



**T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**DİPLOİD VE TETRAPLOİD PAMUKLARDA SSR MARKÖRLERİYLE  
BELİRLENEN GENETİK FARKLILIK VE LİF KALİTE ÖZELLİKLERİYLE  
İLİŞKİSİ**

**ADEM BARDAK**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KAHRAMANMARAŞ**

**Ocak-2007**

**T.C.**  
**KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**  
**TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**DİPLOİD VE TETRAPLOİD PAMUKLARDA SSR MARKÖRLERİYLE  
BELİRLENEN GENETİK FARKLILIK VE LİF KALİTE ÖZELLİKLERİYLE  
İLİŞKİSİ**

**ADEM BARDAK**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Kod No :**

**Bu Tez 09/01/2007 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından  
Oy Birliği ile Kabul Edilmiştir.**

**Yrd. Doç. Dr.**  
**Yüksel BÖLEK**  
**DANIŞMAN**

**Yrd. Doç. Dr.**  
**İsmail AKYOL**  
**ÜYE**

**Yrd. Doç. Dr.**  
**Osman ÇOPUR**  
**ÜYE**

**Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.**

**Prof. Dr. Özden GÖRÜCÜ**  
**Enstitü Müdürü**

**Bu çalışma K.S.Ü. Araştırma Fon Saymanlığı tarafından desteklenmiştir.**  
**Proje No: 2005/4-8**

**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.**

**İÇİNDEKİLER**

	SAYFA
<b>İÇİNDEKİLER.....</b>	<b>I</b>
<b>ÖZET.....</b>	<b>III</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>V</b>
<b>ÖNSÖZ.....</b>	<b>VII</b>
<b>ÇİZELGELER DİZİNİ.....</b>	<b>VIII</b>
<b>ŞEKİLLER DİZİNİ.....</b>	<b>IX</b>
<b>EK ŞEKİLLER DİZİNİ .....</b>	<b>X</b>
<b>SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ.....</b>	<b>XI</b>
<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
<b>2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....</b>	<b>5</b>
<b>3. MATERYAL VE METOT.....</b>	<b>11</b>
<b>3.1. Materyal.....</b>	<b>11</b>
<b>3.1.1. Bitki Materyeli ve Özellikleri.....</b>	<b>11</b>
<b>3.1.2. Deneme Alanının Genel Tanımı.....</b>	<b>11</b>
<b>3.1.3. Deneme Yerinin İklim Özellikleri.....</b>	<b>11</b>
<b>3.1.4. Deneme Yerinin Toprak Özellikleri.....</b>	<b>13</b>
<b>3.1.5. Araştırmada Kullanılan Cihazlar, Kimyasallar ve Malzemeler.....</b>	<b>14</b>
<b>3.2. Metot.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1. Tarla Çalışmaları.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.1. Toprak Hazırlığı ve Ekim.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.2. Çıkıştan Sonra Yapılan Kültürel İşlemler.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.2.1. Çıkış Sonrası İki Aşamalı Seyreltme.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.2.2. El ve Traktör Çapası.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.2.3. Sulama ve Üst Gübrelemesi.....</b>	<b>16</b>
<b>3.2.1.2.4. Kütlü Hasadı (Örnekleme) ve Çırcırlama.....</b>	<b>17</b>
<b>3.2.1.2.5. İncelenen Lif Özellikleri.....</b>	<b>17</b>
<b>3.2.1.2.6. Yaprak Örneklerinin Alınması.....</b>	<b>17</b>
<b>3.2.2. Laboratuar Çalışmaları.....</b>	<b>17</b>
<b>3.2.2.1. DNA İzalasyonu.....</b>	<b>17</b>
<b>3.2.2.2. Polymeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) Analizi.....</b>	<b>18</b>
<b>3.2.2.3. Elektroforez .....</b>	<b>18</b>

3.2.2.4. SSR Parmak İzlerinin Çıkarılması (Fingerprinting).....	18
3.2.2.5. DNA Bantlarının Görüntülenmesi.....	18
3.2.2.6. DNA Bantlarının Puanlanması.....	19
3.2.3. Data Analizi.....	19
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	20
4.1. Genotiplerin Lif Özellikleri.....	20
4.1.1. İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index) (SCI).....	20
4.1.2. Lif İnceliği (Micronaire) (MIC).....	20
4.1.3. Lif Kopma Dayanıklılığı (Strength) (STR) (g/tex).....	21
4.1.4. Lif Uzunluğu (Length) (LEN) (mm) (%2.5 Span Length).....	21
4.1.5. Lif Uzunluk Uyum İndeksi (Uniformity Index) (UNF) (%).....	21
4.1.6. Kısa Lif İçeriği (Short Fiber Index) (SFI) (%).....	21
4.1.7. Lif Kopma Uzaması (Elongation) (ELG) (%).....	21
4.1.8. İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product) (CSP).....	21
4.2. Genotipler Arasındaki Genetik Farklılıklarının Saptanması .....	23
4.2.1. Türkiye’de Tescil Edilmiş Pamuk Genotipleri Arasındaki Genetik Farklılık.....	23
4.2.2. <i>G. hirsutum</i> L. Türüne İlişkin Pamuk Genotipleri Arasındaki Genetik Farklılık.....	23
4.2.3. <i>G. barbadense</i> L. Türü İçerisindeki Genetik Farklılık.....	23
4.2.4. Yabani Pamuk Türleri Arasındaki Genetik Farklılık.....	24
4.2.5. Tetraploid Pamuk Türlerine Ait Genotipler Arasındaki Genetik Farklılık.....	24
4.2.6. Diploid Pamuk Türlerine Ait Genotipler Arasındaki Genetik Farklılık.....	24
4.2.7. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç.....	26
4.3. Lif Analiz Sonuçları ile Moleküler Verilerin İlişkilendirilmesi.....	26
5. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	29
KAYNAKLAR.....	31
EKLER.....	37
ÖZGEÇMİŞ.....	46

T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

## YÜKSEK LİSANS TEZİ

## ÖZET

DİPLOİD VE TETRAPLOİD PAMUKLARDA SSR MARKÖRLERİYLE  
BELİRLENEN GENETİK FARKLILIK VE LİF KALİTE ÖZELLİKLERİYLE  
İLİŞKİSİ

ADEM BARDAK

Danışman: Yrd. Doç. Dr. Yüksel BÖLEK

Yıl : 2007, Sayfa: 46

Jüri : Yrd. Doç. Dr. Yüksel BÖLEK  
: Yrd. Doç. Dr. İsmail AKYOL  
: Yrd. Doç. Dr. Osman ÇOPUR

Bu çalışmada diploid ve tetraploid pamuk türlerine ilişkin genotiplerde, genetik farklılığın saptanması ve lif kalite özellikleriyle ilişkilendirilerek bitki ıslahında kullanılabilecek moleküler markörlerin belirlenmesi hedeflenmiştir.

Araştırma, 2005 yılında tarla ve 2006 yılında laboratuvar çalışmaları şeklinde yürütülmüştür.

Lif analiz sonuçları genotipler arasında önemli farklılıklar ortaya koymuştur. *G. barbadense* L. türüne ait iki genotipin (Aşkabat 91 ve Bahar 82) lif kalite özellikleriyle *G. hirsutum* L. genotiplerinden farklı olduğu bulunmuştur.

Genotipler arasındaki genetik ilişkinin belirlenmesi amacıyla SSR (Simple Sequence Repeats) markörleri kullanılmıştır. İncelenen tüm genotipler arasındaki genetik farklılık % 6-73 arasında değişmiştir. Bu oran *G. hirsutum* L. türü içerisinde % 6-34 ve *G. barbadense* L. türünde ise % 12-42 arasında değişmiştir. Bu iki türün dışında kalan diğer diploid ve tetraploid türler arasında ise % 12-73 düzeyinde bir genetik farklılık tespit edilmiştir.

Lif kalite özellikleriyle moleküler verilerin karşılaştırılması sonucu, olumlu (pozitif) ve olumsuz (negatif) yönde, istatistiki olarak önemli ilişkiler bulunmuştur. Diğer taraftan, CM71-2, CM23-2, JESPR 224-3, BNL2960-3 ve JESPR 232-2 DNA markörlerinin incelenen lif kalite değerlerini olumlu yönde etkilediği ve pozitif allellerin *G. barbadense* L. türüne ait genotiplerden geldiği saptanmıştır.

*G. hirsutum* L. türü içerisindeki mevcut lif kalitesini ve genetik varyasyonu artırmak için *G. barbadense* L. türüne ilaveten yabancı diploid ve tetraploid pamuklarında kullanılması pamuk ıslah çalışmalarında büyük fayda sağlayacaktır.

**Anahtar Kelimeler:** Pamuk, Genetik Farklılık, Moleküler Markörler, SSR, Lif Kalitesi, Diploid, Tetraploid

**T.C.  
UNIVERSITY OF KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM  
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES  
DEPARTMENT OF FIELD CROPS**

**MSc THESIS**

**ABSTRACT**

**GENETIC DIVERSITY OF DIPLOID AND TETRAPLOID COTTONS  
DETERMINED BY SSR MARKERS AND ITS RELATIONSHIP WITH FIBER  
QUALITY TRAITS**

**ADEM BARDAK**

**Supervisor : Assist. Prof. Dr. Yüksel BÖLEK**

**Year : 2007, Page: 46**

**Jury : Assist. Prof. Dr. Yüksel BÖLEK  
: Assist. Prof. Dr. İsmail AKYOL  
: Assist. Prof. Dr. Osman ÇOPUR**

This study aimed to determine genetic diversity for diploid and tetraploid cotton genotypes and to use its relationship with fiber quality parameters to identify molecular markers that might be used in plant breeding.

The research was performed in the field in 2005 and in the laboratory in 2006.

Fiber analysis showed significant differences among all the genotypes. Aşkabat 91 and Bahar 82 genotypes belonging to *G. barbadense* L. were found to be different from the genotypes belonging to *G. hirsutum* L. for fiber quality traits.

SSR (Simple Sequence Repeats) markers were used to determine genetic relationship among the genotypes. Genetic diversity was ranged from 6 to 73 % among all the genotypes inspected. This ratio was 6-34 % within *G. hirsutum* L. and

12-42 % within *G. barbadense* L. species. Out of these two species, genetic diversity was ranged from 12 to 73 % among the other diploid and tetraploid species.

In the comparison of molecular data with the fiber quality traits, significant positive and negative relationships were obtained. On the other hand, it is determined that the markers CM71-2, CM23-2, JESPR 224-3, BNL2960-3 and JESPR 232-2 had positive effects on the fiber quality traits inspected and were contributed from the genotypes belonging to *G. barbadense* L.

It is advisable to use wild diploid and tetraploid cottons in addition to *G. barbadense* L. to increase genetic variation and fiber quality present in the *G. hirsutum* L. in the cotton breeding studies.

**Keywords:** Cotton, Genetic Diversity, Molecular Markers, Fiber Quality, Diploid, Tetraploid

**ÖNSÖZ**

Pamuk ıslah programlarında çeşitlerin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu önemli bir husustur. Genotipler arasındaki farklılığı ortaya koyabilecek ve çevre faktörlerinden etkilenmeyen genetik markörlerin tespit edilmesi ve bu markörlerin ekonomik önemi olan karakterlerle ilişkilendirilmesi yapılacak seleksiyon çalışmalarına hız ve güvenilirlik kazandıracaktır.

Bu çalışmada, diploid ve tetraploid türlere ilişkin 26 adet pamuk genotipi üzerinde çalışılmıştır. Bu genotiplerden yedi tanesinin halen ülkemizde büyük oranda ekimi yapılmakta olup; hem bu genotipler arasında hem de diğer genotipler arasındaki varyasyon moleküler düzeyde incelenmiştir.

Araştırmanın seçiminde, yürütülmesinde ve sunulmasında yardımlarını esirgemeyen ve çalışmaların her aşamasında büyük desteğini gördüğüm danışman hocam Yrd. Doç. Dr. Yüksel BÖLEK'e teşekkürlerimi sunmayı bir borç bilirim.

Tezin yürütülmesinde ve yazım aşamasında bilgi ve tecrübesinden faydalandığım değerli hocam Yrd. Doç. Dr. İsmail AKYOL'a ve tezin yazımında desteğini eksik etmeyen Yrd. Doç. Dr. Osman ÇOPUR hocama teşekkür ederim.

Son olarak K.S.Ü. Zootekni Bölümü öğretim üyelerinden Doç. Dr. M. Sait EKİNCİ ve Doç. Dr. Emin ÖZKÖSE hocalarıma ve Biyoteknoloji ve Gen Mühendisliği Laboratuvarında çalışan arkadaşlara verdikleri destekten dolayı teşekkür ederim.

Ocak 2007  
KAHRAMANMARAŞ

Adem BARDAK

**ÇİZELGELER DİZİNİ**

	<b>SAYFA</b>
<b>Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Pamuk (<i>G. hirsutum</i> L. ve <i>G. barbadense</i> L.) Genotipleri ve Pedigri Bilgileri .....</b>	<b>12</b>
<b>Çizelge 3.2. Araştırmada Kullanılan Yabani Pamuk Hatları ve Genom Dağılımları.....</b>	<b>13</b>
<b>Çizelge 3.3. Deneme Yılına (2005) Ait Bazı Ortalama İklim Verileri.....</b>	<b>13</b>
<b>Çizelge 3.4. Deneme Yeri Topraklarının Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri.....</b>	<b>14</b>
<b>Çizelge 3.5. Çalışmada Kullanılan Primerler, Baz Dizilişleri ve Uzunlukları .....</b>	<b>15</b>
<b>Çizelge 4.1. Pamuk Genotiplerinde Saptanan Lif Özelliklerine İlişkin Varyans Analiz Sonuçları.....</b>	<b>20</b>
<b>Çizelge 4.2. Pamuk Genotiplerinin Ortalama Lif Özellik Değerleri ve En Küçük Önemli Fark Testine Göre (LSD) Oluşan Gruplar.....</b>	<b>22</b>
<b>Çizelge 4.3. Genotipler Arasındaki Genetik Mesafe (Genetic Distance) (Nei, 1975) Matrix Çizelgesi.....</b>	<b>25</b>
<b>Çizelge 4.4. Genotiplerin Lif Analizi Sonuçları ile SSR Verileri Arasındaki Korelasyon Çizelgesi.....</b>	<b>28</b>

**ŞEKİLLER DİZİNİ****SAYFA**

<b>Şekil 3.1. JESPR 153 Primerinin Çoğalttığı Genotiplere Ait DNA'larm Metafor Agaroz Jeli Üzerindeki Görüntüsü.....</b>	<b>19</b>
<b>Şekil 4.1. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç.....</b>	<b>27</b>

## EK ŞEKİLLER DİZİNİ

	SAYFA
Ek Şekil 1. <i>G. hirsutum</i> L. ve <i>G. barbadense</i> L. Türlerine Ait Pamuklarda Bitki Boyu.....	37
Ek Şekil 2. <i>G. barbadense</i> L. (A) ve <i>G. hirsutum</i> L. (B) Türlerine Ait Pamuklarda Yaprak Yapısı.....	37
Ek Şekil 3. Pamuk Genotiplerinde Çiçek, Koza ve Lif Durumlarının Karşılaştırılması .....	38
Ek Şekil 4. Yabani Pamuk Türlerine Ait Hatların Yaparak Şekilleri.....	39
Ek Şekil 5. <i>G. herbaceum</i> L. Pamuk Türünün Bitki Formu, Yaprak ve Çiçeği.....	40
Ek Şekil 6. <i>G. nandewarensis</i> (Derara) Fryx Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	41
Ek Şekil 7. <i>G. hirsutum</i> var. <i>yucatanensis</i> Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	41
Ek Şekil 8. <i>G. harknessii</i> Brandg Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	42
Ek Şekil 9. <i>G. incanum</i> (Schwartz) Hillc. Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	43
Ek Şekil 10. <i>G. lanceolatum</i> Tod. Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	43
Ek Şekil 11. <i>G. hirsutum</i> var. <i>marie galante</i> Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	44
Ek Şekil 12. <i>G. barbadense</i> L. (GB-4) Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	44
Ek Şekil 13. <i>G. mustelinum</i> Miers ex Watt Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	45
Ek Şekil 14. <i>G. darwinii</i> Watt Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli .....	45

## SİMGELER VE KISALTMALAR

A.B.D	: Amerika Bileşik Devletleri
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
COP	: Coefficients of Percentage
CSP	: İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product)
CV	: Coefficient of Variation
cM	: Centi Morgan
DİE	: Devlet İstatistik Enstitüsü
DNA	: Deoxyribonucleic Acid
ELG	: Lif Kopma Uzaması (Elongation) (%)
EST	: Expressed Sequence Tagged
F	: Forward (5'--->3')
FAO	: Food Agriculture Organization
G.	: <i>Gossypium</i>
GU	: Genetik Uzaklık (Genetic Distance)
HVI	: High Volume Instruments
ISSR	: Inter- Simple Sequence Repeat
K.S.Ü.	: Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi
LEN	: Lif Uzunluğu (Length) (mm) (%2.5 Span Length)
L.S.D.	: Least Significant Difference
M	: Molar
mg	: Miligram
MIC	: Lif İnceliği (Micronaire)
ml	: Milliliter
mM	: Milimolar
PCR	: Polymerase Chain Reaction
PH	: Potential Hydrogen
QTL	: Quantitative Trait Loci
R	: Reverse (5'--->3')
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SCI	: İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index)
SD	: Serbestlik Derecesi
SFI	: Kısa Lif İçeriği (Short Fiber Index) (%)
SRAP	: Sequence-Related Amplified Polymorphism
SSR	: Simple Sequence Repeat
STR	: Lif Kopma Dayanıklılığı (Strength) (g/tex)
UNF	: Lif Uzunluk Uyumu (Uniformity Index) (%)
UPGMA	: Unweighed Pair Group Method of Aritmetic Averages
U. V.	: Ultra Viola
U/µl	: Unit/Micro liter
VK	: Varyasyon Kaynakları
°C	: Centigrade Degree
µl	: Micro liter
µg	: Micro gram

## 1. GİRİŞ

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

Pamuk dünyada 35 milyon hektar alanda yetiştirilmekte ve 747 kg/ha verimle, 26 milyon ton pamuk lifi elde edilmektedir (Özüdoğru, 2006). Pamuk ülkemizde 640 bin ha alanda ekimi yapılmakta ve hektara 1462 kg verimle, 2.455.071 ton kütlü pamuk elde edilmektedir (Özüdoğru, 2006). Ülkemiz pamuk ekim alanı bakımından dünyada 7., verim bakımından 4., kütlü pamuk üretimi bakımından ise 8. sırada yer almaktadır (Özüdoğru, 2006). Pamuk yağı ülkemizde, margarin ve sıvı yağ endüstrisinin % 25'ini oluşturmaktadır. Ayrıca pamuk tohumlarının yağı çıkarıldıktan sonra geriye kalan küspesi, % 40-43 protein, % 20-22 azotsuz öz maddeler ve % 5-6 oranında yağ bulundurmasından dolayı önemli bir hayvan yemi olarak değerlendirilmektedir.

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

*Gossypium* cinsi, tropik ve subtropik bölgelere dağılmış, yaklaşık olarak 45 diploid ve 5 allotetraploid tür içermekte ve genom yapılarına göre A-K olarak gruplandırılmaktadır (Fryxell ve ark., 1992 ; Percival ve ark., 1999).

Aydın (2001), Skovsted (1934)'e atfen yeni dünya tetraploid pamuklarının bir (A) genomu ve bir (D) genomu taşıdıklarını kaydetmiştir. Skovsted, aynı zamanda D genomu yabani diploid pamuklarının 13 küçük kromozomun tetraploid pamuklarda bulunan küçük kromozomlarla homolog olduğunu (benzerlik gösterdiğini) ve yine A genomu eski dünya pamuklarında bulunan 13 büyük kromozomunda tetraploid'lerdeki büyük kromozomlarla benzerlik gösterdiğine işaret etmiştir.

Gerstl (1953) ve Phillips (1963)'e atfen, bu günkü tetraploid'lerin kökenlerinin *G. raimondii* (D5) ve *G. herbaceum* (A1) türlerine çok yakın akraba türler olduğunu, yani tetraploidlerin, bu türlerin birleşimiyle ortaya çıktığını belirtmişlerdir (Aydın, 2001).

Pamuk bitkisinin çok sayıda hastalık ve zararlılarının bulunması, pamuk yetiştiriciliğinde önemli bir sorundur. Özellikle diploid pamukların sahip olduğu hastalık ve zararlılar ile abiyotik stres şartlarına dayanıklılık genleri DNA düzeyinde yapılan

çalışmalarla ortaya çıkarılabilir ve bu faktörlere dayanıklı çeşit geliştirme çalışmalarında kullanılabilir.

Pamukta tür ve çeşit ayrımının yapılması, çeşitlerde hastalık ve zararlılara dayanıklılığın artırılması konularında DNA markörlerinin kullanılması morfolojik, biyokimyasal ve izoenzim markörlerinin kullanılmasına oranla daha fazla avantaj sağlamaktadır. PCR'a dayalı DNA markörleri; AFLP(Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence Repeat) pamukta genetik ilişkiyi belirlemek için kullanılmıştır (Abdalla ve ark., 2001; Liu ve ark., 2000). Bu markörler genel olarak RFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)'ye nazaran daha polimorfik oldukları belirtilmektedir (Van Becelaere ve ark., 2005).

İslah materyalleri arasındaki genetik farklılık ve akrabalığın durumu ve derecesi bitki ıslahında önemli bir rol oynamaktadır. İslah programlarının etkinliğini artırmak ve ümit var melezlemeler yapabilmek için uygun ebeveyn seçimi en önemli ölçütlerden bir tanesidir. Moleküler markörlerin bu amaçla kullanımı bitki ıslahında önemi giderek artan bir role sahiptir. Hızlı sonuç vermeleri, çevre şartlarından etkilenmemeleri ve seleksiyon aşamasındaki doğrulukları, agronomik açıdan önemli karakterlerin seçiminde, markörler yardımıyla seleksiyonu en güvenilir uygulama haline getirmiştir. Bu nedenlerle de moleküler markörler bitki ıslah programlarında gittikçe artan bir önem kazanmıştır. Moleküler markörler, bitkiler arasındaki genetik çeşitliliği tahmin etmede (Manjarrez-Sandoval ve ark., 1997; Wendel ve ark., 1992; Tatineni ve ark., 1996), ıslahçı haklarının korunmasında (Smith ve Smith, 1992), heterotik grupların sınıflandırılmasında (Dudley ve ark., 1991; Senior ve ark., 1998), bitkiler ve onların yabani akrabaları arasındaki filogenetik ilişkiyi belirlemede (Li ve ark., 2000), pedigri analizlerinde (Smith ve ark., 1997) ve istenilen bitkisel özelliklerin seçiminde (Young, 1999) kullanılmaktadır.

Genotipler arasındaki genetik benzerlik farklı şekillerde belirlenebilmektedir. Bunlardan birisi pedigri sistemi ve diğeri de DNA parmak izi (fingerprint) analizinin kullanımınıdır. COP (Coefficients of Percentage) metodu pedigri bilgisini kullanarak genetik ilişkiyi belirlemektedir. Burada ölçüt; bir genotipteki herhangi bir allelin, soyundan geldiği başka bir genotipteki ve aynı lokustaki allele benzeme ihtimalinin tahmin edilmesidir. COP metodunun doğruluğu, güvenilir ve detaylı bir pedigri bilgisine dayanmaktadır. Bu bilgiler bazen hiç bulunmayabilir bazen de güvenilir olmayabilir. Bunun yanı sıra hesaplamalar; seleksiyon etkisini, mutasyon ve genetik kayıp (genetic drift) gibi hususları dikkate almamaktadır. Fakat bu olumsuzluklara rağmen pedigri bilgisi; bitki materyalleri arasındaki ilişkiyi belirlemede, bitki ıslahçıları için ucuz ve basit bir yöntemdir. Buna karşılık DNA markörleri, RAPD, RFLP, AFLP ve SSR'lar, DNA sekansları arasındaki farklılığı direkt olarak ölçebilmektedir. DNA temelli genetik benzerlik; allellerin o durumdaki birbirlerine benzerlik oranına dayanarak genotipler arasındaki ilişkiyi belirlemesine karşın, COP metodu genetik benzerlik faktörünü kullanmaktadır (Van Becelaere ve ark., 2005).

Ticari pamuklar arasındaki genetik farklılıkların daha net sonuç veren metotlar kullanılarak tespit edilmesi daha faydalı olacaktır. Çünkü pedigri analizleri bazen genetik farklılıkları fazla çıkarabilmektedir (Van Esbroeck ve ark., 1999). Geçtiğimiz 10-15 yıllık

dönemde pamuk ıslahındaki ilerlemenin yavaş olma nedenlerinden biriside germplasm içindeki varyasyonun azlığı olarak gösterilmektedir (Lewis, 2001).

İzoenzimler, RAPD, RFLP, AFLP ve SSR kullanılarak yapılan çalışmalar, tarımı yapılan upland pamuklar arasında genetik çeşitliliğin (farklılık) düşük düzeyde olduğunu göstermiştir (Wendel ve ark., 1992; Tatineni ve ark., 1996; Pilley ve Myers, 1999; Abdalla ve ark., 2001; Iqbal ve ark., 2001; Gutierrez ve ark., 2002; Zhang ve ark., 2005). Hatta genetik uzaklığın (farklılık) % 1-3 oranına kadar düştüğünü de ifade etmişlerdir. Aynı genetik darlığın Avustralya, Çin ve Pakistan'da da olduğu belirtilmiştir (Multani ve Lyon, 1995; Zuo ve ark., 2000; Rahman ve ark., 2002).

RFLP'ler ve izoenzim'ler genetik çeşitliliği tahmin etmede kullanılabilen fakat mevcut polimorfik izoenzim lokuslarının azlığı; RFLP'lerin yoğun işçilik gerektirmesi ve zaman alıcı olmalarından dolayı kullanımları kısıtlıdır. Buna karşın SSR'ların kullanımı daha ucuz ve etkili olması nedeniyle sürekli artmaktadır (Senior ve ark., 1998).

Mikrosatelitler olarak da adlandırılan SSR'lar rasgele ve ardışık olarak tekrarlanan ve genellikle 2-6 nükleotid uzunluğundaki gruplardan oluşan DNA dizileridir. Pamuk genomu içerisinde çok sayıda bulunmaları, polimorfik yapıları, birlikte hareket edebilirlikleri (codominance) ve polimeraz zincir reaksiyonunda (PCR) kullanılabilirlikleri gibi özelliklerinden dolayı genetik farklılığın belirlenmesinde ve genetik haritalamada kullanılmaktadırlar (Reddy ve ark., 2001). SSR'ları çevreleyen DNA dizileri, genellikle aynı türün bireyleri arasında temelde korunmuş oldukları için, farklı genotiplerde bulunan SSR'ların primer ile çoğaltılarak tespiti mümkün olmaktadır. Ardışık SSR tekrarlarının sayısındaki farklılık, PCR sonucu farklı uzunlukta DNA parçalarının oluşmasına neden olmaktadır. Tekrarlar, yakın tür ve çeşitler arasında tekrarlanan ünitelerin sayısında değişikliğe neden olan DNA'daki farklılıklardan dolayı oldukça polimorfik bir durum gösterirler. Bu nedenle SSR'ları çevreleyen korunmuş DNA dizeleri primer olarak kullanılarak PCR metodu ile ilgili lokustaki farklı alleller tespit edilebilmektedir.

Genetik farklılık ve ıslah materyalleri arasındaki genetik ilişki bitki geliştirmek açısından ıslahçılar için önemli bir husustur. Genotipler arasındaki genetik benzerlik ya da farklılığın tahmin edilebilmesi açılıma (segregasyon) uğrayan popülasyonlarda ebeveyn kombinasyonların seçilmesi açısından ve ıslah programında yeterli düzeyde varyasyonun tutulması açısından önemlidir. Özellikle önemli karakterler açısından alternatif alleller uzun süreli seçimlerin temelini oluşturacaktır. Dolayısıyla genetik olarak farklı ebeveynler arasında yapılan melezleme, meydana gelen döllerde geniş bir varyasyon oluşturabilecektir. Bu sayede belki üstün özelliklere sahip ve nadir bulunan genotipleri yakalamak mümkün olabilecektir. Bunun karşıtı olarak birbirlerine yakın genetik potansiyele sahip ebeveynler arasında yapılan melezlemede elde edilen elit çeşitler, genetik temeli daraltacağı gibi, hastalık ve zararlılara karşı da daha hassas hale gelebileceklerdir.

Kültür pamuklarının yüzyıllar boyunca verim ve lif kalitesi yönünden seçilmiş olmasına ilaveten, doğal ve yapay olarak oluşmuş melezlerle birlikte mutasyonların da ortaya çıkması ile oluşan yeni bitkilerin genetik yapılarındaki değişiklikler klasik yöntemlerle tam olarak ortaya konulamamaktadır. Modern tetraploid pamuklar, iki diploid türün birleşmesinden oluşmasına rağmen yeni oluşmuş türler eski türlerle kıyaslandığında büyük farklılıklar görülmektedir (Wendel, 2000). Buna karşın ülkemizde yetiştirilen pamuk

çeşitleri üzerinde detaylı morfolojik çalışmalar yapılmasına rağmen, moleküler çalışmalar yok denecek kadar azdır. Morfolojik karakterlerin çevreden daha fazla etkilenmeleri seleksiyon çalışmalarında ve çeşitlerin karakterizasyonunda güçlük çıkarmaktadır. Bu çalışmayla, ülkemizde en çok ekimi yapılan pamuk çeşitleri arasındaki genetik çeşitlilik araştırıldığı gibi bazı tetraploid ve diploid pamuk türleri arasındaki ilişkiye de bakılmıştır. Ayrıca elde edilen bilgiler çeşit geliştirme çalışmalarına da yardımcı olabilecektir.

Bu çalışma, 22 adet tetraploid ve 4 adet diploid pamuk genotipi arasındaki;

1. Genetik ilişkiyi belirlemek,
2. Tetraploid pamuklar içerisinde yer alan ve Türkiye de büyük oranda yetiştirilen 7 adet pamuk çeşidi arasındaki varyasyonu ve diğer genotiplerle olan ilişkisini ortaya koymak,
3. Tetraploid pamuklar içerisinde yer alan bazı çeşitlerin lif kalitesini belirlemek,
4. Bulunan DNA markörlerini lif kalite özellikleriyle ilişkilendirerek lif kalitesinin belirlenmesinde etkili olabilecek gen veya gen bölgelerini belirlemek amacıyla ele alınmıştır.

**2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR**

Tatineni ve ark. (1996), Türler arası melezleme sonucu elde edilen birbirine yakın 16 homozigot elit pamuk genotipi arasındaki genetik farklılığı 80 adet RAPD markörü kullanarak saptamış ve kalıtımı yüksek olan 19 adet morfolojik karakter üzerine çalışma yapmışlardır. *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. arasında rahatlıkla ayırt edilebilir. GU (genetik uzaklık) ve taksonomik uzaklık arasında 0.63'lük bir korelasyon belirlemişlerdir.

Iqbal ve ark. (1997), Ticari elit pamuk çeşitlerinin genetik farklılığını ortaya koymak için RAPD analizini kullanmışlardır. Kullandıkları 50 primer çifti 45 polimorfik lokus oluşturmuş ve çeşitler arasında % 81.51-93.41 arasında bir benzerlik belirlemişlerdir. *G. hirsutum* L.'a ait çeşitlerden S-12, V3 ve MNH-93 diğer çeşitlere sırasıyla % 78.12, % 74.46 ve % 69.56 bir benzerlik gösterirken, CIM-1100 çeşidinin % 57.02 benzerlik gösterdiğini bulmuşlar ve CIM-1100 çeşidinin diğer çeşitlerden büyük oranda farklı olduğunu saptamışlardır. Diploid pamuk *G. arboreum* var. Ravi'ninde sadece % 55.70 oranında benzerlik gösterdiğini belirleyerek diğerlerinden tamamen farklı olduğunu bulmuşlardır.

Senior ve ark. (1998), 94 saf mısır hattını 70 SSR markör lokusu (toplam 365 allel) kullanarak karşılaştırmışlardır. Elde edilen genetik çeşitlilik deseninin bilinen pedigrî desenleriyle aynı olduğu ortaya konulmuş ve grup (cluster) analizi sonucunda 9 ana grup oluşmuştur. Araştırmacılar her bir saf hattın kendine özgü parmak izinin (fingerprint) çıkarılması için 5 SSR lokusunun yeterli olabileceğini belirtmişler ve SSR'ların AFLP'ye göre daha avantajlı olduğunu belirtmişlerdir.

Zuo ve ark. (2000), Bazı elit pamuk çeşitlerindeki genetik farklılığı belirlemek için RAPD markörlerini kullanmışlardır. 17 pamuk çeşidini rasgele seçilmiş 200 primer ile analiz etmişler ve 113 polimorfik bant elde etmişlerdir. Çeşitler arasındaki genetik benzerliği 0.20-0.85 arasında bulmuşlardır.

Liu ve ark. (2000), SSR DNA markörleri ile genetik stok çeşitleri (converted race stocks) arasındaki varyasyonu incelemişler ve bir *G. hirsutum* L. çeşidiyle diğer genetik stok çeşitleri arasındaki genetik uzaklığı belirlemişlerdir. Genetik stok çeşitlerinin çoğunun, *G. hirsutum* L. türünün standart çeşidi olan TM1 çeşidinden genetik uzaklığını 0.25'den az bulmuşlardır.

Iqbal ve ark. (2001), 43 pamuk (*G. hirsutum* L.) çeşidindeki genetik ilişkiyi 20 AFLP primer kombinasyonu ile analiz etmişler ve çeşitler arasındaki genetik benzerliği 0.25 ile 0.99 arasında bulmuşlardır.

Abdalla ve ark. (2001), Pamuk (*Gossypium* sp.) çeşitleri ve bazı türler arasındaki genetik akrabalığı belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada; üç diploid tür (*G. herbaceum* L. (A1), *G. arboreum* L. (A2) ve *G. raimodii* (ulbrich) (D5)) ile 2 allotetraploid türe *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. türüne ilişkin pamuk genotipleriyle 16 primer kombinasyonu kullanarak AFLP analizi yapmışlardır. Diploid türler arasındaki genetik benzerlik 0.21 bulunurken, *G. barbadense* L. türü içerisindeki genetik benzerlik 0.89 olarak

bulunmuştur. Aynı zamanda AFLP tekniğinin çok geniş taksalarda akrabalık ilişkilerini araştırmada kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Wu ve ark. (2001), Upland pamuk (*G. hirsutum* L.) çeşitlerindeki genetik farklılığı SSR, ISSR(Inter- Simple Sequence Repeat) ve RAPD analizleri ile değerlendirmişlerdir. 36 yerli ve yabancı pamuk DNA'larını 81 SSR primeri, 7 ISSR primeri ve 53 RAPD primeri ile çalışmışlar ve 282 polimorfik bant elde etmişler ve benzerlik katsayılarını 0.57-0.93 arasında bulmuşlardır.

Gutierrez ve ark. (2002), Seçtikleri pamuk (*Gossypium* sp.) genotipleri arasındaki çeşitliliği tahmin etmek ve bu çeşitlilik ile F<sub>2</sub> bulk popülasyonu arasındaki ilişkiyi belirlemek amacıyla SSR markörlerini kullanmışlardır. Kullandıkları 90 SSR primer çifti 69 polimorfik lokus oluşturmuş ve bununla; 5 A.B.D. ve 4 Avustralya çeşidi ile 2 adet hattı karşılaştırmışlardır. Sonuç olarak bu 11 genotip arasındaki genetik uzaklık (GU) 0.06-0.34 arasında değişmiştir. En yüksek GU (0.34) 1. hat ile ST474 arasında bulunmuş, en düşüğü ise (0.06) FM832 ve FM975 arasında bulunmuştur. A.B.D. çeşitleri arasındaki GU ise 0.10-0.22 arasında olup genetik çeşitliliğin az olduğunu göstermektedir.

Sudupak ve ark. (2002), Türkiye de yetişen nohut (*Cicer* spp.) türleri arasındaki genetik akrabalığı belirlemek amacıyla 7 (10-mer) oligonükleotid primer setiyle (RAPD) analiz yapmışlar ve yabancı türler ile kültürü yapılan türler arasındaki akrabalık sonuçlarını belirlemişlerdir.

Zhong ve ark. (2002), Deltapine 16 çeşidin bazı ebeveynlerle melezlenmesi sonucu oluşturulan (F<sub>6</sub>, BC<sub>1</sub>F<sub>6</sub>, BC<sub>2</sub>F<sub>6</sub>, BC<sub>3</sub>F<sub>6</sub>, BC<sub>4</sub>F<sub>6</sub>) beş gerimelez popülasyonu arasındaki genetik akrabalığı belirlemek için 43 AFLP primer kombinasyonu kullanmışlardır. Geri melez popülasyonu ile tekrarlanan (recurrent) ebeveynler arasındaki genetik uzaklık (GU) 0.35-0.75 arasında bulunurken, aynı oran tekrarlanmayan (non-recurrent) DPL16 ebeveynde 0.16-0.38 arasında bulunmuştur.

Rahman ve ark. (2002), Pakistan'da pamuk yaprak kıvrılma virüsü (leaf curl virus disease) salgını yeni çeşit geliştirme çalışmalarını hızlandırmış ve melezleme ile çok sayıda çeşit geliştirilmiştir. Yeni tescil edilmiş çok dayanıklı ve dayanıklı 27 pamuk çeşidini 50 primer ile RAPD analizi yapmışlar ve egzotik germplazm ile elit çeşitler arasındaki genetik benzerlik % 81.45-90.59 bulmuşlardır. Elit çeşitler arasındaki genetik ilişki % 81.58-94.90 arasında bulunmuş ve bütün çeşitler arasındaki ortalama genetik benzerliği % 89.55 olarak bulmuşlardır.

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

Gou ve ark. (2003), A ve D genomuna ait diploid ve allotetraploid pamuk türlerindeki genetik farklılığı SSR markörleri ile analiz etmişlerdir. A ve D genomuna ait 10 diploid pamuk türünde yüksek polimorfizm bulmuşlar ve daha önceden Fryxell

tarafından yapılan sınıflandırma ile tutarlı bulmuşlardır. D genomuna ait *G. gossypoides* ile diğer diploid D genomuna ait çeşitlerle karşılaştırdıklarında düşük genetik benzerlik bulmuşlardır.

Wang ve ark. (2004), Fusarium ve verticillium wilt yönünden yaptıkları çalışmada; 72 çeşit Huanghe Valley'den ve 29 çeşit Changjiang Valley'den toplam 101 çeşit arasındaki genetik farklılığı AFLP markerleri kullanarak araştırmışlardır. Toplam 20 primer kombinasyonu ile Huanghe Valley pamukları arasında 200 polimorfik bant ve Changjiang Valley pamukları arasında 127 polimorfik bant ortaya çıkmıştır.

Lin ve ark. (2004), Pima 90 (*G. barbadense* L.) ve Handan 208 (*G. hirsutum* L.) arasındaki genetik farklılığı belirlemek için yeni markör sistemi olan SRAP'ı (Sequence-Related Amplified Polymorphism) kullanmışlar. 30 primer arasından 29'u 149 polimorfik bant oluşturmuş ve primer başına polimorfik bandın ortalamasını 5.14 olarak bulmuşlardır.

Tabar ve ark. (2004), Hindistan'ın ticari pamuk çeşitleri arasındaki genetik farklılığı belirlemek için RAPD analizini kullanmışlardır. *G. hirsutum* L.'a ait 15 ve *G. arberoum* L.'a ait 7 pamuk çeşidini 50 rasgele decamer primer ile analiz etmişler ve 371 bant elde etmişlerdir. Bu bantların % 87'si polimorfik çıkmıştır. Cluster analizi ve UPGMA analizi sonucunda diploid ve tetraploidler iki grup oluşturmuş ve bu iki grup arasındaki genetik benzerlik % 30 olarak ortaya çıkmıştır. Tetraploid'ler arasındaki genetik benzerliğin biraz daha dar olduğu (% 65-95) diploid'ler arasındaki genetik benzerliğin ise biraz daha geniş (% 54-88) olduğunu bulmuşlardır.

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

Lin ve ark. (2005), Lif kalitesiyle ilgili karakterleri çalışmak amacıyla *G. barbadense* L. ve *G. hirsutum* L. türleri arasında melezleme yaptıklarını ve SARP, SSR, RAPD markörlerini moleküler çalışma amaçlı kullandıklarını belirtmişlerdir. Sonuç olarak F<sub>2</sub> popülasyonunda yaptıkları haritalama sonucunda; lif mukavemeti için 2 QTL, lif uzunluğu için 4 ve micronaire için 7 QTL belirlediklerini bildirmişlerdir. Lif inceliği için belirlenen 1 QTL'in ise 10. kromozom üzerinde olduğunu bildirmişlerdir.

Abraham ve ark. (2005), AFLP analiz sistemini kullanarak bazı elit pamuk çeşitlerini karşılaştırmışlardır. *G. hirsutum* L.'a ait 20 ve *G. arboreum* L. türüne ait 3 genotipin analizinde 9 AFLP primeri kullanılmışlardır. Toplam 723 DNA bandı ortaya çıkartılmıştır. UPGMA dendrogram analizine göre bütün genotipler içerisinde CAK-23A ve K2 birbirlerine en yakın bulunmuş ve benzerlik katsayısı (co-efficient of similarity) ise 0.70 olarak bulunmuştur. Aynı katsayı birbirleriyle en az ilişkili genotipler arasında 0.40 olarak bulunmuştur.

Rana ve Bhat (2005a), 16 diploid pamuk çeşidinde genetik çeşitliliği tahmin etmek ve çeşitleri belirlemek amacıyla AFLP ve RAPD markörlerini kullanmışlardır. Araştırmacılar AFLP ve RAPD analizleri ile ortaya çıkan genetik çeşitliliğin sınırlı olduğunu ve cluster analizi sonucunda 2 grubun ortaya çıktığını belirtmişlerdir. Gruplardan birini *G. herbaceum* L. çeşitlerinin, diğerinin ise *G. arboreum* L. çeşitlerinin oluşturduğunu

bulmuşlardır. AFLP ve RAPD markörleri arasında yaptıkları karşılaştırma sonucu genetik çeşitliliğin tahmini, polimorfizmin belirlenmesi ve çeşit karakterizasyonu için AFLP'nin daha kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir.

Van Beceleare ve ark. (2005), 36 upland pamuk (*G. hirsutum* L.) çeşidinde pedigri yöntemi ve RFLP markörlerinin kullanılarak yapılan genetik farklılık tahminini karşılaştırmışlardır. Önemli fakat orta derecede ( $r=0.41$ ,  $P<0.001$ ) bir ilişki saptanmıştır. Araştırmacılar, RFLP metodunun daha doğru bir benzerlik ortaya koyduğunu bildirmişlerdir.

Zhang ve ark. (2005), 4 upland pamuk genotipi (*G. hirsutum* L.) ve 3 Pima pamuk (*G. barbadense* L.) genotipinde AFLP markörlerini kullanmışlar. Upland ve Pima pamuklarında sırasıyla ortalama 18.5 ve 31.0 polimorfik bant elde etmişlerdir.

Zhang ve ark. (2005a), 31 Acala pamuk çeşidini 63 SSR primeri ile analiz etmişler ve Acala 1517 çeşitleri arasındaki genetik mesafe 0.06-0.38 olarak belirlenmiştir. Acala 1517 çeşitleri arasında önemli bir genetik varyasyonun tespit edildiği de bildirilmiştir.

Zhang ve ark. (2005b), Ticari pamuk çeşitlerini ve bazı transgenik pamukları tarla denemelerine almış ve ayrıca aralarındaki genetik ilişkiyi SSR markörleri kullanarak belirlemişlerdir. Yaptıkları çalışmada 88 SSR primeri kullanmışlar ve 177 bant üretmiştir. Kullandıkları 24 pamuk çeşidi arasında Jaccard's genetik benzerlik katsayısını 0.69-0.94 arasında bulmuşlardır.

Bertini ve ark. (2005), Soy katsayısının (coefficient of parentage) tahmini ve genetik farklılık tahmininde kullanılan tekniklerin doğruluğunu kanıtlamak için 30 pamuk çeşidi ile SSR'ları kullanarak genetik farklılığı ve soy katsayısını (coefficient of parentage) tahmin etmişlerdir. Soy katsayısı ile genetik farklılık arasındaki korelasyonu pozitif ve önemli bulmuşlardır.

Rana ve Bhat (2005b), Kültürü yapılan dört pamuk türü içerisinde 59 pamuk çeşidinde genetik farklılığı tahmin etmek için 18 RAPD primeri kullanmışlar ve toplamda 251 bant (% 97.20 polimorfizm) ve ortalama % 36'lık bir genetik farklılık gözlemlemişlerdir. Genetik benzerlik % 42-79 arasında değişmiştir. 41 *Gossypium hirsutum* çeşidi arasında ortalama % 74 genetik benzerlik elde etmişler ve diploidlerin sahip olduğu genetik farklılığın tetraploid'lerden daha fazla olduğunu gözlemlemişlerdir.

Rana ve ark. (2005a), 7 diploid (*Gossypium arboreum* L.) ile 25 tetraploid (*Gossypium hirsutum* L.) elit pamuk çeşidini 26 primer ile RAPD analizine tabi tutmuşlar ve 401 bant elde etmişler. 7 diploid çeşit arasındaki genetik benzerliği 0.54-0.88 bulmuşlar ve 25 tetraploid çeşit arasındaki genetik benzerliği 0.65-0.95 arasında bulmuşlardır.

Rana ve ark. (2005b), 24 ileri pamuk ıslah hattındaki genetik farklılığı 6 AFLP primer çifti ile karşılaştırmışlar ve 14 morfolojik karakter üzerinde çalışmışlar. 6 AFLP primeri toplam 535 bant oluşturmuş, bu bantlardan 460 (% 85.9)'ını polimorfik bulmuşlardır. Kullanılan AFLP markörlerinden genetik mesafe % 30-87 arasında

gözlenmiştir. Morfolojik karakterlerin çoğunda büyük bir değişkenlik (varyasyon) gözlenmiştir. Taksonomik mesafe ise 0.60-2.77 arasında bulunmuştur.

Westengen ve ark. (2005), 3 diploid (*G. raimondii* (Ulbr.), *G. arboreum* L., *G. herbaceum* L.) ve 4 allotetraploid (*G. hirsutum* L., *G. mustelinum* (Miers ex Watt), *G. tomentosum* (Nutt. ex Seem) ve *G. barbedense* L.) türlerine ait 131 çeşit de 8 AFLP primer kombinasyonu ile genetik farklılık ve coğrafi dağılımlarını incelemişler ve 340 polimorfik bant elde etmişlerdir. Bulunan sonuçların tetraploid ve diploid türlerde sitogenetik çalışmalarla elde edilen sonuçlara benzediğini belirtmişlerdir.

Abdelsalam ve ark. (2005), Bazı pamuk genotiplerinde verim komponentlerini, biyokimyasal ve moleküler olarak analizlerini yapmışlar ve pamuk çeşitlerindeki genetik benzerliği RAPD analizi ile % 87-67 arasında bulmuşlardır.

Erkılınç ve Karaca (2005), 36 Türk pamuk çeşidinde 16 bitki özelliği verileri toplamışlar ve 25 SSR primeri ile genetik ilişkiye bakmışlardır. SSR analizinin 32 bant oluşturduğu ve bu bantların sadece 4'ünün polimorfik bulunduğunu, ayrıca, Türk çeşitlerinin genetik olarak 4 gruba ayrıldığını ve genetik farklılığın çok düşük olduğunu belirtmişlerdir.

Yang ve ark. (2005), 18 buğday çeşidinde genetik farklılığı belirlemek için karşılaştırmalı bir genetik analiz yapmışlar ve genetik farklılığı belirlemek için genomik-SSR, EST (Expressed Sequence Tag)-SSR ve pedigri yöntemlerini kullanmışlardır. Genetik uzaklığı (GU), EST-SSR da 0.39 olarak, genomik SSR'da 0.54 olarak ve pedigri bilgisine göre hesaplanan GU'yu da 0.97 olarak bulmuşlardır.

Le Clerc ve ark. (2005), Fransa da yetiştirilen 133 modern ve erkenci mısır çeşidindeki genetik farklılığı 51 SSR markörü ile belirlemişlerdir. Çeşitler 4 period içerisinde gruplandırılmış ve her period için, allelik zenginlik, genetik farklılık ve genetik çeşitlilik hesaplanmıştır. Genetik farklılık ise 0.59 olarak bulunmuştur.

Fu ve ark. (2005), 79 ülkeden 670 hexaploid arpa çeşidinde genetik yapıyı belirlemek için 5 AFLP primer çifti kullanmışlar ve 170 polimorfik bant elde etmişlerdir. Polimorfik bantların frekansını 0.11 ile 0.99 arasında ve ortalama 0.72 olarak bulmuşlardır.

Chen ve Du (2006), Orijinleri, ıslah periyodları, ekolojik yetiştirme alanları farklı olan 43 upland pamuk çeşidindeki genetik farklılığı SSR markörler ile belirlemişlerdir. 36 SSR primeri % 80 polimorfizm belirlemiş ve genetik benzerliği 0.41-0.87 arasında bulmuşlardır.

Murtaza (2006), *G. hirsutum* L. ve *G. arboreum* L. türlerine ait 20 çeşit de genetik farklılığı belirlemek için 4 AFLP primer-çifti kombinasyonu ile analiz yapmıştır. Genotipler orijinleri ve nesil ilişkilerine göre guruplara ayrılmış ve bu çeşitler arasında dar bir ilişki bulunmuştur.

Bertini ve ark. (2006), 53 pamuk çeşidindeki genetik farklılığı belirlemek için 31 SSR primeri ile çalışmışlar ve 66 adet polimorfik bant elde etmişlerdir. Benzerlik katsayısını 0.00-0.41 olarak bulmuşlardır.

Abdurakhmonov ve ark. (2006) Özbekistan pamuk germplasm koleksiyonundan seçtikleri 1000 adet *G. hirsutum* L. türüne ait yabani ve kültürü yapılan çeşitler üzerinde önemli agronomik özellikleri belirlemek amacıyla; 100 SSR markörü ile başladıkları çalışma devam etmektedir.

### **3. MATERYAL VE METOT**

#### **3.1. Materyal**

Bu çalışma 2005 yılında, Kahramanmaraş Tarımsal Araştırma Enstitüsü ve 2006 yılında K.S.Ü. Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü ve Zootečni Bölümü Biyoteknoloji ve Gen Mühendisliği Laboratuvarlarında yürütülmüştür.

##### **3.1.1. Bitki Materyali ve Özellikleri**

Araştırmada bitki materyali olarak, 9 farklı pamuk (*Gossypium* spp.) türüne ait toplam 26 adet genotip ve hatlar (accessions) kullanılmıştır. Bunlardan 7 adedi (*G. mustelinum* Miers ex Watt, *G. harknesii* Brandg, *G. herbaceum* L., *G. incanum* (schwartz) Hill, *G. lanceolatum* Tod, *G. nandewarensense* (Derara) Fryx, *G. darwinii* Watt) yabancı (wild / exotic) türler olup, birer adet hat içermektedirler. *G. hirsutum* L. türü içerisinde 14 adet genotip (Suregrow 125, Çukurova 1518, Nazilli 84S, Gürelbey, Ekstrem Okra (Brown), Albania 6172, Erşan 92, Yeşil Lif, Lifsiz, Sayar 314, Siocra, Maraş 92, Taşkent 6, Acala Maxa) ve 2 adet ırk (*G. hirsutum* var. *yucatanense* ve *G. hirsutum* var. *marie galante*) bulunurken, *G. barbadense* L. türü içerisinde 2 adet genotip (Aşkabat 91, Bahar 82) ve 1 adet yabancı hat (GB-4) yer almaktadır.

Araştırmada kullanılan pamuk genotiplerinin pedigrî bilgileri ve kökenleri Çizelge 3.1 ve Çizelge 3.2'de verilmiştir. Çalışmada kullanılan genotipler ve hatlar, farklı genom yapıları içermeleri (diploid ve tetraploid), lif kalite (*G. barbadense* L.), hastalık ve zararlılara dayanıklılık (*G. darwinii* Watt) ve farklı morfolojik (Ekstrem Okra (Brown), Yeşil Lif, Lifsiz) özelliklere sahip olmalarından dolayı seçilmişlerdir.

##### **3.1.2. Deneme Alanının Genel Tanımı**

Kahramanmaraş ili, 37-38° kuzey paralelleri ile 36-37° doğu meridyenleri arasında yer almaktadır. Merkez ilçe deniz seviyesinden 568 m yükseklikte olup, ilin kuzey kesimleri oldukça dağlıktır. İlin toprakları, yükselteleri 3000 m'ye varan Torosların uzantıları olan dağlar arasında kalan bir yerdir. Yeryüzü şekilleri genellikle Güneydoğu Torosların uzantıları olan dağlarla bunlar arasında kalan çöküntü alanlarından oluşmaktadır. 14 bin 327 km<sup>2</sup>'lik alanla Türkiye yüzölçümünün % 1.8'ini kaplayan Kahramanmaraş toprakları, hem Akdeniz hem de Doğu Anadolu bölgesinde yer aldığından iklim, bitki örtüsü ve toprak çeşitleri yönünden doğal bir zenginliğe sahiptir (Anonim, 2006a)

##### **3.1.3. Deneme Yerinin İklim Özellikleri**

Kahramanmaraş, ülkemizin Doğu Akdeniz bölgesinde yer alan yazları sıcak ve kurak, kışları ılık ve yağışlı geçen, iklimsel özellikler bakımından tipik Akdeniz iklimi özelliği gösteren bir ilimizdir. Kahramanmaraş'ta denemenin yürütüldüğü yılın Nisan-Ekim ayları arasındaki iklim özelliklerine ait değerler Çizelge 3.3'de verilmiştir (Anonim, 2005a).

Çizelge 3.1. Araştırmada Kullanılan Pamuk (*G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L.) Genotipleri ve Pedigri Bilgileri

*No	Çeşit Adı	Türü	Ebeveyn adı (Pedigree)	İslah şekli	Üreten (Geliştiren) Kurum/ şirket	Kökene	G
1	Çukurova 1518	<i>G. hirsutum</i> . L	Caroline Queen 201 (Coker 201)	Seleksiyon	Çukurova Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
2	Nazilli 84 S	<i>G. hirsutum</i> . L	Nazilli 84	Seleksiyon	Nazilli Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
3	Erşan 92	<i>G. hirsutum</i> . L	Sayar314 X Taşkent-1	Melezleme	K.maraş Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
4	Maraş 92	<i>G. hirsutum</i> . L	Caroline Queen X Taşkent-1	Melezleme	K.maraş Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
5	Gürelbey Ms34/1	<i>G. hirsutum</i> . L	Nazilli M-503 X Stoneville 825	Melezleme	Nazilli Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
6	Suregrow 125	<i>G. hirsutum</i> . L	Des 119 X Deltapine 50	Melezleme	Sure-Grow Seed Inc.	A.B.D	AD
7	Sayar 314	<i>G. hirsutum</i> . L	Deltapine 15 X Acala 314	Melezleme	Çukurova Pam. Arş. Enst.	TÜRKİYE	AD
8	Ekstrem Okra (Brown)	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor		AD
9	Albania 6172	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	ARNAVUTLUK	AD
10	Yeşil lif	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor		AD
11	Lifsiz	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor		AD
12	Siocra	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	AVUSTRALYA	AD
13	Taşkent 6	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	ÖZBEKİSTAN	AD
14	Acala Maxa	<i>G. hirsutum</i> . L	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	A.B.D	AD
15	Aşkabat 91	<i>G. barbedense</i> L.	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	TÜRKMENİSTAN	AD
16	Bahar 82	<i>G. barbedense</i> L.	Bilinmiyor	Bilinmiyor	Bilinmiyor	ÖZBEKİSTAN	AD
17	GB-4	<i>G. barbedense</i> L.	Yabani Hat	-	-	-	AD <sub>2</sub>

\*1-7, Türkiye’de tescil edilmiş ve tarımı yapılan tetraploid pamuklar.

8-17, Genetik stok materyali (tetraploid), G= Genom.

Çizelge 3.2. Araştırmada Kullanılan Yabancı Pamuk Hatları ve Genom Dağılımları

*No	Çeşit Adı	Kökene	Genomu
1	<i>G. herbaceum</i> L.	-	A
2	<i>G. nandewarensis</i> (Derara) Fryx	AVUSTRALYA	C
3	<i>G. harknessii</i> Brandg	MEKSIKA	D
4	<i>G. incanum</i> (schwartz) Hill	ARABİSTAN	E
5	<i>G. mustelinum</i> Miers ex Watt	BREZİLYA	AD
6	<i>G. hirsutum</i> var. <i>yucatanense</i>	AMERİKA	AD
7	<i>G. hirsutum</i> var. <i>marie galante</i>	AMERİKA	AD
8	<i>G. lanceolatum</i> Tod	MEKSIKA	AD
9	<i>G. darwinii</i> Watt	GALAPAGOS ADALARI	AD

\*1-9, Exotik germplasm hatları (1, 2, 3 ve 4 diploid, diğerleri tetraploid)

Çizelge 3.3'den 2005 yılı Nisan ayında ekimi yapılan pamukların, çiçeklenme ve lif oluşum dönemlerinin Temmuz-Eylül aylarında gerçekleştiğini ve bu aylar arasındaki ortalama sıcaklık değerlerinin 24.9 ile 28.7 °C arasında değiştiği, oransal nemin ise % 60.1-63.8 arasında değiştiği görülmektedir.

Çizelge 3.3. Deneme Yılına (2005) Ait Bazı Ortalama İklim Verileri

	Ortalama Max. Sıcaklık (°C)	Ortalama Min. Sıcaklık (°C)	Ortalama Sıcaklık (°C)	Toplam Yağış (mm)	Ortalama Oransal Nem (%)
<b>Nisan</b>	22.0	10.7	16.0	51.7	58.6
<b>Mayıs</b>	27.4	14.6	20.7	15.9	53.0
<b>Haziran</b>	31.7	18.0	24.4	8.1	62.7
<b>Temmuz</b>	36.4	22.5	28.6	0.0	62.8
<b>Ağustos</b>	36.4	23.0	28.7	0.1	63.8
<b>Eylül</b>	32.4	18.8	24.9	3.1	60.1

### 3.1.2. Deneme Yerinin Toprak Özellikleri

Araştırmanın yürütüldüğü deneme alanında 0–20 cm derinlikten alınan toprak örneklerine ait bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri Çizelge 3.4'de verilmiştir (Anonim, 2005b). Çizelge 3.4'den tınlı bir yapıya sahip olan deneme topraklarının, nötr karakterli, fazla kireçli, organik madde miktarı ve yarayışlı fosfor bakımından yetersiz, yarayışlı potasyum bakımından yeterli olduğu görülmektedir

Çizelge 3.4. Deneme Yeri Topraklarının Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri

Özellikler	Belirlenen değerler
Saturasyon (Doğunluk) (%)	41.15
PH	7.53
Kireç (%)	21.8
Organik Madde (%)	1.24
Tuz (%)	0.05
P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> (kg/da)	4.86
K <sub>2</sub> O (kg/da)	35.32

**3.1.5. Araştırmada Kullanılan Cihazlar, Kimyasallar ve Malzemeler**

Araştırmada ayrıca 13 SSR primer çifti (Bio Basic) (Çizelge 3.5), Takara (Kanada) ve Favorgen (Taylant) moleküler biyoloji sarfları kullanıldı. Ayrıca, kimyasallar MERCK (Almanya) ve SIGMA (Almanya) grubundan temin edilmiştir.

Araştırmada sıvı azot tankı, su banyosu (Selectra), soğutmalı santrifüj (Hettich-zentrifuge), hassas terazi (Scaltec), otomatik pipetler (Eppendorf), elektroforez tankı (Thermo), U. V. Cihazı (UVP), jel görüntüleme (Olympus), 0,2 ml'lik PCR tübü (Eppendorf), mikro dalga fırın (Arçelik) kullanılmıştır.

Çizelge 3.5. Çalışmada Kullanılan Primerler, Baz Dizilişleri ve Uzunlukları

<b>İsim</b>	<b>Forward (5'---&gt;3')</b>	<b>UZUNLUK (baz)</b>
JESPR-135	CAAAACCATCATCACTCTCAAG	22
JESPR-153	GATTACCTTCATAGGCCACTG	21
JESPR-169	CTCAGATCTAATGATTGGGTTGG	23
JESPR-232	CAGACCACGCTATTTTTGCC	20
JESPR-224	GGGGAGCAACGAAACTTAGC	21
JESPR-56	CCAGTTAGCACCAATTTAGG	20
CM71	TCCCCGCAACCAAACATATAC	21
CM13	TGAAAGTTGAAACGAGAAGATG	22
CM76	TTAATTTTCAAAGGGCTCTTAGAAAG	26
CM23	CAATAGGCTCTCGCACTGAAAGC	23
CM3	GGGCTAAACTTGAAAAATGACCA	23
BNL 1053	AGGGTCTGTCATGGTTGGAG	20
BNL 2960	TAAGCTCTGGAGGCCAAAAA	20
<b>İsim</b>	<b>Reverse (5'---&gt;3')</b>	<b>UZUNLUK (baz)</b>
JESPR-135	CGAGAGCCCCTAACAGAAAAG	22
JESPR-153	GAAAACATGAGCATCCTGTG	20
JESPR-169	GAGTAAATTGACCACTTGTTCGC	23
JESPR-232	CGTTGTATTATTTCCAGTGCTCG	23
JESPR-224	CCACCATTCTCTTTTCATTTTCTCC	24
JESPR-56	CCACAATAACACACTGGAATC	21
CM71	AACCGCCTTTCCATCCTAGAAC	22
CM13	CCTAAAGTTTTTTGTTGTTGC	20
CM76	GTATAATGGTAGGAGAGAAGGGTTAGGG	28
CM23	CGAACCAGGGAAGAAAAGGAAATG	24
CM3	GTCTTAAAGACTGACATGCAGC	22
BNL 1053	CATGCATGCGTACGTGTGTA	20
BNL 2960	CCATTTCAATTTCAAGCATACG	22

## **3.2. Metot**

### **3.2.1. Tarla Çalışmaları**

Çalışma, 7 Nisan 2005 tarihinde, Kahramanmaraş Tarımsal Araştırma Enstitüsü arazisinde, 17 pamuk çeşidinin 1'er sıralı ve 12 m uzunluğundaki parsellere, tesadüf blokları deneme desenine göre 2 tekerrürlü olarak ekilmesi ile oluşturulmuştur.

#### **3.2.1.1. Toprak Hazırlığı ve Ekim**

Tarla, yabancı ot durumuna göre iki kez kültivatör ile yüzlek olarak işlenmiştir. Deneme alanına, ekim zamanı toprak işleme öncesinde, dekara saf olarak 7 kg azot (N) ile 7 kg fosfor (P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) baz alınarak gübreleme (20-20-0) yapılmıştır. Gübreler toprak yüzeyine gübre dağıtıcısı ile dağıtıldıktan sonra kültivatör ile yüzlek olarak toprağa karıştırılmış ve iki kez tapan çekilerek toprak ekime hazır hale getirilmiştir. Toprak sıcaklığı 14-15°C olduğu devrede ekime başlanılmış ve dekara 2 kg (delinte) tohum hesabı yapılmıştır. Ekim işlemi, 12 m uzunluğundaki parsellere, sıra arası 70 cm olacak şekilde elle yapılmıştır.

#### **3.2.1.2. Çıkıştan Sonra Yapılan Kültürel İşlemler**

##### **3.2.1.2.1. Çıkış Sonrası İki Aşamalı Seyreltme**

El ile çıkışı garanti etmek maksadıyla sıra üzerine çok fazla tohumun düşmesi sağlanarak ekim yapıldığı için, çıkıştan sonra sıra üzeri mesafesi 20 cm olacak şekilde, iki kez seyreltme işlemi yapılmıştır. İlk seyreltme bitkiler yaklaşık 10 cm boyunda iken, ikinci seyreltme (tekleme) ise 15 cm boyunda ortalama 4-5 yapraklı iken yapılmıştır. Bir defada yapılan seyreltmede, seyreltme sonrası meydana gelebilecek olumsuz faktörler (hastalık, zararlı, el ve traktör çapası esnasında bitkilerin zarar görmesi vs.) nedeniyle parsellerde yer yer boşlukların olabileceği düşünülmüş ve seyreltme işlemi iki aşamada yapılmıştır.

##### **3.2.1.2.2. El ve Traktör Çapası**

Yeni gelişmekte olan pamuk fidelerini yabancı otların rekabetinden korumak ve fidelerin köklerinin gelişmesini ve derinlere inmesini sağlamak için 3 kez el ve 4 kez traktör çapası yapılmıştır.

##### **3.2.1.2.3. Sulama ve Üst Gübrelemesi**

Üst gübresi olarak; azotun geri kalan kısmı 9 kg/da hesabı ile ticari gübrelerden birisi ile (%26'lık Amonyum Nitrat) ilk sudan önce gübre mibzeri ile sıra aralarına uygulanmıştır. Uygulama sonrası karık usulü sulama yapılmıştır. Sulama işlemi bitkinin ihtiyacı ve toprağın durumu dikkate alınarak 8-10 gün aralıkla toplam 7 kez yapılmış ve közaların % 20-30'u açıldığı devreye doğru sulamalara son verilmiştir.

**3.2.1.2.4. Kütlü Hasadı (Örnekleme) ve Çırcırlama**

Genotiplerin lif özelliklerini karşılaştırmak için, her bir genotipten (1. pozisyon ve orta dallardan) 50 adet koza örneği alınmıştır. Bu kozaların şifleri temizlendikten sonra kütlü pamuğun çırcırlanması ile elde edilen lif örnekleri SANKO A.Ş. / Gaziantep lif laboratuvarına gönderilmiş ve burada aşağıdaki özellikler HVI cihazında yöntemlerine göre saptanmıştır.

**3.2.1.2.5. İncelenen Lif Özellikleri**

1. Lif Uzunluğu (Length) (LEN) (mm) (%2.5 Span Length)
2. Lif Uzunluk Uyumu (Uniformity Index) (UNF) (%)
3. Kısa Lif İçeriği (Short Fiber Index) (SFI) (%)
4. Lif İnceliği (Micronaire) (MIC)
5. Lif Kopma Dayanıklılığı (Strength) (STR) (g/tex)
6. Lif Kopma Uzaması (Elongation) (ELG) (%)
7. İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index) (SCI)
8. İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product) (CSP)

**3.2.1.2.6. Yaprak Örneklerinin Alınması**

16 çeşidin her birini temsil eden ve en az 10 bitkiden alınan yaprak örnekleri kuru buz içerisinde laboratuara getirilmiştir. Yabani pamuklarda ise elimizde tek bitki bulunduğundan dolayı örnekler 1 bitkiden alınmıştır. Getirilen örnekler, DNA izolasyon aşamasına kadar -80 °C'de saklanmış ve Zhang ve Stewart (2000)'e göre DNA izolasyonu yapılmıştır.

**3.2.2. Laboratuvar Çalışmaları****3.2.2.1. DNA İzolasyonu**

1.5 ml'lik ependorf tüplere 0.5 ml Extraction Buffer {0.1 M Tris-HCl (pH:8), 1 M NaCl, 0.02 M EDTA(pH:8), % 2 w/v CTAB, % 2 Polyvinyl-pyrrolidone-40, 1 mM 1,10-Phenanthroline monohydrate, % 0.2 P-mercaptoethanol} eklendi.

Bitkiden alınan 3-4 adet genç yaprak sıvı azot ile porselen havanda iyice ezildi. Bu ezilen yaprak parçaları tüplere eklendi ve tüplerin ağzı kapatılarak hafif çalkalandı ve 65 °C sıcaklıktaki metal bloklarda 1 saat bekletildi. Metal bloklardan alınıp üzerine 0.5 ml chloroform:isoamyl alkol (24:1) eklenerek 12000 (rpm) devir de, +4 °C'de 10 dakika santrifüj edildi. Santrifüj sonunda yaprak parçaları tüplerin dibine çöktü ve sıvı kısım tüplerin üst kısmına birikti. Bu sıvı kısmı yaprak parçalarıyla karışmamasına dikkat edilerek yeni tüplere aktarıldı. Yaprak parçaları olan tüpler atıldı. Yeni tüplere 0.5 ml isopropanol eklenerek 1 saat -20 °C'de bekletildi. Buradan 1 saat sonunda alınan tüpler 12000 devir de, +4 °C'de 10 dakika santrifüj yapılarak DNA'ların tüplerin dibine çökmesi sağlandı ve sıvı kısım uzaklaştırıldı. Sonra % 70 etanol ile 13000 devir de, +4 °C'de 2 dakika ve % 100 etanol ile 13000 devir de, +4 °C'de 2 dakika santrifüj yapılarak DNA'lar temizlendi ve kurumaya bırakıldı. Kuruyan DNA'lara, 300 µl Tris-EDTA buffer {10 mM Tris (pH:8), 1 mM EDTA (pH:8), 1 M NaCl} eklendi ve DNA izolasyonu tamamlandı.

Ancak DNA'ları daha fazla temizleyebilmek için temizleme işlemine tabi tuttuk. DNA'lar 0.5 ml temizleme (cleaning) solüsyonu {0.05 M Tris-HCl (pH:8), 0.05 M EDTA (pH:8), % 2 CTAP (w/v), % 2.05 NaCl (w/v), % 0.2 1,10-phenanthroline} eklenerek 1-2 saat oda sıcaklığında çalkalandı ve bu solüsyon 12000 devir de, +4 °C'de 5 dakika santrifüj yapılarak sıvı kısım uzaklaştırıldı ve % 80 etanol ile 2 dakika ve % 100 etanol ile 2 dakika olmak üzere +4 °C de 13000 devirde santrifüj yapıldı ve sıvı kısım uzaklaştırılarak kurumaya bırakıldı. Daha sonra 300 µl Tris-EDTA eklenerek DNA temizleme işlemi tamamlandı.

### **3.2.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) Analizi**

PCR; 0.2 ml hacminde 96'luk PCR tüplerine, 1 µl dNTP karışımı (10mM karışım (A+T+G+C), Favorgen), 2 µl 10x buffer (Favorgen), Bio Basic Inc. primer çifti (0.5 µl F ve 0.5 µl R), 1 µl DNA, 15 µl dH<sub>2</sub>O, ve 0.25 µl DNA polimeraz (5U/µl, Favorgen) gelecek şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmıştır. PCR reaksiyonları "Eppendorf Mastercycler Gradient" marka PCR cihazında 95 °C'de 3 dakika çalıştıktan sonra 94 °C (DNA iplikçiklerinin ayrışması), 62 °C (primerlerin yapışması) ve 72 °C (DNA eşleşmesi)'de birer dakika çalışarak 35 döngü sağlanmış ve son aşamada 72 °C'de 5 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. Bitirilen PCR ürünleri kullanıma kadar -20 C° bekletilmiştir.

### **3.2.2.3. Elektroforez**

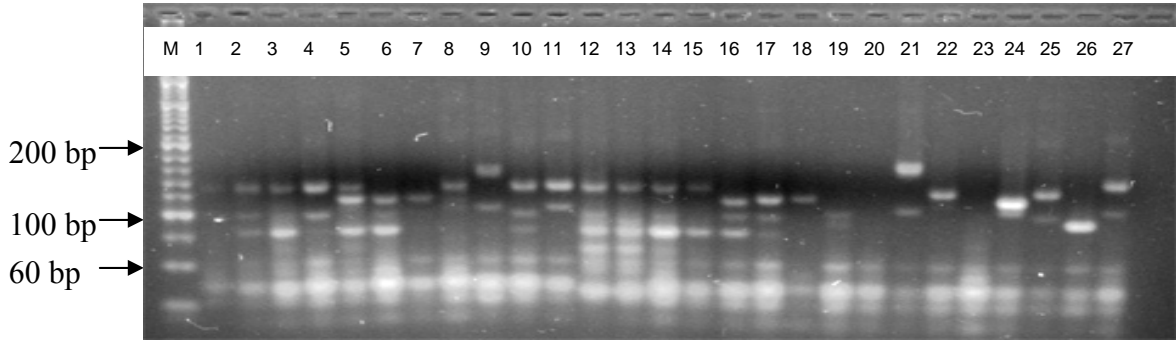
Daha sonra % 3'lük metaphore agaroz [100 ml 1xTBE {1 lt H<sub>2</sub>O + 10.8 gr Tris + 5.5 Borik asit + 0.5 M 4 ml EDTA (pH:8)} ile 3 gr metaphore agaroz] jel hazırlandı. PCR ürünleri yükleme solüsyonu ile yükleme kuyularında 10 µl PCR ürünü ve 3 µl yükleme solüsyonu olacak şekilde karıştırılarak elektroforez tankının içine yerleştirilen jel üzerine yüklenmiş ve 5 saat çalıştırılmıştır.

### **3.2.2.4. SSR Parmak İzlerinin Çıkarılması (Fingerprinting)**

Daha önce yapılan çalışmalarda *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. türleri arasında polimorfik özellik gösteren solgunluk hastalığı ve lif kalitesiyle ilgili olduğu belirtilen (Bölek, 2005; Brooks, 2002) SSR primerleri kullanılmıştır. Bu primerlerin hangi kromozomlar üzerinde bulunduğu Çizelge 4.4'de belirtilmiştir.

### **3.2.2.5. DNA Bantlarının Görüntülenmesi**

Elektroforez işlemi sonlandıktan sonra jel, 4 µg/ml Etidium Bromür (Et-Br) su solüsyonuna tabi tutuldu. DNA boyandıktan sonra ultra viyole (U.V.) ışık altında görüntülenerek resimleri alındı (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. JESPR 153 Primerinin Çoğalttığı Genotiplere Ait DNA'ların Metafor Agaroz Jeli Üzerindeki Görüntüsü. M= 20 baz çiftlik markör, 1= Suregrow 125, 2= Çukurova 1518, 3= Nazilli 84S, 4= Gürelbey, 5= Ekstrem Okra (Brown), 6= Albania-6172, 7= Erşan 92, 8= Yeşil Lif, 9= Aşkabat 91, 10= Lifsiz, 11= Bahar 82, 12= Aşkabat 71 (çalışmada değerlendirilmemiştir), 13= Sayar 314, 14= Siocra, 15= Maraş 92, 16= Taşkent-6, 17= Acala Maxa, 18= *G. mustelinum* Miers ex Watt, 19= *G. harknesii* Brandg, 20= *G. herbaceum* L., 21= *G. barbadense* L., 22= *G. hirsutum* var. *yucatanence*, 23= *G. incanum* (schwartz) Hill, 24= *G. lanceolatum* Tod, 25= *G. hirsutum* var. *marie galante*, 26= *G. nandewarensis* (Derara) Fryx, 27= *G. darwinii* Watt.

### 3.2.2.6. DNA Bantlarının Puanlanması

27 pamuk genotipinden elde edilen DNA bantları genotipler arasında karşılaştırıldı ve aynı hizada bulunanlar benzer lokus olarak düşünülerek 1, farklı hizalarda bulunanlar 0 olarak kodlandı (Iqbal ve ark., 1997; Zhang ve ark., 2005; Gutierrez ve ark., 2002; Abdalla ve ark., 2001; Senior ve ark., 1998; Rahman ve ark., 2002; Rana ve Bhat, 2005a; Tabar ve ark., 2004). Elde edilen bütün alleller bağımsız olarak ikili değişken şeklinde (1 ve 0) değerlendirildi.

### 3.2.3. Data Analizi

15 çeşidin lif analizi verileri, SAS istatistik paket programı kullanılarak değerlendirilmiş ve en küçük önemli fark (L.S.D.) testi uyarınca ortalamalar karşılaştırılmıştır (Anonim, 2002).

Elde edilen datalar Popgen 3.2 paket programında (Anonim, 2006b) Nei 1972 ye göre genetik mesafe (Genetic Distance) katsayıları (Coefficient) hesaplanarak bulundu (Çizelge 4.3). Daha sonra bu coefficient (katsayı) değerleri cluster analizi yapamak için “Unweighted Pair Grup of Arithmetic Means” (UPGMA) analizi Mega 3.1 paket programı (Kumar ve ark., 2004) ile yapılmıştır (Şekil 4.1). Ayrıca 14 çeşitte lif kalitesi özellikleriyle, elde edilen DNA bantları arasında korelasyon analizi SAS paket programı kullanılarak yapılmıştır (Çizelge 4.4).

**4. BULGULAR ve TARTIŞMA****4.1. Genotiplerin Lif Özellikleri**

Çalışmada ele alınan özelliklere ilişkin varyans analiz sonuçları Çizelge 4.1’de ve ortalama, değişkenlik katsayısı (% CV) ve en küçük önemli fark testi (LSD, 0.05) değerleri ise Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.1’den varyans analiz sonuçlarına göre, genotipler arasında incelenen karakterler yönünden istatistiki olarak önemli farklılıklar ortaya çıkmıştır. Yalnızca lif uzunluğu (ELG) değerleri yönünden bir farklılık bulunamamıştır.

Çizelge 4.1. Pamuk Genotiplerinde Saptanan Lif Özelliklerine İlişkin Varyans Analiz Sonuçları

VK	SD	Kareler Ortalaması							
		SCI	MIC	STR	LEN	UNF	SFI	ELG	CSP
Genotip	13	1604.42**	0.51**	37.89**	16.41**	5.19**	13.53**	0.88	78475.34**
Blok	1	155.57	0.22	39.60**	0.57	8.06*	4.81	0.57	36216.04**
Hata	13	1020.43	1.19	34.40	8.06	14.61	21.59	8.14	42607.46
Toplam	27								

VK= Varyasyon Kaynağı,

SD= Serbestlik Derecesi

SCI: İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index)

MIC: Lif İnceliği (micronaire)

STR: Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)

LEN: Lif Uzunluğu (% 2.5 S.L) (mm)

UNF: Lif Uzunluk Uyum İndeksi (%)

SFI: Kısa Lif Oranı (%)

ELG: Lif Kopma Uzaması (%)

CSP: İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product)

(\*\*)P≤0.01; (\*)P≤0.05

**4.1.1. İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index) (SCI)**

İplik olabilirlik indeksi değerleri 91.50 ile 212.50 arasında değişmiş, ortalama 148.14 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2). SCI değeri en az Ekstrem Okra (Brown) ve en fazla Bahar 82 genotiplerinde bulunmuştur. Yapılan varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde (P≤0.01) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

**4.1.2. Lif İnceliği (Micronaire) (MIC)**

Lif inceliği 3.50 ile 5.30 micronaire arasında değişmiş, ortalama 4.46 micronaire bulunmuştur (Çizelge 4.2). En ince lif değerini Aşkabat 91 çeşidi vermiş ve en kalın lif

değerini ise Ekstrem Okra (Brown) vermiştir. Yapılan varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.3. Lif Kopma Dayanıklılığı (Strength) (STR) (g/tex)**

Lif kopma dayanıklılığı değerleri 27.25-43.90 g/tex arasında ve ortalama 32.87 g/tex olduğu bulunmuştur (Çizelge 4.2). Lif kopma dayanıklılığı değeri en fazla olan genotip Bahar 82, en az olan genotip ise Ekstrem Okra (Brown) olarak bulunmuştur. Varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.4. Lif Uzunluğu (Length) (LEN) (mm) (% 2.5 Span Length)**

Lif uzunluk değerleri 22.40 ile 34.70 mm arasında değişmiş, ortalama 28.92 mm olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2). Lif uzunluk değeri en fazla olan genotip Bahar 82, en az olan genotip ise Ekstrem Okra (Brown) olarak bulunmuştur. Varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.5. Lif Uzunluk Uyum İndeksi (Uniformity Index) (UNF) (%)**

Lif uzunluk uyum indeksi % 79.85-87.35 arasında değişmiş, ortalama % 84.09 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2). Lif uzunluk uyum indeksi en fazla olan genotip Bahar 82, en az olan genotip ise Ekstrem Okra (Brown) olarak bulunmuştur. Varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.6. Kısa Lif İçeriği (Short Fiber Index) (SFI) (%)**

Kısa lif oranı % 3.40-13.80 arasında değişmiş, ortalama % 5.85 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.2). En yüksek kısa lif oranı Ekstrem Okra (Brown) da bulunurken, en düşük kısa lif oranı Bahar 82 de bulunmuştur. Varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.7. Lif Kopma Uzaması (Elongation) (ELG) (%)**

Lif kopma uzaması % 4.30-6.25 arasında değişmiş, ortalama % 5.09 arasında bulunmuştur (Çizelge 4.2). Lif kopma uzaması en yüksek Aşkabat 91 genotipinde (% 6.25) bulunurken, en az Çukurova 1518 ve Gürelbey genotiplerinde (% 4.30) bulunmuştur. Varyans analizi sonucunda genotipler arasında önemli düzeyde farklılığın olmadığı saptanmıştır (Çizelge 4.1).

#### **4.1.8. İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product) (CSP)**

İplik dayanıklılığı 1762.50-2578.00 arasında değişmiş, ortalama 2182.04 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.2). En yüksek iplik dayanıklılığı değeri Bahar 82'de bulunurken, en az Ekstrem Okra (Brown) da bulunmuştur. Yapılan varyans analizi sonunda bu iki genotipin diğerlerinden önemli düzeyde ( $P \leq 0.01$ ) farklı olduğu saptanmıştır (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.2. Pamuk Genotiplerinin Ortalama Lif Özellik Değerleri ve En Küçük Önemli Fark Testine Göre (LSD) Oluşan Gruplar

Genotipler	SCI	MIC	STR	LEN
Suregrow 125	129.00 f	5.00 ab	28.95 fg	28.85 bcde
Çukurova 1518	135.00 ef	4.90 abc	31.45 cdef	27.65 def
Nazilli 84S	137.50 def	4.70 abcd	33.15 cde	27.15 ef
Gürelbey	155.50 cd	3.90 ef	32.10 cdef	30.00 b
Ekstrem Okra (Brown)	<b>91.50 g</b>	<b>5.30 a</b>	<b>27.45 g</b>	<b>22.40 g</b>
Albania 6172	135.00 ef	4.90 abc	30.60 efg	26.85 e
Erşan 92	141.00 cdef	4.50 bcde	30.10 efg	28.70 bcde
Aşkat 91	190.50 b	<b>3.50 f</b>	39.85 b	33.15 a
Bahar 82	<b>212.50 a</b>	3.85 ef	<b>43.90 a</b>	<b>34.70 a</b>
Sayar 314	136.50 ef	4.75 abcd	30.95 defg	27.70 def
Siocra	158.00 C	4.10 def	34.35 cd	29.60 b
Maraş 92	149.00 cde	4.45 bcde	31.05 def	29.25 bcd
Taşkent 6	144.50 cdef	4.30 cde	31.35 def	29.40 bc
Acala Maxa	158.50 c	4.30 cde	34.90 c	29.50 b
LSD (0,05)	19.14**	0.65**	3.51**	1.70**
CV%	5.98	6.78	4.95	2.72
Ort.	148.14	4.46	32.87	28.92

Genotipler	UNF	SFI	ELG	CSP
Suregrow 125	83.60 bc	5.95 bcd	4.95 ab	2088.50 cde
Çukurova 1518	83.55 bc	6.60 bc	<b>4.30 b</b>	2072.00 de
Nazilli 84S	82.80 c	7.80 b	4.55 ab	2088.00 cde
Gürelbey	84.65 bc	4.05 cd	<b>4.30 b</b>	2271.00 b
EkstremOkra (Brown)	<b>79.85 d</b>	<b>13.8 a</b>	5.65 ab	<b>1762.50 f</b>
Albania 6172	84.40 bc	5.95 bcd	5.85 ab	2051.00 e
Erşan 92	84.40 bc	5.05 bcd	4.35 b	2153.50 bcde
Aşkat 91	85.05 bc	3.70 d	<b>6.25 a</b>	2504.50 a
Bahar 82	<b>87.35 a</b>	<b>3.40 d</b>	5.95 ab	<b>2578.00 a</b>
Sayar 314	83.95 bc	6.10 bcd	4.40 b	2090.50 cde
Siocra	84.30 bc	4.70 cd	5.15 ab	2241.50 b
Maraş 92	85.20 ab	4.20 cd	5.05 ab	2194.00 bcd
Taşkent 6	83.80 bc	5.40 bcde	4.95 ab	2198.00 bc
Acala Maxa	84.40 bc	4.60 cd	5.50 ab	2255.50 b
LSD (0,05)	2.29**	2.78**	1.71	123.68**
CV%	1.26	22.19	15.56	2.62
Ort.	84.09	5.85	5.09	2182.04

SCI: İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index)

MIC: Lif İnceliği (micronaire)

STR: Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)

LEN: Lif Uzunluğu (% 2.5 S.L) (mm)

UNF: Lif Uzunluk Uyum İndeksi (%)

SFI: Kısa Lif Oranı (%)

ELG: Lif Kopma Uzaması (%)

CSP: İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product)

(\*\*)P≤0.01; (\*)P≤0.05

İncelenen tüm özellikler yönünden genotipler arasında farklılık çıkması, genotipik farklılığın ve genotiplerin deneme koşullarına (iklim ve toprak) uyum yeteneklerinin farklı olmasından kaynaklanabileceği söylenebilir.

#### **4.2. Genotipler Arasındaki Genetik Farklılıklarının Saptanması**

13 primer çifti (Çizelge 3.5) 26 pamuk genotipinde (Çizelge 3.1 ve 3.2) toplam 52 adet bant (farklı lokus) oluşturdu. Bu bantlardan 48 tanesinin (% 92.42) incelenen genotipler arasında polimorfik (allel farklılıkları) olduğu gözlenmiştir. Seçilen primerlerin daha önceden farklı çalışmalarda kullanılmış olması ve türler arasında polimorfik bant oluşturduğu tespit edilmiş olanlardan seçilmesi, çalışmada da polimorfizm oranını artırmıştır. Ayrıca bu primerlerin her biri en az 1 adet polimorfik bant oluşturmuştur.

Bu çalışmanın amacı Türkiye’de çoğunlukla ekimi yapılan çeşitler arasındaki ve bu çeşitlerle farklı germplasm kaynakları arasındaki genetik farklılık derecesini ortaya koymaktır. Genetik farklılık, Nei 1972’ye göre hesaplanarak genotipler arasındaki benzerlik katsayısı % olarak ortaya konulmuştur (Çizelge 4.3). Çizelgeden genotipler arasındaki genetik farklılığın % 6 ile % 73 arasında değiştiği izlenebilmektedir (Çizelge 4.3). Genotipler arasında en fazla farklılık gösteren genotip D genomuna ait olan *G. harknesii* Brandg türüdür. *G. harknesii* Brandg en fazla genetik farklılığı AD genomuna ait *G. lanceolatum* Tod (% 73) türüyle gösterirken, en az genetik farklılığı E genomuna ait *G. incanum* (schwartz) Hill (% 31) türüyle göstermiştir.

##### **4.2.1. Türkiye’de Tescil Edilmiş Pamuk Genotipleri Arasındaki Genetik Farklılık**

Türkiye’de tescil edilmiş bazı pamuk genotipleri arasındaki farklılık % 8 ile % 26 arasında değişirken, en fazla farklılık (% 26) Suregrow 125 çeşidi ile Sayar 314 ve Maraş 92 çeşitleri arasında bulunmuştur. En az genetik farklılık ise (% 8) Çukurova 1518 ile Nazilli 84S, Erşan92 ile Nazilli 84S, Sayar314 ile Nazilli 84S ve Erşan 92 ile Maraş 92 çeşitleri arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

##### **4.2.2. *G. hirsutum* L. Türüne İlişkin Pamuk Genotipleri Arasındaki Genetik Farklılık**

*G. hirsutum* L. türüne ait pamuk genotipleri arasındaki genetik farklılık % 6 ile % 34 arasında değişmiştir. Gutierrez ve ark. (2002)’de SSR markörleri ile yapmış oldukları çalışmada genetik farklılığı % 6-34 arasında bulmuşlardır. Yine Zhang ve ark. (2005)’de Acala 1517 çeşitlerindeki genetik farklılığı SSR markörleri ile % 6-38 arasında bulmuşlardır. Bu bulgular bizim bulgularımızla örtüşmektedir. Bu da SSR markörlerinin güvenilirliğini göstermektedir. *G. hirsutum* L. türüne ait genotipler arasında en fazla genetik farklılık Acala Maxa ile Gürelbey genotipleri (% 34) arasında bulunurken, en az genetik farklılık ise Siocra ile Nazilli 84S genotipleri (% 6) arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

##### **4.2.3. *G. barbadense* L. Türü İçerisindeki Genetik Farklılık**

*G. barbadense* L. türüne ait pamuk genotipleri arasındaki genetik farklılık % 12-42 arasında değişmiştir. Genotipler arasındaki en fazla genetik farklılık GB-4 hattı ile Bahar

82 genotipi (% 42) arasında bulunurken, en az genetik farklılık ise Bahar 82 ile Aşkabat 91 genotipleri (% 12) arasında bulunmuştur.

*G. hirsutum* L. türüne ait pamuk genotipleri ile *G. barbadense* L. türüne ait pamuk genotipleri arasındaki genetik farklılık % 26-52 arasında bulunmuştur. Fakat bu karşılaştırmada GB-4 hattını çıkardığımız taktirde genotipler arasındaki genetik farklılık % 26-49 olarak bulunmuştur. Abdalla ve ark. (2001)'de yaptıkları çalışmada *G. hirsutum* L. ile *G. barbadense* L. türleri arasındaki genetik benzerliği (Genetic Similarity) % 72 olarak bulmuşlardır. Bu sonuç bizim bulgularımıza yakındır. Genotipler arasındaki en fazla genetik farklılık GB-4 hattı ile Gürelbey genotipi (% 52) arasında bulunurken, en az genetik farklılık ise Bahar 82 ile Suregrow 125, Taşkent 6 ile Aşkabat 91, Taşkent 6 ile Bahar 82 genotipleri (% 26) arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

#### **4.2.4. Yabani Pamuk Türleri Arasındaki Genetik Farklılık**

Yabani pamuk türlerine ait hatlar arasındaki genetik farklılık % 12-73 arasında bulunmuştur. En az genetik farklılık *G. herbaceum* L. ile *G. mustelinum* Miers ex Watt hatları (% 12) arasında bulunurken, en fazla genetik farklılık ise *G. harknesii* Brandg ile *G. lanceolatum* Tod hatları (% 73) arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

*G. hirsutum* türüne ait pamuk genotipleri ile yabancı pamuk türlerine ait hatları arasındaki genetik farklılık % 19-62 arasında bulunmuştur. En fazla genetik farklılık (% 62) *G. harknesii* Brandg hattı ile Yeşil lif, Lifsiz, Nazilli 84S, Erşan 92 genotipleri ve Gürelbey genotipi ile *G. mustelinum* Miers ex Watt hattı arasında bulunurken, en az genetik farklılık ise (% 24) *G. herbaceum* L. hattı ile Suregrow 125, Taşkent 6 genotipleri, *G. lanceolatum* Tod hattı ile Albania 6172 ve *G. hirsutum* var. *yucatanense* hattı ile Maraş 92, Lifsiz, Acala Maxa genotipleri arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

*G. barbadense* L. türü ile yabancı pamuk türlerine ait hatlar arasındaki genetik farklılık %24-45 arasında bulunmuştur. En fazla genetik farklılık (% 45) Aşkabat 91 genotipi ile *G. mustelinum* Miers ex Watt, *G. hirsutum* var. *marie galante* hatları, Bahar 82 genotipi ile *G. lanceolatum* Tod hattı arasında bulunurken, en az genetik farklılık (% 24) Bahar 82 genotipi ile *G. herbaceum* L. hattı arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

#### **4.2.5. Tetraploid Pamuk Türlerine Ait Genotipler Arasındaki Genetik Farklılık**

Tetraploid pamuk türlerine ait genotipler arasındaki genetik farklılık % 6-62 arasında bulunmuştur. En fazla genetik farklılık (% 62) *G. mustelinum* Miers ex Watt hattı ile Gürelbey genotipi arasında bulunurken, en az genetik farklılık (% 6) Siocra ile Nazilli 84S genotipleri arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

#### **4.2.6. Diploid Pamuk Türlerine Ait Genotipler Arasındaki Genetik Farklılık**

Diploid pamuk türlerine ait hatlar arasındaki genetik farklılık % 14-34 arasında bulunmuştur. En fazla genetik farklılık (% 34) *G. harknesii* Brandg ile *G. herbaceum* L., *G. nandewarensis* (Derara) Fryx hatları arasında bulunurken, en az genetik farklılık (% 14) *G. nandewarensis* (Derara) Fryx ile *G. incanum* (schwartz) Hill hatları arasında bulunmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. Genotipler Arasındaki Genetik Mesafe (Genetic Distance) (Nei, 1975) Matrix Çizelgesi

Genotipler	Suregrow 125	Çukurova 1518	Nazilli 84 S	Gürelbey Ms34/1	Erşan 92	Sayar 314	Maraş 92	Ekstrem Okra (Brown)	Albania-6172	Yeşil lif	Lifsiz	Siocra	Taşkent-6	Acala Maxa	Aşkabat 91	Bahar 82	G.B 4	<i>G. mustelinum</i> Miers ex Watt	<i>G. hirsutum</i> var. <i>G. yucatanence</i>	<i>G. lanceolatum</i> Tod	<i>G. hirsutum</i> var. <i>G. marie galante</i>	<i>G. darwinii</i> Watt	<i>G. harknesii</i> Brandg	<i>G. herbaceum</i> L.	<i>G. incanum</i> (schwartz) Hill	<i>G. nandewarensis</i> (Derara)	Fryx
Suregrow 125																											
Çukurova 1518	0.17																										
Nazilli 84 S	0.17	0.08																									
Gürelbey Ms34/1	0.24	0.14	0.24																								
Erşan 92	0.17	0.12	0.08	0.24																							
Sayar 314	0.26	0.17	0.08	0.24	0.17																						
Maraş 92	0.26	0.12	0.17	0.24	0.08	0.21																					
Ekstrem Okra (Brown)	0.24	0.10	0.14	0.17	0.19	0.19	0.19																				
Albania-6172	0.17	0.08	0.17	0.14	0.8	0.26	0.08	0.10																			
Yeşil lif	0.17	0.12	0.12	0.19	0.12	0.12	0.21	0.14	0.17																		
Lifsiz	0.21	0.08	0.08	0.24	0.08	0.17	0.12	0.10	0.12	0.12																	
Siocra	0.14	0.10	0.06	0.21	0.14	0.10	0.19	0.12	0.14	0.14	0.14																
Taşkent-6	0.21	0.21	0.21	0.29	0.12	0.21	0.17	0.24	0.12	0.21	0.21	0.14	0.12														
Acala Maxa	0.26	0.21	0.21	0.34	0.17	0.21	0.21	0.19	0.17	0.21	0.17	0.14	0.12														
Aşkabat 91	0.37	0.37	0.49	0.40	0.42	0.42	0.37	0.45	0.31	0.42	0.49	0.40	0.26	0.42													
Bahar 82	0.26	0.31	0.37	0.34	0.37	0.31	0.37	0.40	0.31	0.31	0.42	0.29	0.26	0.37	0.12												
G.B 4	0.37	0.37	0.37	0.52	0.37	0.42	0.42	0.40	0.37	0.37	0.37	0.29	0.37	0.26	0.37	0.42											
<i>G. mustelinum</i> Miers ex Watt	0.40	0.45	0.52	0.62	0.45	0.52	0.40	0.49	0.40	0.45	0.52	0.42	0.34	0.34	0.45	0.40	0.45										
<i>G. hirsutum</i> var. <i>G. yucatanence</i>	0.45	0.29	0.34	0.49	0.29	0.34	0.24	0.31	0.29	0.34	0.24	0.37	0.29	0.24	0.34	0.40	0.34	0.26									
<i>G. lanceolatum</i> Tod	0.40	0.34	0.45	0.37	0.34	0.58	0.34	0.31	0.24	0.40	0.34	0.42	0.34	0.40	0.40	0.45	0.45	0.49	0.37								
<i>G. hirsutum</i> var. <i>G. marie galante</i>	0.40	0.34	0.34	0.49	0.40	0.40	0.45	0.42	0.45	0.40	0.34	0.31	0.40	0.40	0.45	0.34	0.52	0.49	0.42	0.37							
<i>G. darwinii</i> Watt	0.34	0.34	0.40	0.49	0.45	0.45	0.45	0.42	0.40	0.40	0.40	0.31	0.40	0.45	0.34	0.40	0.34	0.49	0.42	0.49	0.49						
<i>G. harknesii</i> Brandg	0.49	0.55	0.62	0.58	0.62	0.55	0.55	0.58	0.55	0.62	0.62	0.52	0.49	0.42	0.37	0.42	0.37	0.40	0.40	0.73	0.58	0.45					
<i>G. herbaceum</i> L.	0.24	0.29	0.34	0.42	0.34	0.34	0.34	0.37	0.29	0.34	0.42	0.26	0.24	0.29	0.29	0.24	0.34	0.12	0.21	0.42	0.37	0.37	0.34				
<i>G. incanum</i> (schwartz) Hill	0.37	0.37	0.42	0.45	0.42	0.37	0.42	0.45	0.37	0.37	0.42	0.34	0.31	0.31	0.26	0.31	0.31	0.29	0.19	0.45	0.45	0.34	0.31	0.19			
<i>G. nandewarensis</i> (Derara)	0.52	0.40	0.45	0.49	0.45	0.40	0.45	0.42	0.40	0.45	0.40	0.37	0.29	0.29	0.34	0.34	0.42	0.21	0.49	0.42	0.31	0.34	0.31	0.14			

#### **4.2.7. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç**

Aritmetik ortalamayı kullanan ağırlıksız çift grup olarak da bilinen UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) ile analiz edilerek temel filogenetik gruplar oluşturulmuştur (Şekil 4.1). Yapılan bu çalışmada UPGMA, 2 ana filogenetik grup oluşturmuştur. Şekilden de görüleceği gibi tetraploid *G. mustelinum* Miers ex Watt, *G. hirsutum* var. *yucatanense*, *G. barbadense* L. genotipleri ve *G. darwinii* Watt türleri ile diploid yabancı pamuk türlerine ait hatlar bir grup, diğer tetraploidler de başka bir ana grup oluşturduğu görülmektedir. Yabancı hatlar dışında kalan *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. türüne ait pamuk genotiplerinin kendi türleri içerisinde birbirlerine yakın gruplandığı Şekil 4.1’de görülmektedir. Örneğin *G. barbadense* L. türüne ait Aşkabat 91 ve Bahar 82’nin birlikte grup oluşturduğu görülmektedir (Şekil 4.1).

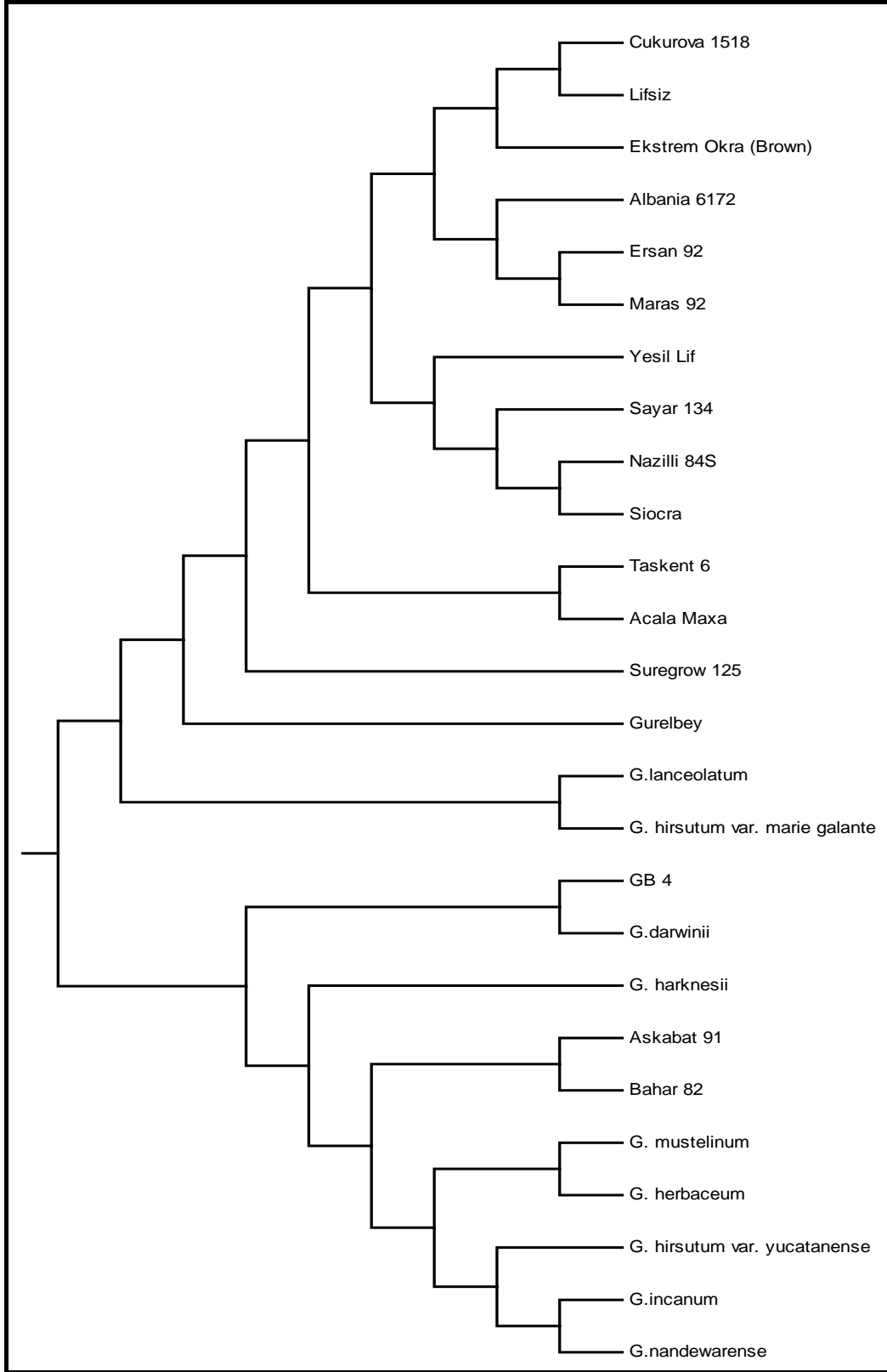
Çeşit geliştirme çalışmalarında, kullanılan germplazm içerisindeki varyasyonun artırılması şarttır. Bu varyasyonun artırılmasında yabancı hatların kullanılması hem bu varyasyonun artırılması hem de yeni gen kombinasyonlarının ortaya çıkarılması açısından kaçınılmazdır. Çünkü *G. hirsutum* L. türü içerisinde genetik varyasyon azalmış ve *G. barbadense* L. ile arasındaki varyasyon da azalmaktadır. Öte yandan diploid ve tetraploid hatlar arasındaki varyasyonun daha geniş olduğu görülmektedir.

#### **4.3. Lif Analiz Sonuçları ile Moleküler Verilerin İlişkilendirilmesi**

14 genotipe ait lif analiz sonuçları ile moleküler veriler (SSR) arasındaki korelasyon katsayıları (Pearson Correlation Coefficients) hesaplanmış ve istatistiki olarak önemli ilişkiler ortaya çıkaran markörler ve üzerinde buldukları kromozomlar Çizelge 4.4’de verilmiştir. CM71-2 markörü ile SCI arasında % 65, STR arasında % 73, LEN arasında % 59, UNF arasında % 59 ve CSP arasında % 58 pozitif yönde ve önemli ilişki saptanmıştır. Pozitif ilişkinin bulunması, bu markörün o karaktere bağlı olabileceğini veya o karakteri kontrol edebileceğini ifade etmektedir. Diğer bir deyişle markörün varlığı ilgili karakteri pozitif yönde etkiliyor ve o karakterin değerini artırıyor. Şayet markör yoksa ilgili karakterin düşük bir değerde olabileceğini söylemek mümkündür. Örneğin STR değerinde % 73’lük pozitif bir ilişkinin olması, CM71-2 markörünün bulunduğu çeşitlerde lif mukavemetinin (STR) yüksek çıkma ihtimalinin olduğunu ya da CM71-2 markörü yoksa lif mukavemetinin düşük olma ihtimalinin bulunduğunu söyleyebiliriz. Kısaca CM71-2 markörünün bulunması ile, MIC, SFI ve ELG hariç diğer incelenen tüm lif kalite değerlerini artırıcı bir etkiye sahip olabileceği söylenebilir.

Öte yandan CM23-2 ve JESPR224-3 markörlerinin varlığı SCI, STR, LEN, UNF, ELG ve CSP değerlerini, BNL2960-3 markörü SCI, STR, LEN ve CSP değerlerini pozitif yönde etkilerken lif incelik değerini negatif yönde etkilemiştir. Lif incelik değerinin negatif çıkması olumlu bir sonuçtur. Çünkü bu değer düşük olması lifin daha ince yapıda olduğunu göstermektedir. Dolayısıyla bu markörlerin lif inceliğini olumlu yönde etkilediği söylenebilir. CM23-2 ve JESPR224-3 markörleri SFI hariç, BNL2960-3 markörü UNF, SFI ve ELG hariç diğer incelenen tüm lif kalite değerlerini artırıcı bir etkiye sahip olabileceği söylenebilir. CM23-1, CM23-3 ve JESPR224-2 markörleri SCI, STR, LEN, UNF, ELG ve CSP değerlerini, JESPR232-1, JESPR153-6 ve JESPR56-2 markörleri SCI, STR, LEN ve CSP değerlerini negatif yönde etkilemiştir. SFI’yi JESPR56-2 markörü pozitif yönde etkilerken, JESPR153-5 markörü negatif yönde etkilemiştir (Çizelge 4.4).

Şekil 4.1. Genotiplere Göre Oluşturulmuş Filogenetik Ağaç



Ayrıca, JESPR232-2 markörü SCI, STR, LEN ve CSP'yi pozitif yönde etkilerken, JESPR232-3 markörü LEN ve UNF'yi negatif yönde, SFI'yi ise pozitif yönde etkilemiştir (Çizelge 4.4).

Lif kalitesini arttırma çalışmalarında *G. barbadense* L. türüne ait Bahar 82 ve Aşkabat 91 çeşitlerinin kullanılmasını önermek mümkündür. Yapılan lif analiz sonuçlarına göre bu iki çeşidin lif kalite özellikleri diğer genotiplerden daha üstün bulunmuş ve bu özellik moleküler verilerle de tespit edilmiştir. Çünkü CM23-2 ve BNL2960-3 markörlerinin bu çeşitlerde varlığı ve diğer çeşitlerde bulunmayışı pozitif ve önemli bir ilişki ortaya koyarken; aynı şekilde JESPR224-2, JESPR232-1, CM23-1, CM23-3 ve JESPR56 markörlerinin *G. barbadense* L. çeşitlerinde bulunmayışı, *G. hirsutum* L. çeşitlerinde olması negatif yönde ve önemli bir ilişkiyi ortaya koymuştur (Çizelge 4.4).

Buradan kısaca lif kalite özelliklerinin 10., 11., 16. ve 25. kromozomlar ile ilişkili olduğu kanısına varılabilir. Daha önce yapılan çalışmalarda kromozom 25 üzerinde uzunluk ve mukavemeti; kromozom 16 üzerinde mukavemet, incelik ve renk; kromozom 10 üzerinde incelik, uzunluk ve renk karakterlerine etkili QTL'lerin belirlendiği ve bu bölgelerin *G. barbadense* L. türünden geldiği belirtilmektedir (Lacape ve ark., 2005). Lin ve ark. (2005), 10. kromozom üzerinde lif inceliği ile bağlantılı QTL tespit etmişlerdir. Yine Zhang ve ark. (2003)'da 10 kromozom üzerinde FS1 (QTL) isimli bir QTL tespit etmişlerdir. Bulduğumuz bu korelasyon verileri bu araştırmacıların araştırmaları ile örtüşmektedir.

Çizelge 4.4. Genotiplerin Lif Analizi Sonuçları ile SSR Verileri Arasındaki Korelasyon Çizelgesi

Markör Adı	Buldukları Kromozom								
		SCI	MIC	STR	LEN	UNF	SFI	ELG	CSP
CM71-2	10	0.65*	-	0.73**	0.59*	0.59*	-	-	0.58*
CM23-1	11	-0.79**	0.65*	-0.88**	-0.74**	-0.56*	-	-0.64*	-0.76**
CM23-2	11	0.79**	-0.65*	0.88**	0.74**	0.56*	-	0.64*	0.76**
CM23-3	11	-0.79**	0.65*	-0.88**	-0.74**	-0.56*	-	-0.64*	-0.76**
JESPR224-2	25	-0.80**	0.65*	-0.88**	-0.74**	-0.56*	-	-0.64*	-0.77**
JESPR224-3	25	0.80**	-0.65*	0.88**	0.74**	0.56*	-	0.64*	0.77**
JESPR153-5	16	-	-	-	-	-	-0.55*	-	-
JESPR153-6	16	-0.56*	-	-0.58*	-0.63*	-	-	-	-0.57*
BNL2960-3	10	0.66*	-0.62*	0.69**	0.66*	-	-	-	0.67**
JESPR232-1	10	-0.59*	0.59*	-0.59*	-0.57*	-	-	-	-0.60*
JESPR232-2	10	0.63*	-	0.67*	0.58*	-	-	-	0.60*
JESPR232-3	10	-	-	-	-0.57*	-0.56*	0.66*	-	-
JESPR56-2	10	-0.64*	0.72**	-0.56*	-0.62*	-	0.58*	-	-0.66*

SCI: İplik Olabilirlik İndeksi (Spinning Consistency Index)

MIC: Lif İnceliği (micronaire)

STR: Lif Kopma Dayanıklılığı (g/tex)

LEN: Lif Uzunluğu (% 2.5 S.L) (mm)

UNF: Lif Uzunluk Uyum İndeksi (%)

SFI: Kısa Lif Oranı (%)

ELG: Lif Kopma Uzaması (%)

CSP: İplik Dayanıklılığı (Count Strength Product), (\*\*) $P \leq 0.01$ ; (\*) $P \leq 0.05$ .

## 5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Pamuk genomunu büyük oranda tarayabilmek için (20 cM'dan daha az aralıklarla) tahmini olarak 200 civarında SSR markörü gerekmektedir. Yapılan bu çalışmada 13 SSR markörü kullanılmış ve 50 civarında bant puanlanmıştır. Fakat seçilen bantlarda polimorfizm oranının yüksek bulunması ve primerlerin farklı kromozomlara dağılmış olması ayrıca daha önce yapılan çalışmalarla benzerlik göstermesi sağlıklı bir sonucun alındığını göstermektedir.

Elde edilen sonucun güvenilirliğini artırmak için daha fazla sayıda markör ilave edilmeli ve daha geniş bir örtüşme (coverage) sağlanmalıdır.

Bu çalışmada az sayıda markör kullanılarak, analizlerin daha ucuz ve efektif yapılması hedeflenmiştir. Tabii ki daha fazla SSR markörü kullanarak (26 kromozomu temsil edecek şekilde) markör yoğunluğu artırılabilir ve genetik ilişki daha fazla güvenilir sınırlar içerisinde tahmin edilebilir. Fakat elde edilen sonuçlar, seçilen markörlerin etkili olduğunu, fazla sayıda polimorfizm oluşturarak kullanılan genotipler hakkında elde edilen bilgileri doğrular niteliktedir. Genetik farklılık çalışması bir plan dahilinde ıslah programlarına mutlaka ilave edilmelidir. Bu şekilde hem germplasm içerisindeki varyasyon belirlenebilir ve hem de ekonomik öneme sahip bazı karakterleri etkileyen QTL'lerin melezlemeler sonucunda takibi yapılabilir. Ayrıca istenmeyen bölgelerin de uzaklaştırılması yine bu yöntemle sağlanabilir.

Yapılan lif kalite özellikleri analizinde çeşitler arasında çok önemli farklılıklar olduğu saptanmıştır. *G. barbadense* L. türüne ait Bahar 82 ve Aşkabat 91 çeşitleri lif kalite özellikleri bakımından öne çıkmaktadır. En kötü lif kalitesine sahip olan pamuk çeşidi *G. hirsutum* L. türüne ait Ekstrem Okra (Brown) olarak bulunmuştur.

Bu çalışma da genotipler arasındaki genetik farklılık % 6 ile % 73 arasında değiştiği ve tescilli çeşitlerimiz arasında çok düşük genetik farklılık (% 8-26) olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca birçok melezleme programında varyasyonu artırmak amacıyla kullanılan Aşkabat 91 ve Bahar 82 genotipleri ile ekim yapılan tescilli çeşitler arasında da genetik farklılığın (% 26-49) azaldığı fakat *G. hirsutum* L. türlerine göre daha fazla olduğu tespit edilmiştir. Bu da yeni gen kaynaklarına ihtiyaç olduğunu göstermektedir.

Yabani pamukların bağımsız bir grup oluşturduğu söylenebilir. Bu pamuklar arasındaki genetik farklılığın yüksek olması (% 12-73) nedeniyle yeni melezleme programlarına dahil edilebilirler ve genetik olarak farklılıkları yüksek çeşitler geliştirilebilir. Özellikle lif kalitesi, hastalık ve zararlılar yönünden pamuk ıslahında germplasm kaynağı olarak kullanılabilirler. *G. hirsutum* L. türüyle yabani pamuk türleri arasındaki varyasyonun (% 24-62) daha fazla olması bu durumu desteklemektedir.

Yapılan korelasyon analizinde lif kalitesiyle ilişkili markörler saptanmış ve bu markörlerin 10, 11, 16 ve 25. kromozomlar üzerinde olduğu görülmüştür. CM 71-2 markörü lif kalite unsurlarıyla % 58-73 oranında ve önemli bir korelasyon gösterirken, CM 23-2 ve JESPR 224-3 markörleri % 56-88 oranında bir korelasyon göstermiştir. BNL 2960-3 ve JESPR 232-3 markörleri de sırasıyla % 62-69 ve % 58-67 oranlarında bir korelasyon göstermişlerdir. Bulunan bu markörlerin lif kalitesi yönünden segregasyona

sahip daha geniş populasyonlarda incelenmesi ve bitki ıslahı çalışmalarında kullanımlarının başlatılması mümkündür. Analizde negatif sonuçların bulunması bir heterozigotluk olabileceğini göstermektedir. Benzer bulgular Gutierrez ve ark., (2002) tarafından da bildirilmiştir. Fakat lif inceliği için düşük değerlerin bulunması, bu yönde germplasm geliştirilmesi için kullanılabilir.

Elde edilen sonuçlar, SSR markörlerinin çeşitlerin genetik karakterizasyonu çalışmalarında kullanılabileceğini göstermektedir. Bu çalışmada, lif kalite özellikleriyle bağlantılı oldukları tespit edilen markörler, pamukta germplasm geliştirme ve uygun ebeveynlerin seçimi konularına ışık tutacağı gibi ıslah çalışmalarında da kullanılabilecektir. Ayrıca bulunan bu markörler ileride sekanslanarak (DNA dizilimleri belirlenerek) hangi genlerle homoloji oluşturduğu belirlenecek ve daha ileri seviyelerde yapılacak çalışmalarda kullanılma imkânları araştırılacaktır. Ayrıca halen yürümekte olan ve TÜBİTAK tarafından desteklenen “Pamukta Lif Kalitesini Kontrol Eden Genlerin Tespiti ve Islahta Kullanımı” konulu projede (Bölek, 2007) denenerek, F<sub>2</sub> popülasyonunda lif kalite özellikleriyle birlikte açılım gösterip göstermedikleri test edilecek ve genetik haritalar üzerinde yerleri tespit edilecektir. Bu şekilde bu markörlerin diğer markörlerle olan bağlantıları belirlenerek, lif kalitesiyle ilişkili DNA markörlerinin sayısı artırılabilir.

**KAYNAKLAR**

- AKÇAR, H., 1986. Çukurova Koşullarında, İki Pamuk Çeşidinde (*Gossypium* sp.) Farklı Ekim Şekillerinin Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi Üzerine Bir Araştırma. (Yüksek Lisans Tezi, Basılmamış). Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- ABDURAKHMONOW, I.Y., KOHEL, R.J., SAHA, S., PEPPER, A.E., YU, J.Z., BURIEV, Z.T., SHERMATOV, S.E., ABDULLAEV, A.A., KUSHANOV, F.N., JENKINS, J.N., SCHEFFLER, B., ABDUKARIMOV, A. 2006. Molecular Genetic Diversity of *G. hirsutum* Accessions from Uzbek Cotton Germplasm Revealed by Core Set and Chromosome Specific Microsatellite Markers. Plant & Animal Genomes XIV Conference, P131.
- ABDALLA, A.M., REDDY, O.U.K., EL-ZİK, K.M., PEPPER, A.E.. 2001. Genetic Diversity and Relationships of Diploid and Tetraploid Cottons Revealed Using AFLP. Theor Appl Genet., 102:222-229.
- ABDELSALAM,, ALIA, A.Z.E., EL-SEOUDY, A., AWAD, H.Y., REHAM, H.G. 2005. Evaluation of Genetic Diversity in Some Cotton Genotypes through Yield Components, Biochemical and Molecular Analysis. Egypt. J. Genet.& Cytol., 34:219-236.
- ABRAHAM, T., PANGULURI, S.K., SRIDHAR, J., JAGADISH, B., KUMAR, P.A. 2005. AFLP Fingerprinting of Some Elite Indian Cotton Genotypes. Plant Cell Biotechnol Mol Biol., 6(1-2):1-8
- ANONİM, 2002. SAS Institute Inc., SAS/STAT® User's Guide, Version 9, SAS Institute Inc., Cary, NC, U.S.
- ANONİM, 2005a. Kahramanmaraş Meteoroloji İstasyonu Müdürlüğü.
- \_\_\_\_\_2005b. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Toprak Bölümü, Toprak Laboratuvarı Analiz Sonuçları.
- ANONİM, 2006a. <http://www.kahramanmaras.gov.tr/>
- \_\_\_\_\_2006b. Popgen 3.2, <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>
- AYDIN, G., 2001. Türkiye Pamukları Nazilli PAE, Yaym. No:62, Nazilli.
- BERTINI, C. H. C. DE M., SCHUSTER, I., SEDIYAMA, T., DE BARROS, E. G., MOREIRA, M. A. 2005. Analysis of Cotton Genetic Diversity by Microsatellites and Pedigree. Crop Breeding and Applied Biotechnology, 5 (4):369-378.
- \_\_\_\_\_2006. Characterization and Genetic Diversity Analysis of Cotton Cultivars Using Microsatellites. Genet. Mol. Biol., 29(2):321-329.

- BROOKS, T.D. 2002. Mapping of Cotton Fiber Length and Strength Quantitative Trait Loci Using Microsatellites. PhD Dissertation, Texas A&M Library, 69 p.
- BÖLEK, Y., K.M. EL-ZIK, A.E. PEPPER, A.A. BELL, C.W. MAGILL, P.M. THAXTON AND O.U.K. REDDY, 2005. Mapping of Verticillium Wilt Resistance Genes in Cotton. *Plant Sci.*, 168:1581-1590.
- BÖLEK, Y. 2007. Kişisel Görüşme.
- CHEN, G., DU, X.M. 2006. Genetic Diversity of Source Germplasm of Upland Cotton in China as Determined by SSR Marker Analysis. *Yi Chuan Xue Bao*, 33(8):733-745.
- DUDLEY, J.W., SAGHAI MAROOF, M.A., RUFENER, G.K. 1991. Molecular Markers and Grouping of Parents in Maize Breeding Programs. *Crop Sci.*, 31:718-723.
- ERKİLİNÇ, A., KARACA, M. 2005. Assessment of Genetic Variation in Some Cotton Varieties (*Gossypium hirsutum* L.) Grown in Turkey Using Microsatellites. *Ziraat Fakültesi Dergisi, Akdeniz Üniversitesi*, 18 (2):201-206.
- FRYXELL, P.A., CRAVEN, L.A., STEWART, J.M. 1992. A Revision of *Gossypium* Seed *Grandicalyx* (Malvaceae), Including the Description of Six New Species. *Syst. Bot.*, 17:91-114.
- FU Y.B., PETERSON G.W., WILLIAMS D., RICHARDS K.W., FETCH J.M. 2005. Patterns of AFLP Variation in a Core Subset of Cultivated Hexaploid Oat Germplasm. *Theor Appl Genet.*, 111(3):530-9.
- GUO W.Z., WANG K., ZHANG T.Z. 2003. A and D Genome Evolution in *Gossypium* Revealed Using SSR Molecular Markers. *Yi Chuan Xue Bao*, 30(2):183-8.
- GUTIERREZ, O.S., BASU, S., SAHA, S., JENKINS, J.N., SHOEMAKER, D.B., CHEATHAM, C.L., McCARTY, J.C.Jr. 2002. Genetic Distance Among Selected Cotton Genotypes and its Relationship with F<sub>2</sub> Performance. *Crop Sci.*, 42:1841-1847.
- IQBAL, M.J., AZIZ, N., SAEED, N.A., ZAFAR, Y., MALIK, K.A. 1997. Genetic Diversity Evaluation of Some Elite Cotton Varieties by RAPD Analysis. *Theor Appl Genet.*, 94:139-144.
- IQBAL, K.J., REDDY, O.U.K., EL-ZIK, K.M., PEPPER, A.E. 2001. A Genetic Bottleneck in the 'Evolution Under Domestication' of Upland Cotton *Gossypium hirsutum* L. Examined Using DNA Fingerprinting. *Theor Appl Genet.*, 103(4):547-554.
- KUMAR, S., TAMURA, K., NEI, M. 2004. MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment Briefings in Bioinformatics, 5:150-163.

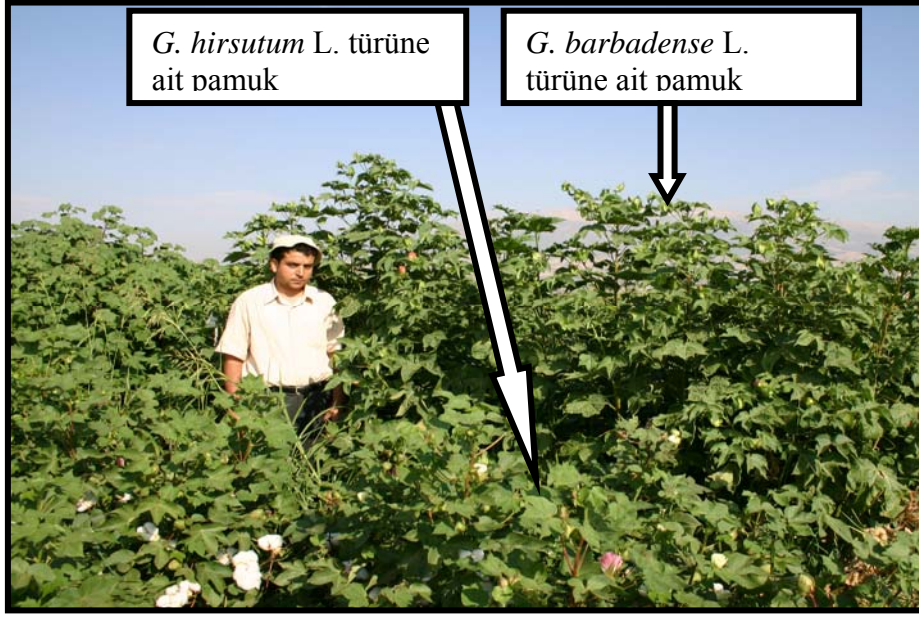
- LACAPE, J.M., NGUYEN, T.B., COURTOIS, B., BELOT J.L., GIBAND, M., GOURLOT, J.P., GAWRYZIAK, G., ROQUES, S., HAU, B. 2005. QTL Analysis of Cotton Fiber Quality Using Multiple *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* Backcross Generations. *Crop Sci.*, 45: 123-140.
- LE CLERC V., BAZANTE, F., BARIL, C., GUIARD, J., ZHANG, D. 2005. Assessing Temporal Changes in Genetic Diversity of Maize Varieties Using Microsatellite Markers. *Theor Appl Genet.*, 110(2):294-302.
- LEWIS, H. 2001. A Review of Yield and Fiber Quality Trends and Components in American Upland Cotton. pp. 1447-1453. In *Proc. Beltwide Cotton Res. Conf.*, Anaheim, CA. 9-13 Jan. 2001. *Natl. Cotton Council Am.*, Memphis, TN.
- LI, C.D., ROSSNAGEL, B.G., SCOLES, G.J. 2000. The Development of Oat Microsatellite Markers and Their Use in Identifying Relationships Among *Avena* Species and Oat Cultivars. *Theor Appl Genet.*, 101:1259-1268.
- LIN, Z.X., ZHANG, X.L., NEI, Y.C. 2004. Evaluation of Application of a New Molecular Marker SRAP on Analysis of F<sub>2</sub> Segregation Population and Genetic Diversity in Cotton. *Yi Chuan Xue Bao*, 31(6):622-6.
- LIN, Z., HE, D., ZHANG, X., NIE, Y., GUO, X., FENG, C., STEWART, J.M.D. 2005. Linkage Map Construction and Mapping QTL for Cotton Fiber Quality Using SRAP, SSR and RAPD. *Plant Breeding*, 124:180-187.
- LIU, S., CANTRELL, R.G., MCCARTY, J.C.J.R., STEWART, J. MCD. 2000. Simple Sequence Repeat Based Assessment of Genetic Diversity in Cotton Race Stock Accessions. *Crop Sci.* 40:1459-1469.
- MANJARREZ-SANDOVAL, P., CARTER, T.E. JR., WEBB, D.M., BURTON, J.W. 1997. RFLP Genetic Similarity Estimates and Coefficient of Parentage as Genetic Variance Predictors for Soybean Yield. *Crop Sci.*, 37:698-703.
- MULTANI, D.S., LYON, B.R. 1995. Genetic Fingerprinting of Australian Cotton Cultivars with RAPD Markers. *Genome*, 38:1005-1008.
- MURTAZA, M. 2006. Cotton Genetic Diversity Study by AFLP Markers. *Electronic Journal of Biotechnology*, 9(4):1-5.
- NEI, M. 1972. Genetic Distance Between Populations. *Am. Nat.*, 106:283-292.
- ÖZÜDOGRU, T. 2006. Pamuk Durum ve Tahmin: 2006/2007. Yayın No: 148 ISBN: 975-407-215-9, ISSN: 1303-8362.
- PERCIVAL, A.E., WENDEL, J.F., STEWART, J.M. 1999. Taxonomy and Germplasm Resources. In: *Cotton C.W. Smith and J.T. Cothren (Eds.)*. pp. 99-170. John Wiley & Sons, Inc., New York.

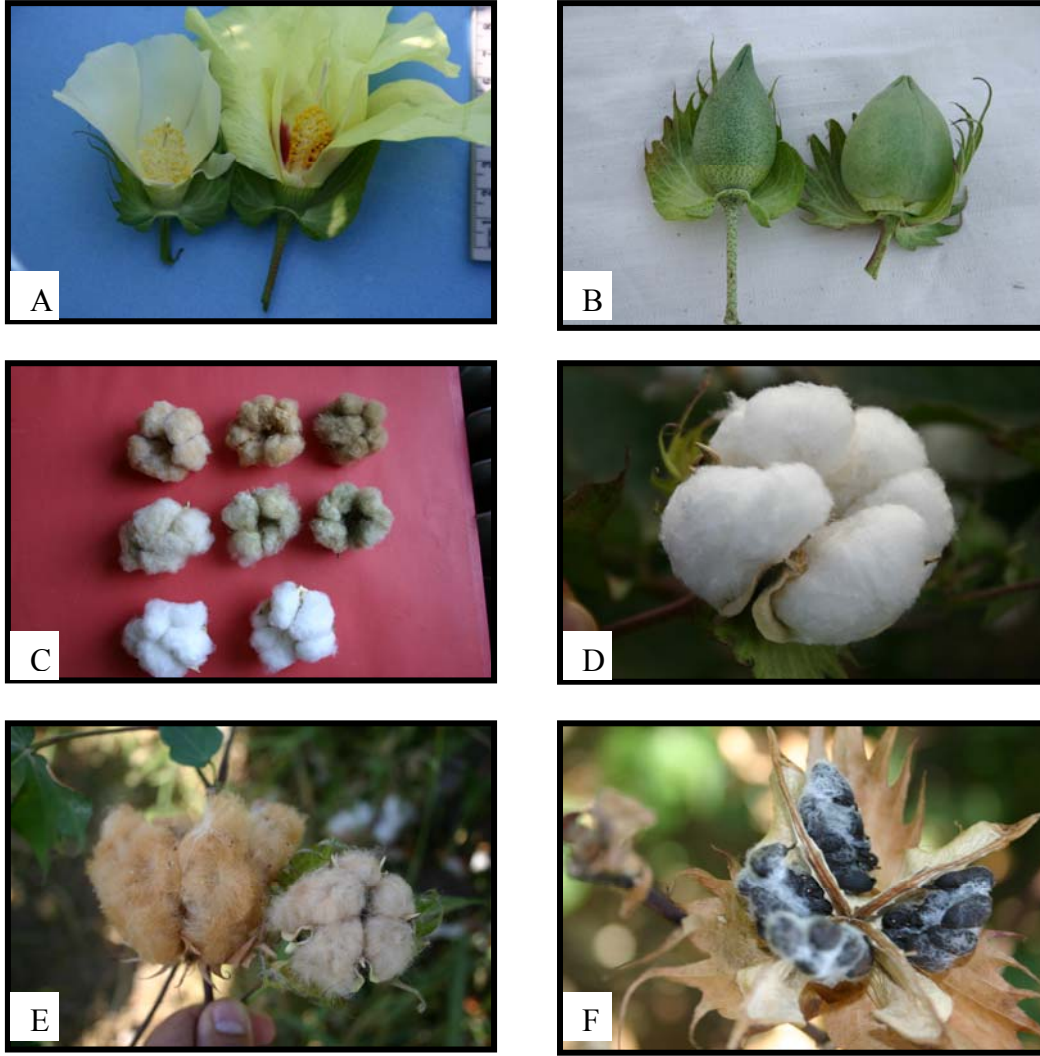
- PILLEY, M., MYERS, G.O. 1999. Genetic Diversity in Cotton Assessed by Variation in Ribosomal RNA Genes and AFLP Markers. *Crop Sci.*, 39:1881-1886.
- RAHMAN, M., HUSSIAN, D., ZAFAR, Y. 2002. Estimation of Genetic Divergence among Elite Cotton Cultivars-Genotypes by DNA Fingerprinting Technology. *Crop Sci.*, 42:2137-2144.
- RANA, M.K., BHAT, K.V. 2005(a). A Comparison of AFLP and RAPD Markers for Genetic Diversity and Cultivar Identification in Cotton. *J Plant Biochem Biotechnol.*, 13 (1):19-24
- \_\_\_\_\_ 2005b. RAPD markers for genetic diversity study among Indian Cotton cultivars. *Current Sci.*, 88 (12):1956-1961.
- RANA, M.K., TABAR, M.V., BHAT, K.V. 2005(a). Genetic Diversity in Indian Cotton (*Gossypium* spp.) Cultivars as Revealed by RAPD Analysis. *Indian J Biotechnol.*, 4(4):522-527.
- \_\_\_\_\_ 2005b. Assessment of Genetic Diversity in Upland Cotton (*G. hirsutum* L.) Breeding Lines by Using Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) Markers and Morphological Characteristics. *Genet Resour Crop Evol.*, 52:989-997.
- REDDY, O. U. K., PEPPER, A.E., ABDURAKHMONOV, I.Y., SAHA, S., JENKINS, J.H., BROOKS, T., BOLEK, Y., EL-ZIK, K.M. 2001. New Dinucleotide and Trinucleotide Microsatellite Marker Resources for Cotton Genome Research. *J Cotton Sci.*, 5:103-113.
- SENIOR, L.M., MURPHY, J.P., GOODMAN, M.M., STUBER, C.V. 1998. Utility of SSRs for Determining Genetic Similarities and Relationships in Maize Using an Agarose Gel System. *Crop Sci.*, 38:1088-1098.
- SMITH, J.S.C., CHIN, E.C.L., SHU, H., SMITH, O.S., WALL, S.J., SENIOR, M.L., MITCHELL, S.E., KRESOVICH, S., ZIEGLE, J. 1997. An Evaluation of the Utility of SSR Loci as Molecular Markers in Maize (*Zea mays* L.) Comparisons with Data from RLFPs and Pedigree. *Theor Appl Genet.*, 95:163-173.
- SMITH, J.S.C., SMITH, O.S. 1992. Fingerprinting Crop Varieties. *Adv. Agron.*, 47:85-140.
- SUDUPAK, M.A., AKKAYA, M.S., KENCE, A. 2002. Analysis of Genetic Relationships Among Perennial and Annual Cicer Species Growing in Turkey Using RAPD Markers. *Theor Appl Genet.*, 105:1220-1060.
- TABAR, M. V., CHANDRASHEKARAN, S., RANA, M.K., BHAT, K.V. 2004. RAPD Analysis of Genetic Diversity in Indian Tetraploid and Diploid Cotton (*Gossypium* spp.). *J Plant Biochem Biotechnol.*, 13:81-84.

- TATINENI, V., CANTREII, R.G, DAVIS, D.D. 1996. Genetic Diversity in Elit Cotton Germplasm Determined by Morphological Karactiristics and RAPDs. *Crop Sci.*, 36:186-192.
- VAN BECELAERE, G., LUBBER, E.L., PATERSON, A.H., CHEE P.W. 2005. Pedigree- vs. DNA Marker-Based Genetic Similarity Estimates in Cotton. *Crop Sci.*, 45(6): 2281-2287.
- VAN ESBROECK, G.A., BOWMAN, D.T., MAY O.L., CALHOUN, D.S. 1999. Genetic Similarity Indices for Ancestral Cotton Cultivars and Their Impact on Genetic Diversty Estimates of Modern Cultivars. *Crop Sci.*, 39:976-984.
- WANG, X.F., ZHANG, G.Y., LI, X.H., LI, R.Q., LI, A.L., MA, Z.Y. 2004. AFLP Analysis of Cotton with Fusarium and Verticillium Wilts from the Huanghe and Changjiang Valleys. *Yi Chuan Xue Bao*, 31(12):1426-33.
- WENDEL, J.F., BRUBAKER, C.L, PERCIVAL A.E. 1992. Genetic Diversity in *Gossypium hirsutum* and The Origin of Upland Cotton. *Am J Bot.*, 79:1291-1310.
- WENDEL, J.F. 2000. Genome evolution in polyploids. *Plant Mol Biol.*, 42:225–249.
- WESTENGEN, O. T., HUAMAN, Z, HEUN, M. 2005. Genetic Diversity and Geographic Pattern in Early South American Cotton Domestication. *Theor Appl Genet.*, 110(2):392-402.
- WU, Y.T., ZHANG, T.Z., YIN, J.M. 2001. Genetic Diversity Detected by DNA Markers and Phenotypes in Upland Cotton. *Yi Chuan Xue Bao*. 28(11):1040-50.
- YANG X.Q., LIU P., HAN Z.F., NI Z.F., LIU W.O., SUN Q.X. 2005. Comparative Analysis of Genetic Diversity Revealed by Genomic-SSR, ETS-SSR and Pedigree in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Yi Chuan Xue Bao*. 32(4):406-416.
- YOUNG, N.D. 1999. A Cautiously Optimistic Version for Marker-Assisted Breeding. *Mol Breed.*, 5:505-510.
- ZHANG J.F., LU Y.Z., YU S.X. 2005. Cleaved AFLP (cAFLP), a Modified Fragment Length Polymorphism Analysis for Cotton. *Theor Appl Genet.*, 111(7):1385-1395.
- ZHANG, J.F., LU, Y., ADRAGNA, H., HUGHS, E. 2005a. Genetic Improvement of New Mexico Acala Cotton Gerplasm and Their Genetic Diversity. *Crop Sci.*, 45:2363-2373.
- \_\_\_\_\_2005b. Molecular Marker Diversity and Field Performance in Commercial Cotton Cultivars Evaluated in The Southwestern USA. *Crop Sci.*, 45:1483-1490.

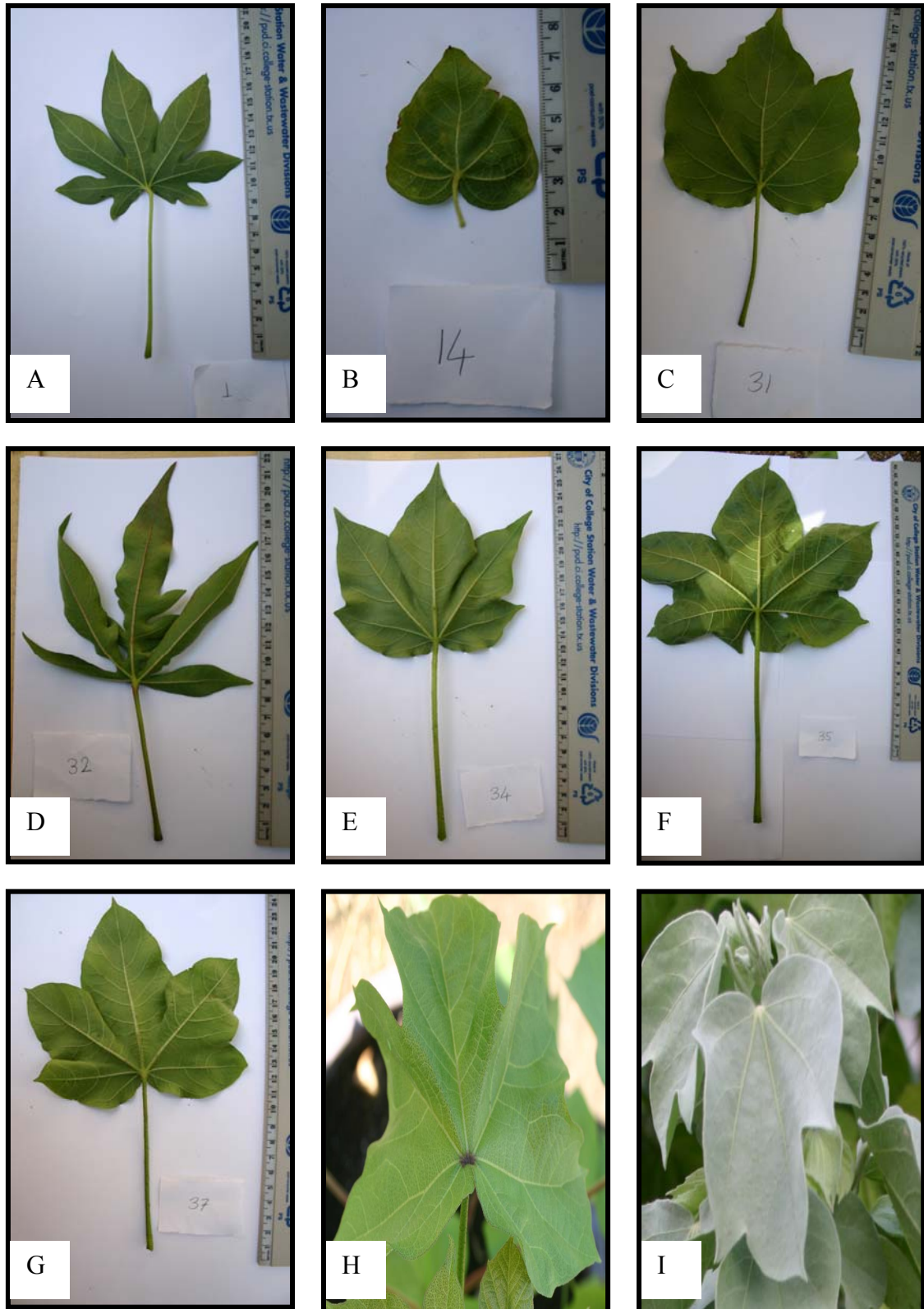
- ZHANG, J., STEWART, Mc.D. 2000. Economical and Rapid Method for Extracting Cotton Genomic DNA. *The Journal of Cotton Sci.*, 4:193-201.
- ZHANG, T.Z., YUAN, Y., YU, J., GUO, W., KOHEL, R.J. 2003. Molecular Tagging of a Major QTL for Fiber Strength in Upland Cotton and its Marker-Assisted Selection. *Theor Appl Genet.*, 106: 262-268.
- ZHONG, M., MCCARTY, J.C., JENKINS, J.N., SAHA, S. 2002. Assessment of Day-Neutral Backcross Populations of Cotton Using AFLP Markers. *The Journal of Cotton Sci.*, 6:97-103.
- ZUO, K.J., SUN, J.Z., ZHANG, J.F., NIE, Y.C., LIU, J.L. 2000. Genetic Diversity Evaluation of Some Chinese Elite Cotton Varieties with RAPD Markers. *Yi Chuan Xue Bao*, 27(9):817-823.

## EKLER

Ek Şekil 1. *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. Türlerine Ait Pamuklarda Bitki BoyuEk Şekil 2. *G. barbadense* L. (A) ve *G. hirsutum* L. (B) Türlerine Ait Pamuklarda Yaprak Yapısı



Ek Şekil 3. Pamuk Genotiplerinde Çiçek, Koza ve Lif Durumlarının Karşılaştırılması (A= Solda *G. hirsutum* L. çiçeği ve sağda *G. barbadense* L. çiçeği; B= Sağda *G. barbadense* L. kozası ve sağda *G. hirsutum* L. kozası; C= *G. hirsutum* L. türü içerisinde yer alan farklı genotiplerde lif rengi; D= *G. hirsutum* L. türünde dünyada büyük ölçüde tarımı yapılan açmış Upland pamuk kozası; E= Kahverengi lif rengi; F= Lifsiz tohum taşıyan koza örneği).



Ek Şekil 4. Yabani Pamuk Türlerine Ait Hatların Yaparak Şekilleri (A= *G. herbaceum* L., B= *G. harknesii* Brandg, C= *G. hirsutum* var. *yucatanense*, D= *G. lanceolatum* Tod, E= *G. hirsutum* var. *marie galante*, F= *G. barbadense* L., H= *G. darwinii* Watt, I= *G. incanum* Schwartz) Hillc.)



Ek Şekil 5. *G. herbaceum* L. Pamuk Türünün Bitki Formu, Yaprak ve Çiçeği



Ek Şekil 6. *G. nandewarensis* (Derara) Fryx Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 7. *G. hirsutum* var. *yucatanense* Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 8. *G. harknesii* Brandg Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 9. *G. incanum* (Schwartz) Hillc. Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 10. *G. lanceolatum* Tod. Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 11. *G. hirsutum* var. *marie galante* Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 12. *G. barbadense* L. Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 13. *G. mustelinum* Miers ex Watt Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli



Ek Şekil 14. *G. darwinii* Watt Pamuk Türünün Bitki Formu ve Yaprak Şekli

**ÖZGEÇMİŞ**

1981 yılında Osmaniye'nin Düziçi ilçesinde doğdum. İlk ve orta öğrenimini Osmaniye Yunus Emre İlköğretim okulunda tamamladıktan sonra Osmaniye Atatürk Lisesinden 1999 yılında mezun oldum. 2000 ÖSS ile Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fak. Bitkisel Üretim Bölümünü kazandım. 2004 Yılında Tarla Bitkileri Alt Programından mezun oldum. Yine aynı yıl KSÜ Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim dalında Yüksek Lisansa başladım.