.82	13.55	2.79	0.14
D05	SNP10479	20	3.34	-2.11	13.34	2.75	0.13
A06	SNP3007	114	3.34	4.35	13.34	2.75	0.13
D11	SNP15567	66.1	3.21	4.19	12.68	2.62	0.13
D06	SNP11185	14	3.12	2.06	12.22	2.53	0.12
A09	SNP4359	10.8	3.10	4.07	12.13	2.51	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Lif mukavemeti ile ilişkili bulunan QTL'lerin LOD değeri 3.88 ile 2.51 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 19 ile % 12 arasında açıklamaktadır. SNP15857 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.88 olurken, fenotipik varyasyonu % 19 oranında açıklamaktadır. SNP2319 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.64 olurken, fenotipik varyasyonu % 17 oranında açıklamaktadır. SNP2341 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.40 olurken, fenotipik varyasyonu % 16 açıklamaktadır. SNP3915 QTL'inin maksimum LOD değerleri 3.26 olurken, fenotipik varyasyonu % 16 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.21.).

Lif mukavemeti ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır SNP15857 markörünün D12 kromozomunda lysM domain receptor-like kinase 4 (LOC121224682), SNP3915 markörünün A08 kromozomunda protein At4g10930 (LOC107946959), SNP2935 markörünün A06 kromozomunda DNA repair RAD52-like protein 2, (LOC107901978), SNP12521 markörünün D08 kromozomunda non-specific lipid transfer protein GPI-anchored 10-like (LOC107904812), SNP10479 markörünün D05 kromozomunda phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplastic-like (LOC107905096), SNP3007 markörünün A06 kromozomunda zinc finger CCCH domain-containing protein 53, SNP15567 markörünün D11 kromozomunda L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase,

mitochondrial (LOC107925893), SNP4359 markörünün A09 kromozomunda nuclear pore complex protein GP210 (LOC107892125) genleri ile eşleştikleri tespit edilmiştir.

Çalışmamıza benzer sonuçlar Feng ve ark. (2015), Zong 128 (kahverengi) ve iki beyaz pamuk çeşidini melezleyerek elde ettikleri RIL popülasyonlarında, lif mukavemeti ile ilgili 6., 7. Ve 24. Kromozomlarda fenotipik varyasyonu % 7.31 ile 8.78'ini oluşturan 4 QTL tespit etmişlerdir. Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif mukavemeti ile ilişkili 18 kromozom üzerinde 27 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı % 5.1-14.0 açıklamıştır. Chr9, Chr13, Chr15, Chr16 ve Chr19 üzerinde sırasıyla 3, 4, 3, 2 ve 2 QTL tespit etmişlerdir. 7 güçlü QTL (*qFS01.1*, *qFS08.1*, *qFS13.4*, *qFS15.2*, *qFS15.3*, *qFS19.1* ve *qFS20.1*) 3 çevrede de elde etmişlerdir. Fakat 3 QTL (*qFS13.4*, *qFS15.2* ve *qFS20.1*) fenotipik varyasyonu yaklaşık 10% açıklamıştır. Li (2016), upland pamukları ile elde ettikleri 188 RIL popülasyonunda lif mukavemeti ile ilişkili 4 kromozom (Chr05, Chr14, Chr19 ve Chr20) üzerine konumlanmış 8 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyansı 5.14-9.96% açıklamıştır. 8 QTL tek bir çevrede elde ettiği için, mukavemet özelliklerinin çevreden etkilendiğini iletmiştir.

4.4.12. Komposit interval haritalama yöntemine göre lif üniformitesi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Lif üniformitesi ile ilişkili A03 kromozomu üzerinde 1 adet, A05 kromozomu üzerinde 2 adet, A09 kromozomu üzerinde 1 adet, D03 kromozomu üzerinde 1 adet, D11 kromozomu üzerinde 1 adet QTL tespit edilmiştir (Çizelge 4.22.).

Çizelge 4.22. CIM yöntemine göre lif üniformitesi ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Locus adı	Pozisyon	p(F)	Etki	F	LOD	R ²
A05	SNP2341	34	5.52	-2.33	25.13	4.88	0.23
D11	SNP15538	64.1	3.98	-1.16	16.62	3.37	0.16
A05	SNP2497	80	3.80	-0.85	15.69	3.19	0.15
A03	SNP1037	30	3.47	1.36	14.00	2.87	0.14
D03	SNP122	40	3.24	-1.50	12.83	2.65	0.13
A09	SNP4359	10.8	3.10	1.23	12.13	2.51	0.12

p(F):Frekans, F:Fenotipik varyans, mLOD:Maksimum Lod Skoru, R²:Fenotipik varyans

Lif üniformitesi ile ilişkili bulunan QTL'lerin LOD değeri 4.88 ile 2.51 arasında değişirken, fenotipik varyasyonu % 23 ile % 12 arasında açıklamaktadır. SNP2341 QTL'inin maksimum LOD değeri 4.88 olurken, fenotipik varyasyonu % 23 oranında

açıklamaktadır. SNP15538 QTL'inin maksimum LOD değeri 3.37 olurken, fenotipik varyasyonu % 16 oranında açıklamaktadır. SNP2497 QTL'inin maksimum LOD değeri 3.19 olurken, fenotipik varyasyonu % 15 oranında açıklamaktadır. SNP1037 QTL'inin maksimum LOD değeri 2.87 olurken, fenotipik varyasyonu % 14 oranında açıklamaktadır. SNP2319, SNP15567 VE SNP122 QTL'leri fenotipik varyasyonu % 13 oranında, SNP4359 QTL'i fenotipik varyasyonu %12 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.22.).

Lif üniformitesi ile ilgili belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır. SNP15538 markörünün D11 kromozomunda üzerinde receptor-like protein EIX2 (LOC107930876),

SNP2497 markörünün A05 kromozomunda alpha-mannosidase At5g13980 (LOC107948549), SNP1037 markörünün A03 kromozomunda lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3-like (LOC107910719), SNP15567 markörünün D11 kromozomunda L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase, mitochondrial (LOC107925893), SNP122 markörünün D03 kromozomunda myosin-2 (LOC107917722), SNP4359 markörünün A09 kromozomunda nuclear pore complex protein GP210 (LOC107892125) geni ile eşleştikleri tespit edilmiştir.

Çalışmamız ile kısmen benzer sonuçlar Li (2016), upland pamukları ile elde ettikleri 188 RIL popülasyonunda lif üniformitesi ile ilişkili 4 kromozom (Chr01, Chr05, Chr09 ve Chr19) üzerine konumlanmış 8 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu 5.28-17.98% açıklamıştır. Chr09 üzerine konumlanmış 3 güçlü QTL bulunduğunu iletmışlerdir. Çalışmamızdan farklı olarak, Tan (2018), Amerika kökenli Acala Maxxa ve yüksek lif özelliklerine sahip Yumian 1 upland pamuklarından elde ettikleri RIL popülasyonunda lif üniformitesi ile ilişkili 11 kromozom üzerinde 16 QTL tespit etmişlerdir. Fenotipik varyasyonu % 5.5-17.8 açıklamıştır. Chr14, Chr15, Chr21 ve Chr24 üzerinde sırasıyla 2, 3, 2 ve 2 QTL tespit etmişlerdir. 4 güçlü QTL (*qFU05.1*, *qFU15.3*, *qFU16.1* ve *qFU20.1*) 3 çevrede de elde edilmiş ve fenotipik varyasyonun yaklaşık 10%'unu açıklamıştır.

SNP'lerin hangi özelliklerde etkili olduğunu özet olarak belirtmek gerekirse;

Lif rengi ile ilgili SNP'ler numaralandırılıp SNP'lerin hangi özelliklerde etkili olduğu belirtilmiştir.

1. SNP1229 = Dh
2. SNP3197 = DL-Da

3. SNP15856 = DL-Da-Db-Dc-Dh-dE

Lif uzunluđu (UHML, ML), lif inceliđi, lif mukavemeti, lif elastikiyeti, lif üniformitesi ile ilgili SNP'ler numaralandırılıp hangi özelliklerde etkili olduđu belirtilmiştir.

1. SNP122 = UHML, ÜNİFORMİTE
2. SNP565 = UHML, ELASTİKİYET, MUKAVEMET
3. SNP652 = ELASTİKİYET
4. SNP706 = MUKAVEMET
5. SNP959-SNP961 = UHML
6. SNP980 = UHML
7. SNP1037 = UHML, ÜNİFORMİTE
8. SNP1129 = MUKAVEMET
9. SNP2137 = İNCELİK
10. SNP2319 = UHML, MUKAVEMET, ÜNİFORMİTE
11. SNP2341 = UHML, ELASTİKİYET, MUKAVEMET, ÜNİFORMİTE
12. SNP2497 = UHML, ÜNİFORMİTE
13. SNP2866 = UHML, MUKAVEMET
14. SNP2899 = UHML
15. SNP2935 = UHML, ELASTİKİYET, MUKAVEMET
16. SNP2973 = UHML, ELASTİKİYET
17. SNP3007 = MUKAVEMET
18. SNP3297 = ML
19. SNP3466 = UHML, ELASTİKİYET
20. SNP3823 = UHML
21. SNP3829 = UHML, ELASTİKİYET
22. SNP3833 = UHML, ELASTİKİYET
23. SNP3910 = ELASTİKİYET
24. SNP3915 = MUKAVEMET
25. SNP3917 = ELASTİKİYET, MUKAVEMET
26. SNP3957 = UHML, ELASTİKİYET
27. SNP4359 = UHML, ML, MUKAVEMET, ÜNİFORMİTE
28. SNP4446 = UHML
29. SNP4534 = ML, ELASTİKİYET

30. SNP4586 = ELASTİKİYET
31. SNP4630 = MUKAVEMET
32. SNP5177 = ELASTİKİYET
33. SNP5809 = UHML, ML, İNCELİK
34. SNP5834 = UHML
35. SNP6008 = UHML
36. SNP6169 = UHML, ELASTİKİYET
37. SNP7942 = İNCELİK
38. SNP8624 = UHML
39. SNP8602 = UHML, ELASTİKİYET, MUKAVEMET
40. SNP9122 = ELASTİKİYET
41. SNP9651 = ML
42. SNP10431 = ML
43. SNP10479 = İNCELİK, MUKAVEMET
44. SNP10726 = UHML
45. SNP11185 = MUKAVEMET
46. SNP12054 = ELASTİKİYET
47. SNP12126 = ELASTİKİYET
48. SNP12521 = MUKAVEMET
49. SNP12539 = ELASTİKİYET
50. SNP12575 = UHML
51. SNP15538 = UHML, ÜNİFORMİTE
52. SNP15567 = UHML, MUKAVEMET, ÜNİFORMİTE
53. SNP15857 = UHML, ELASTİKİYET, İNCELİK, MUKAVEMET

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Kahverenkli pamukların lif verim ve kalite özelliklerinin tekstilde uygulanabilirliği açısından istenilen düzeyde olmaması nedeniyle üretimi sınırlı bir şekilde gerçekleşmektedir. Günümüzde kahverenkli pamuk üretimi ile ilgili çalışmalar devam etmektedir. Kahverenkli çeşit geliştirme ıslah programlarının sürekli olarak devam etmesi önem arz etmektedir.

Çalışmada, daha önceden Aşkabat 100 x Ekstrem Okra genotiplerinin melezlenmesiyle elde edilen RIL popülasyonda kendilemeler ve seleksiyon ile F₉ kademesine kadar getirilen saf hat belirlenmiştir. Fenotipleme sonrası yapılan seçim ile kendilenmiş saf hatlar ve ebeveynler Sekanslama Yoluyla Genotipleme yöntemi kullanılarak 36213 SNP markörü elde edilmiştir. Bu SNP markörünü analiz etmeden önce en küçük allel frekansı (MAF)<0.05 olarak filtrelendikten sonra 18432 SNP markörü elde edilmiştir. Elde edilen markörler ile Composit Interval Haritalama yapılarak incelenen özelliklerle ilişkili QTL belirleme çalışması yapılmıştır.

Bağlantı haritalaması Composit Interval Haritalama analizine göre renk ile ilişkili A03, A07, D12 kromozomları üzerinde 3 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 14 ve % 13 açıkladığı, LOD değerleri 2.69, 2.59 ve 2.56 olduğu saptanmıştır. Bağlantı haritalaması Composit Interval Haritalama analizine göre lif uzunluğu (UHML) ile ilişkili A02, A03, A05, A06, A07, A08, A09, A11, D02, D03, D05, D08, D11 ve D12 kromozomları üzerinde 20 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 22, % 20, % 19, % 18, % 17, % 16, % 15, % 14, % 13 ve %12 açıkladığı, LOD değerleri 4.66, 4.27 ve 4.14 olduğu saptanmıştır. Lif inceliği ile ilişkili A05, A11, D01, D05 ve D12 kromozomları üzerinde 5 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı %14, %13 ve %12 açıkladığı, LOD değerleri 2.97, 2.95, 2.80, 2.63 ve 2.54 olduğu saptanmıştır.

Lif mukavemeti ile ilişkili A02, A03, A05, A06, A08, A09, D02, D05, D06, D08, D11 ve D12 kromozomları üzerinde 14 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 19, % 18, % 17, % 16, % 15, % 14, % 13 ve % 12 açıkladığı, LOD değerleri 3.88, 3.64 ve 3.40 olduğu saptanmıştır. Lif üniformitesi ile ilişkili A03, A05, A09, D03, D11 kromozom üzerinde 6 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 23, % 16, % 15, % 14, % 13 ve % 12 açıkladığı, LOD değerleri 4.88, 3.37, 3.19, 2.87 ve 2.71 olduğu saptanmıştır.

Lif elastikiyeti ile ilişkili A02, A05, A06, A08, A09, A10, A11, D02, D03, D05, D07, D08 ve D12 kromozomları üzerinde 12 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 16, % 15, % 14, % 13 ve % 12 açıkladığı, LOD değerleri 3.32, 3.20 ve 3.06 olduğu saptanmıştır.

Belirlenen QTL'ler NCBI' da karşılaştırma yapılarak hangi gen üzerinde bulunduğu tespit edilmeye çalışılmıştır. Fakat bu genlerin fonksiyonları hakkında net bir bilgi yoktur. Gerçekleştirdiğimiz bu çalışma genlerin fonksiyonları hakkında fikir ortaya koyabilir.

Yapılan çalışmaların sonucu olarak, fenotipik analizler sonucu renk ile ilgili olan saf hatların ıslah programlarının devam ettirilmesi, renk, uzunluk, incelik, mukavemet, elastikiyet ve üniformite ile ilişkili bulunan QTL'lerin doğrulamasının yapılması ve daha sonra yapılacak olan markör destekli seleksiyon (MAS) ıslah çalışmalarında kullanılabileceği düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Alhagdow, M. et al. (2007). Silencing of the mitochondrial ascorbate synthesizing enzyme L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase affects plant and fruit development in tomato. *Plant Physiol*, 145, 1408–1422.
- Altan, F. (2010). Doğal Kahverenkli Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Bağlantı Gruplarının Belirlenmesi, Lif Uzunluğu ve Lif Renk Genlerinin Haritalanması, Doktora Tezi, İzmir.
- An, C., Jenkins, J.N., Wu, J., Guo, Y. and 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, (2023). Türkiye İstatistik Kurumu, Bitki üretim istatistikleri. Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) (tuik.gov.tr)
- Bartoli, C. G. et al. (2005). Ascorbate content of wheat leaves is not determined by maximal L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase (GalLDH) activity under drought stress. *Plant Cell Environ*, 28, 1073–1081.
- Başbağ, S., Temiz, M.G. (2004). Determinations of some Agronomical and Technological Properties on Cotton Having Different Colors Fiber. *J. Agron.*, 3: 301-304.
- Bölükbaşı, K. (2008). “Pamuk Lif Uzunluğunun Önemi”, <http://kadirbolukbasi.wordpress.com/2008/09/15/pamuk-lif-uzunlugunun-onemi/> (Erişim tarihi: 04.03.2021)
- Cao, Z., Zhu X., Chen, H. and Zhang T. (2015). Fine mapping of Clustered Quantitative Trait Loci for Fiber Quality on Chromosome 7 Using a *Gossypium barbadense* Introgressed Line. *Mol Breeding*, 35:215.
- Cuming, D. S. (2011). Doğal Yeşil Renkli Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Lif Renk Genlerini Kontrol Eden DNA Markırlarının Belirlenmesi ve Quantitative Trait Locus (QTL) Analizi, Doktora Tezi, İzmir.
- Chandnani, R., Kim, C., Guo, H. and et all. (2018). Genetic Analysis of *Gossypium* Fiber Quality Traits in Reciprocal Advanced Backcross Populations. *The Plant Genome*, Volume 11, Issue 1.
- Chen, H.L. and Cluver B. (2010). Biodegradation and Mildew Resistance of Naturally Colored Cottons. *Textile Research Journal*, Volume 80, Issue 20.
- Çetin, B. (2022). Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Renk Özellikleri Kalıtımının İncelenmesi, Doktora Tezi, Şanlıurfa.
- Dutt, Y., Wang, X. D., Zhu Y. G., Li Y. (2004). Breeding for high yield and fibre quality in coloured cotton. *Plant Breeding* 123, 145—151 Blackwell Verlag, Berlin ISSN 0179-9541
- Efe, L., Mustafayev, A.S., Kılılı, F., 2010. Agronomic, fiber and seed quality traits of

- naturally coloured cottons in east Mediterranean region of Turkey. *Pakistan Journal of Botany*, 42 (6): 3865 – 3873.
- Elshire, R., J., Glaubitz, C., J., Sun, Q., Poland, A., J., Kawamoto, K., Buckler, S., E., Mitchell, S., E. (2011). A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *Plos ONE* 6(5): e19379.
- Fan, L., Wang, L., Wang, X., Zhang, H., Zhu, Y., Guo, J., Gao, W., Geng, H., Chen, Q., Qu, Y. (2018). A high-density genetic map of extra-long staple cotton (*Gossypium barbadense*) constructed using genotyping-by-sequencing based single nucleotide polymorphic markers and identification of fiber traits-related QTL in a recombinant inbred line population. *BMC Genomics*. 25;19(1):489.
- Feng, H., Guo, L., Wang, G., Sun, J., Pan, Z., He, S., Zhu, H., Sun, J., Du, X. (2015). The Negative Correlation between Fiber Color and Quality Traits Revealed by QTL Analysis. Research Article, *PLOS ONE*, June 29, 2015
- Feng, H. J., Sun, J. L., Wang, J., Jia, Y. H., Zhang, X. Y., Pang, B. Y., Sun, J. and Du, X. M. (2011). Genetic effects and heterosis of the fibre colour and quality of brown cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plant Breeding*, 130, 450-456.
- Gowda S.A., Katageri I.S., Kumar N.V.M., Patil R.S. (2022). Development and evaluation of India's first intraspecific *Gossypium barbadense* cotton recombinant inbred mapping population for extra-long staple fibre traits. *J Genet*; 101:4. PMID: 35129137.
- Gürel, A., Akdemir, H., Karadayı, H.B. (2001). Doğal Renkli Pamukların Ege Bölgesi Koşullarında Üretilme Olanakları. *Anadolu, J. Of AARI*, 56-70.
- Glaubitz, J., C., Casstevens, T., M., Lu, F., Harriman, J., Elshire, R., J., Sun, Q., Buckler, E., S. (2014). TASSEL-GBS: a high-capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *Plos One* 9. E90346.
- He, D.H., Lin, Z.X., Zhang, X.L., Nie, Y.C., Guo, X.P., Zhang, Y.X. and Li, W. (2007). QTL mapping for economic traits based on dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the interspecific cross of *Gossypium hirsutum* vs *Gossypium barbadense*. *Euphytica*, 153(1-2): 181-197.
- He, J., Zhao, X., Laroche, A., Lu, Z-X., Liu, H., Li, Z. (2014). Genotyping-by-sequencing (GBS), an ultimate marker-assisted selection (MAS) tool to accelerate plant breeding. *Frontier in Plant Science*, 5:1-8.
- Hinchliffe D., Condon B., Delhom C.D., Chang S., Montalvo J., Madison C., Reynolds M., Vonhoven T. and Cintron M.S. (2015). Physical and Combustion properties of Nonwoven Fabrics Produced From Conventional and Naturally Colored Cottons. *Textile Research Journal*, Volume 85, Issue 16.
- Joshi, K.A. and Chirde, S.S. (1998). Color Cotton Research in Mahyco India. World Cotton Research Conference 2, Athens, Greece, 6-12 September.

- Kartal, S. (2016). Sawgin ve rollergin ile çırçırlanmış bazı Pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) çeşitlerinin lif özelliklerinin karşılaştırılması, Yüksek lisans tezi, Kahramanmaraş.
- Kayahan, E., Karaboycu, M., Dayık, M. (2016). Bitkisel Atıklar Kullanılarak Yün, Pamuk ve Rejenere Soya Lifleri için Ekolojik Boyama, *Tekstil ve Mühendis*, 23: 102, 112-125.
- Kıllı, F., Şerefoğlu, A.H. (2005). Renkli lifli pamukların koza, tohum ve mot özellikleri. Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi, 5-9 Eylül 2005 Antalya, Cilt 1, 347-350.
- Kim, C., Guo, H., Kong, W., Chandnani, R., Shuang, L-S., Paterson, A. (2016). Application of genotyping by sequencing to a variety of crop breeding programs. *Plant Sciences*.242: 14-22.
- Kranthi, K. R. (2014). How Colourful is the Future of Naturally Coloured Cotton. *Cotton statistics & news*, No.01 1st April.
- Lacape, J.-M., Jacobs, J., Arioli, T., Dericker, R., Forestier-Chiron, N., Llewellyn, D., Jean, J., Thomas, E. and Viot, C. (2009). A new interspecific, *Gossypium hirsutum* x *G. barbadense*, RIL population: towards a unified consensus linkage map of tetraploid cotton, *Theoretical and Applied Genetics*, 119: 281-292.
- Li, B. et al. (2014). Partial suppression of L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase causes significant reduction in leaf water loss through decreasing stomatal aperture size in *Arabidopsis*. *Plant Growth Regul* 72, 171–179.
- Li, C., Dong, Y., Zhao, T., Li, L., Li, C., Yu, E., Mei, L., Daud, M. K., He, Q., Chen, J., Zhu, S. (2016). Genome-Wide SNP Linkage Mapping and QTL Analysis for Fiber Quality and Yield Traits in the Upland Cotton Recombinant Inbred Lines Population. *Front. Plant Sci.* 7:1356.
- Liu, R., Gong, J., Xiao, X., Zhang, Z. and et all. (2018). GWAS Analysis and QTL Identification of Fiber Quality Traits and Yield Components in Upland Cotton Using Enriched High-Density SNP Markers. *Frontiers in Plant Science*, Volume 9, Article 1067.
- Lin, Z.X., Zhang, X.L., Nie, Y.C., He, D.H. and Wu, M.Q. (2003). Construction of a genetic linkage map for cotton based on SRAP, *Chinese Sci. Bull.*, 48: 2063-2067.
- Lin, Z., He, D., Zhang, X., Nie, Y., Guo, X., Feng, C. and Stewart, J.M.C.D. (2005). Linkage map construction and mapping QTL for cotton fibre quality using SRAP, SSR and RAPD, *Plant Breeding*, 124: 180-187.
- Ma M., Luo S., Hu Z., Tang Z. and Zhou W. (2016a). Antioxidant properties of naturally brown-colored cotton fiber. *Textile Research Journal*, Vol. 86(3) 256–263.
- Matusiak, M., Frydrych I. (2014). Investigation of Naturally Coloured Cotton of Different Origin – Analysis of Fibre Properties Lodz University of Technology, *Fibres & Textiles in Eastern Europe*; 22, 5(107): 34-42.
- Mohan Kumar N. V., Katageri I. S., Gowda S. A., Adiger S., Kumar Yadava S. and Reddy

- Lachagari V. B. (2018). 63K SNP chip-based linkage mapping and QTL analysis for fibre quality and yield component traits in *Gossypium barbadense* L. cotton. *Euphytica*, 215, Article number:6.
- Ostergaard, J., Persiau, G., Davey, M. W., Bauw, G. And Van Montagu, M. (1997). Isolation of a cDNA coding for L-galactono-gamma-lactone dehydrogenase, an enzyme involved in the biosynthesis of ascorbic acid in plants. Purification, characterization, cDNA cloning and expression in yeast. *J Biol Chem* 272, 30009-30016.
- Palamutçu, S., Soydan, A.S., Avinç, O., Günaydın, G.K., Yavaş, A., Kivılcım, M.N. and Demirtaş, M. (2018). Physical Properties of Different Turkish Organic Cotton Fiber Types Depending on the Cultivation Area. *Organic Cotton*, pp 25-39.
- Palve, S.M., Mandhyan, P.K., Waghmare, V.N. and Kate, N. (2020). Evaluation of Breeding Potential of Introgression Lines Developed Inter-specific Crossing Between Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) and *Gossypium barbadense* L. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, Vol. 80 No.03.
- Paterson, A.H., Saranga, Y., Menz, M., Jiang, C. and Wright, R.J. (2003). QTL analysis of genotype x environmental interactions affecting cotton fiber quality, *Theor. Appl. Genet.*, 106: 384-396.
- Pineau, B., Layoune, O., Danon, A. & De Paepe, R. (2008). L-Galactono-1,4-lactone dehydrogenase is required for the accumulation of plant respiratory complex. *I. J Biol Chem*, 283, 32500–32505.
- Poland, J. A., Rife, W. T. (2012). Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics. *The Plant Genome*, 5(3): 92-102.
- Rathinamoorthy, R. and Parthiban, M. (2019). Colored Cotton: Novel Eco-friendly Textile Material for the Future. *Handbook of Ecomaterials*, pp 1499-1519.
- Ravichandran, M., Debashis, R., Subramanyan, K., Govindaraj, M. (2019). Genetic linkage map construction for fibre quality traits in intraspecific upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Eurasia J., Biosci*, 13(1): 127-134.
- Qin, H., Guo, W., Zhang, Y.-M. and Zhang, T. (2008). QTL mapping of yield and fiber traits based on a four-way cross population in *Gossypium hirsutum* L., *Theoretical Applied Genetics*, 117: 883–894.
- Saritha, H. S. and Patil, R. S. (2020). Genetic studies in colour-cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes for seed cotton yield and fibre quality traits. *Electronic Journal of Plant Breeding*, Vol 11(1) : 30-35.
- Sabev, P., Valkova, N., Todorovska, E. G. (2020). Molecular markers and their application in cotton breeding: progress and future perspectives *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 26 (No 4), 816–828.
- Saranga, Y., Menz, M., Jiang, C., Wright, R.J., Yakir, D. and Paterson, A.H. (2001). Genomic dissection of genotype x environment interactions conferring adaptation of cotton to arid conditions, *Genome Res.*, 11: 1988-1995.

- Surgun, Y., Çöl B., Bürün B. (2012). Genetic Diversity and Identification of some Turkish Cotton Genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) by RAPD-PCR Analysis. *Turkish Journal of Biology*, Vol. 36, No .2.
- Sun, D.L., Sun, J.L., Jia, Y.H., Ma, Z.Y. and Du, X.M. (2009). Genetic Diversity of Colored Cotton Analyzed by Simple Sequence Repeat Markers. *International Journal of Plant Sciences*, Volume 170, Number 1.
- Sun, Z., Wang, X., Liu, Z., Gu, Q., Zhang, Y., Li, Z., Ke, H., Yang, J., Wu, J., Wu, L., Zhang, G., Zhang, C., Ma, Z. (2017). Genome-wide Association Study Discovered Genetic Variation and Candidate Genes of Fibre Quality Traits in *Gossypium hirsutum* L.. *Plant Biotechnology Journal*, Volume 15, Issue 8 / p.982-996.
- Shang, L., Wang, Y., Wang, X., Liu, F., Abduweli A., Cai S., Li, Y., Ma, L., Wang, K. and Hua, J. (2016). Genetic Analysis and QTL Detection on Fiber Traits Using Two Recombinant Inbred Lines and Their Backcross Populations in Upland Cotton. *Genetics*, Volume 6.
- Smirnoff, N., Conklin, P. L. and Loewus, F. A. (2001). Biosynthesis of ascorbic acid in plants: A renaissance. *Plant Physiol Plant Mol Biol*, 52, 437–467.
- Spindel, J., Wright. M., Chen, C., Cobb, J., Gage, J., Harrington, S. (2013). Bridging the genotyping gap: using genotyping by sequencing (GBS) to add high density SNP markers and new value to traditional bi-parental mapping and breeding populations. *Theor. Appl. Genet.* 126:2699-2716.
- Tabata, K., Oba, K., Suzuki, K. and Esasa, M. (2001). Generation and properties of ascorbic acid-deficient transgenic tobacco cells expressing antisense RNA for L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase. *Plant J* 27, 139–148.
- Tan, Z., Zhang, Z., Sun, X., Li, Q., Sun, Y., Yang, P., Wang, W., Liu, X., Chen, C., Liu, D., Teng, Z., Guo, K., Zhang, J., Liu, D., Zhang, Z. (2018). Genetic Map Construction and Fiber Quality QTL Mapping Using the CottonSNP80K Array in Upland Cotton, *Frontiers in Plant Science*, 9:225.
- Ulloa, M., Brubaker, C. and Chee, P. (2007). Cotton (Chapter 1), Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants, Vol. 6: Technical Crops, C. Kole (Ed.), Springer-Verlag Berlin, Heidelberg, 1-49p.
- Wang, L., Liu, H., Li, X., Xiao, X., Ai, X., Luo, C., Zhu, L. and Li, X. (2014). Genetic mapping of fiber color genes on two brown cotton cultivars in Xinjiang. *SpringerPlus*, 3:480.
- Wang, Y., Ning, Z., Hu, Y., Chen, J., Zhao, R., Chen, H., Ai, N., Guo, W., Zhang, T. (2015). Molecular mapping of restriction-site associated DNA markers in allotetraploid cotton. *Plos ONE*. 10(4):e0124781.
- Wang, F., Zhang, J., Chen, Y., Zhang, C., Gong, J., Song, Z., Zhou J., Wang, J., Zhao, C., Jiao, M., Liu, A., Du, Z., Yuan, Y., Fan, S., Zhang, J. (2020). Identification of candidate genes for key fibre-related QTLs and derivation of favourable alleles in *Gossypium hirsutum* recombinant inbred lines with *G. barbadense* introgressions. *Plant Biotechnol J*. Mar;18(3):707-720.

- Wang, J., Ma, M. And Zhou, W. (2022). Antibacterial Properties of White Cotton/Naturally Brown-Colored Cotton Blended Fabrics. *AATCC Journal of Research*, Volume 6, Issue 1.
- Wen, T., Wu, M., Shen, C., Gao, B., Zhu, D., Zhang, X., You, C. and Lin, Z. (2018). Linkage and Association Mapping Reveals the Genetic Basis of Brown Fibre (*Gossypium hirsutum* L.). *Plant Biotechnology Journal*, Volume 16, Issue 9, pp 1654-1666.
- Wu, J., Gutierrez, O.A., Jenkins, J.N., McCarty, J.C. and Zhu, J. (2008). Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of Upland cotton, *Euphytica*, 165: 231-245.
- Xu, J., Su, M., Jin, Z., Zhou, W., Sun, Y., Jin, Y., Shi, Z. (2022). Effects of Natural Brown Cotton Bleached Gauze on Wound Healing. *Materials (Basel)*. 11;15(6):2070.
- Yu, J., W., Yu, S., X., Lu, C., R., Wang, W., Fan, S., L. (2007). High-Density Linkage Map Of Cultivated Allotetraploid Cotton Based On SSR, TRAP, SRAP and AFLP markers. *J., Integr Plat Biol.*, 49(5):716-724.
- Zhao, J., Liu, J., Xu, J., Zhao, L., Wu, Q., Xiao, S. (2018). Quantitative Trait Locus Mapping And Candidate Gene Analysis For Verticillium Wilt Resistance Using *Gossypium barbadense* L. Chromosomal Segment Introgressed Line. *Front Plant Sci*, 9:682.
- Zhang, J., Steward, J., McD. (2000). Economical and rapid method for extraction cotton genomic DNA. *The Journal of Cotton Science*, 4: 193-201.
- Zhang, Z. S., Hu, M. C., Zhang, J., Liu, D. J., Zheng, J., Zhang, K., Wang, W., Wan, Q. (2009). Construction of a comprehensive PCR-based marker linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) *Mol Breeding* 24:49–61.
- Zhang, M., Song, X., Li, Z. (2011). Patterns Of Color Formation In Different Fibers During Development Of Colored Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Cultivars, *Australian Journal of Crop Science*, 5(13).
- Zhang, T., Hu, Y., Jiang, W. and et. all. (2015). Sequencing of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. acc. TM-1) provides a resource for fiber improvement. *Nature Biotechnology*, 33, 531–537.
- Zhang, K., Kuraparthi V., Fang, H., Zhu L., Sood S. and Jones D.C. (2019). High-density Linkage Map Construction and QTL analyses for Fiber Quality, Yield and Mophological Traits Using CottonSNP63K Array in Upland Cotton. *BMC Genomics* 20:889.