

EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

(DOKTORA TEZİ)

**DOĞAL YEŞİL RENKLİ PAMUKTA (*Gossypium
hirsutum* L.) LİF RENK GENLERİNİ KONTROL EDEN
DNA MARKIRLARININ BELİRLENMESİ VE
QUANTITATIVE TRAIT LOCUS (QTL) ANALİZİ**

Devrim SEMİZER CUMING

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

Biyomühendislik Anabilim Dalı

Bilim Dalı Kodu: 612.01.00

Sunuş Tarihi: 28.01.2011

Bornova /İZMİR

2011

Devrim SEMİZER CUMING tarafından doktora tezi olarak sunulan “Doğal Yeşil Renkli Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) Lif Renk Genlerini Kontrol Eden DNA Markırlarının Belirlenmesi ve Quantitative Trait Locus (QTL) Analizi” başlıklı bu çalışma E.Ü. Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi'nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve .../.../2011 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

Jüri Üyeleri:**Jüri Başkanı**

:

Raportör Üye

:

Üye

:

Üye

:

Üye

:

İmza

:

:

:

:

:

ÖZET

**DOĞAL YEŞİL RENKLİ PAMUKTA (*Gossypium hirsutum* L.)
LİF RENK GENLERİNİ KONTROL EDEN DNA MARKIRLARININ
BELİRLENMESİ VE
QUANTITATIVE TRAIT LOCUS (QTL) ANALİZİ**

SEMİZER CUMING, Devrim

Doktora Tezi, Biyomühendislik Bölümü

Tez Yöneticisi: Doç. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

Ocak 2011, 95 sayfa

Bu çalışmada, doğal yeşil renkli pamukta lif renk genlerini kontrol eden DNA markırlarının belirlenmesi amacıyla, farklı lif rengi ve lif fiziksel özelliklerine sahip *G. hirsutum* (Yeşil) ve *G. hirsutum* (Nazilli 84) çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen F₂ popülasyonunda genetik haritalama yapılmış ve lif rengi değerleri (L, a, b, ΔL, Δa, Δb, ΔE) ile bazı lif fiziksel özellikleri (uzunluk, uniformite ve elastikiyet) ile ilgili QTL'ler belirlenmiştir.

94 bitkiden oluşan F₂ popülasyonu ile elde edilen genetik bağlantı haritası, 123 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) markırı ile 27 bağlantı grubundan oluşan 2068,5 cM uzunluğunda bir harita olup, haritada iki markır arasındaki ortalama uzaklık 16,8 cM'dir. Tek Markır Analizi kullanılarak 11 bağlantı grubunda lif rengi ve lif fiziksel özellikleri ile ilgili 43 QTL belirlenmiştir: Lif uzunluğu ile ilgili 4 QTL, lif uniformitesi ile ilgili 2 QTL, lif elastikiyeti ile ilgili 2 QTL, L değeri ile ilgili 5 QTL, a değeri ile ilgili 4 QTL, b değeri ile ilgili 4 QTL, ΔL değeri ile ilgili 8 QTL, Δa değeri ile ilgili 4 QTL, Δb değeri ile ilgili 4 QTL ve ΔE değeri ile ilgili 6 QTL. Lif renk değerleri ile ilgili QTL'ler fenotipik varyasyonu % 7,8-14,6 arasında açıklarken, lif fiziksel özellikleri ile ilgili QTL'ler fenotipik varyasyonu % 5,9-14,7 arasında açıklamıştır. Belirlenen bu QTL'lerin ileride ıslah sürecinin kısaltılması amacıyla pamuk ıslah programlarında markır yardımcı seleksiyonda kullanılmaları mümkündür.

Bunun yanında, F₂ açılım popülasyonunda yeşil lif rengine ve uzun liflere, yeşil lif rengine ve yüksek düzgünlükte liflere ve yeşil lif rengine ve yüksek elastikiyette liflere sahip olan rekombinant bireyler elde edilmiştir. Bu bireylerin ileride yeni pamuk çeşitlerinin geliştirilmesinde kullanılması mümkündür.

Anahtar sözcükler: AFLP, genetik bağlantı haritası, *G. hirsutum* L., QTL.

ABSTRACT**IDENTIFICATION OF DNA MARKERS
CONTROLLING FIBER COLOR GENES IN NATURAL GREEN
COLORED COTTON (*Gossypium hirsutum* L.) AND
QUANTITATIVE TRAIT LOCUS (QTL) ANALYSIS**

SEMİZER CUMING, Devrim

PhD Thesis, Department of Bioengineering

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Bahattin TANYOLAÇ

January 2011, 95 pages

In this research, in order to identify the DNA markers controlling the fiber color genes in natural green colored cotton, genetic mapping was performed on F₂ population developed from the progeny of the interspecific cross *G. hirsutum* (Yeşil) and *G. hirsutum* (Nazilli 84) which have different fiber colors and fiber quality traits, and QTLs for fiber color parameters (L, a, b, ΔL, Δa, Δb, ΔE) and some fiber quality traits (length, uniformity and elongation) were identified.

The resulting genetic linkage map constructed from F₂ segregating population containing 94 plants comprised of 123 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) markers and 27 linkage groups, covering 2068.5 cM with an average distance of 16.8 cM between two markers. Fortythree QTLs for fiber color parameters and fiber quality traits were identified in 11 linkage groups by Single Marker Analysis: 4 QTLs for fiber length, 2 QTLs for fiber uniformity, 2 QTLs for fiber elongation, 5 QTLs for L, 4 QTLs for a, 4 QTLs for b, 8 QTLs for ΔL, 4 QTLs for Δa, 4 QTLs for Δb and 6 QTLs for ΔE. The QTLs identified for fiber color parameters explained 7,8-14,6 % of the phenotypic variation while the QTLs for fiber quality traits explained 5,9-14,7 % of the phenotypic variation. These QTLs can be used in cotton breeding program as a part of marker assisted selection to shorten the breeding period in the future.

Besides, some recombinant individuals having green fiber color and long fiber length, green fiber color and high fiber uniformity and green fiber color and high fiber elongation were detected in F₂ segregating population. These individuals can be used to develop new cotton varieties in the future.

Keywords: AFLP, genetic linkage mapping, *G. hirsutum* L., QTL.

TEŐEKKÜR

Bu alıŐma TUBİTAK Proje No: 1040589 erevesinde gerekleŐtirilmiŐtir. Desteklerinden dolayı TUBİTAK'a teŐekkür ederim. Ayrıca, alıŐmada zellikle genetik materyalin retilmesi ve fenotipik analizlerin yapılmasında emeĐi geen Dr. Filiz ALTAN'a da teŐekkürü bir bor bilirim.

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
KABUL VE ONAY SAYFASI.....	iii
ÖZET	v
ABSTRACT	vii
TEŞEKKÜR	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ	xv
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xix
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	6
3. MATERYAL VE METOT	15
3.1. Materyal.....	15
3.2. Metot.....	15
3.2.1. Melez kombinasyonuna ait tohumların serada yetiştirilmesi	15
3.2.2. Lif fiziksel özelliklerine ilişkin fenotipik analizler	15
3.2.3. Ebeveyn ve F ₂ bitkilerinden DNA'nın izole edilmesi	16
3.2.4. DNA saflıklarının analiz edilmesi ve miktarlarının ölçülmesi.....	17
3.2.5. AFLP analizleri.....	17

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
3.2.8. DNA markır analizi sonuçlarının skorlanması.....	21
3.2.9. Bağlantı haritalarının oluşturulması.....	22
3.2.10. QTL analizleri.....	22
4. BULGULAR.....	23
4.1. Genetik Materyalin Üretilmesi.....	23
4.2. Lif Fiziksel Özelliklerine İlişkin Fenotipik Analizler.....	24
4.2.1. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ generasyonunda lif uzunluğu, lif uniformitesi ve lif elastikiyeti özellikleri ile ilgili fenotipik açılmalar	24
4.2.2. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ generasyonunda lif rengi değerleri ile ilgili fenotipik açılmalar	27
4.2.3. Frekans grafikleri	30
4.2.4. İstatistik veriler	31
4.2.5. X ² ve kalıtım analizleri	32
4.2.6. Korelasyon analizleri	34
4.3. Lif Fiziksel Özelliklerine İlişkin Genotipik Analizler	35
4.3.1. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ generasyonunda genotipik açılmalar.....	35
4.4. Genom Haritalama Çalışmaları.....	38

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
4.4.1. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda genom haritalama	38
4.5. QTL Analiz Çalışmaları	47
4.5.1. Lif uzunluğu ile ilgili QTL analizi	47
4.5.2. Lif uniformitesi ile ilgili QTL analizi	48
4.5.3. Lif elastikiyeti ile ilgili QTL analizi	49
4.5.4. L değeri ile ilgili QTL analizi	49
4.5.5. a değeri ile ilgili QTL analizi	50
4.5.6. b değeri ile ilgili QTL analizi	51
4.5.7. ΔL değeri ile ilgili QTL analizi	51
4.5.8. Δa değeri ile ilgili QTL analizi	52
4.5.9. Δb değeri ile ilgili QTL analizi	53
4.5.10. ΔE değeri ile ilgili QTL analizi	54
5. TARTIŞMA	56
6. SONUÇ VE ÖNERİLER	75
EK AÇIKLAMALAR	77
EK AÇIKLAMALAR-A	77

İÇİNDEKİLER (devam)

	<u>Sayfa</u>
EK AÇIKLAMALAR-B	78
EK AÇIKLAMALAR-C.....	79
EK AÇIKLAMALAR-D.....	80
EK AÇIKLAMALAR-E	81
KAYNAKLAR DİZİNİ	82
ÖZGEÇMİŞ	94

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
4.1. Seradan görüntüler a) Yeşil ebeveyn, b) Nazilli 84 ebeveyn, c) Yeşil x Nazilli 84 F ₁ bitkilerinin çiçekli formu, d) Yeşil x Nazilli 84 F ₁ bitkilerinin pamuklu formu, e) Açılım gösteren F ₂ popülasyonu bireyleri, f) Açılım gösteren F ₂ popülasyonu bitkilerinin çiçekli formu.	23
4.2. Yeşil x Nazilli 84 melezi F ₂ generasyonunda lif uzunluğu değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.....	30
4.3. Yeşil x Nazilli 84 melezi F ₂ generasyonunda lif uniformitesi değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.....	31
4.4. Yeşil x Nazilli 84 melezi F ₂ generasyonunda lif elastikiyeti değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.....	31
4.5.a. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F ₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAAEEAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü.....	36
4.5.b. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F ₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAAEEAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü.....	37

ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
4.6. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F ₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAGEAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü.	37
4.7. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F ₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAAEEAAC(700) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü.	38
4.8.a. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).	39
4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).	40
4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).	41
4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).	42
4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).	43

ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
4.8.b. Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (minör gruplar).	43
4.8.b. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F ₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (minör gruplar).	44

ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
3.1. AFLP analizlerinde kullanılan primer kombinasyonları.	20
3.2. Primer kombinasyonları ile elde edilen polimorfik DNA bantlarının skorlanmasına ait örnek Excel dosyası.	21
4.1. Ebeveynler ile F ₂ generasyonu bireylerinin lif fiziksel özelliklerine ait ölçüm sonuçları.	24
4.2. Ebeveynler ile F ₂ generasyonu bitkilerinin lif rengi değerleri ölçüm sonuçları.	27
4.3. Yeşil x Nazilli 84 melezi F ₂ bireylerinin lif fiziksel özelliklerine ilişkin değerlerin minimum, maksimum, ortalama, varyans, standart sapma ve değişim katsayısı (CV) değerleri.	32
4.4. F ₂ popülasyonunda lif rengi dağılımı için X ² analiz sonuçları.	32
4.5. F ₂ popülasyonunda lif elastikiyeti özelliği için X ² analiz sonuçları.	33
4.6. F ₂ popülasyonunda lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili korelasyon tablosu.	35
4.7. F ₂ generasyonunda polimorfizm gösteren AFLP primer kombinasyonları ve polimorfik bant sayıları.	36
4.8. F ₂ popülasyonu ile elde edilen genom haritasında yer alan majör ve minör bağlantı grupları ve özellikleri.	46

ÇİZELGELER DİZİNİ (devam)

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
4.9. Tek Markır Analizi sonucu lif uzunluğu ile ilgili elde edilen bulgular.	48
4.10. Tek Markır Analizi sonucu lif uniformitesi ile ilgili elde edilen bulgular.	48
4.11. Tek Markır Analizi sonucu lif elastikiyeti ile ilgili elde edilen bulgular.	49
4.12. Tek Markır Analizi sonucu L değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	50
4.13. Tek Markır Analizi sonucu a değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	50
4.14. Tek Markır Analizi sonucu b değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	51
4.15. Tek Markır Analizi sonucu ΔL değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	52
4.16. Tek Markır Analizi sonucu Δa değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	53
4.17. Tek Markır Analizi sonucu Δb değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	53
4.18. Tek Markır Analizi sonucu ΔE değeri ile ilgili elde edilen bulgular.	54
4.19. Lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili QTL'lerin sayısı ve fenotipik varyasyonu açıklama oranları (% R ²).	55

1. GİRİŞ

Dünya genelindeki en önemli doğal tekstil lifi ve dünyanın altıncı büyük bitkisel yağ kaynağı pamuktur. Geçmişte sentetik liflerin kullanımında bir miktar artış görülmüşse de günümüzde pamuğa olan talep gittikçe artmaktadır. Diğer yandan, artan taleple birlikte pazardaki rekabet de artmıştır. Bu nedenle pamuk yetiştiricileri, birim alandan elde edilen pamuk miktarını artırmanın yanında daha yüksek fiyattan satılabilecek kalitede pamuk üretme çabası içindedirler. Kuraklık toleransı, lif kalitesi ve uniformitesi gibi özellikler gelecekte pamuk ıslahında çok daha yüksek öncelik taşıyacaktır. Ancak bu konuda pamuk üreticilerini bekleyen zorluk, verim ve lif kalitesi gibi ekonomik olarak önem taşıyan özelliklerin, birbirleriyle etkileşim içinde olan birçok gen tarafından kontrol edilen fenotipik olarak karmaşık özellikler olmasıdır (Ulloa et al., 2007).

Pamuk (*Gossypium spp.*), Malvaceae familyasının *Gossypium* cinsine aittir. Pamuğun anavatanı konusunda tam bir kesinlik bulunmamakla birlikte, Asya, Amerika ve Afrika'nın sıcak bölgelerinden Dünya'ya yayıldığı tahmin edilmektedir (Hussein et al., 2007). 45-50 türden oluşan *Gossypium*'un 40-45 türü diploid ($2n=26$) ve 5'i ise allotetraploiddir ($2n=52$). *Gossypium* türleri, kromozom eşleşme eğilimlerine göre A-G ve K olarak gösterilen sekiz genom grubunda gruplanmıştır (Zhang et al., 2008; Endrizzi et al.'dan, 1984). Tetraploid seviyede 5 tür, genom yapılarına göre (AD)₁-(AD)₅ olarak ifade edilmektedir. Filogenetik analizlerde de diploid pamuk türleri 13 D genom ve 30-32 A, B, C, E, F, G ve K genom olmak üzere iki ana kökünde, poliploid türler ise bir kökünde, 5 AD genom olarak gruplandırılmıştır (Zhang et al., 2008). 1,3-1,7 milyon yıl önce bir A genomu bitkisinin bir D genomu bitkisi tarafından döllenmesi ile AD diploid hibriti oluşmuş ve tek bir poliploidizasyon olayı sonucunda A genomu sitoplazması ile bir AD allotetraploidi meydana gelmiştir (Ulloa et al., 2007; Wendel et al.'dan, 1989). Bu nedenle, tüm tetraploid türler allopoliploiddir ve muhtemelen tek bir A x D poliploidizasyon olayı ile meydana gelmişlerdir (Myers et al., 2009; Endrizzi et al.'dan, 1985). Diploid *Gossypium* türleri 13 çift kromozoma sahipken tetraploid türler 26 kromozom çiftine sahiptirler. Haploid çekirdek DNA'sı miktarları (1C) 980-3425 Mb arasındadır (Ulloa et al., 2007; Edwards et al.'dan, 1974). A genomu çekirdek DNA'sının uzunluğu yaklaşık

1860 Mb, daha küçük olan D genomunun uzunluğu yaklaşık 980 Mb, AD tetraploidlerinin genom uzunluğu ise yaklaşık olarak 2835 Mb'dir (Ulloa et al., 2007).

Bugün *Gossypium* türlerinden dördü tarımda yetiştirilmektedir. Bunlar allotetraploid olan ve yenedünya pamukları olarak anılan *G. hirsutum* ve *G. barbadense* ile diploid olan ve eski dünya pamukları denilen *G. herbaceum* ve *G. arboreum*'dur. Upland pamuk, uzun lifli pamuk veya Meksika pamuğu olarak da bilinen *G. hirsutum*, dünya pamuk üretiminin % 90'ından fazlasına, ada pamuğu, ekstra uzun lifli pamuk, Amerikan Pima veya Mısır pamuğu olarak bilinen *G. barbadense* ise dünya pamuk üretiminin % 8'ine katkıda bulunmaktadır. Bununla birlikte, doğu Akdeniz ülkesi pamuğu olarak bilinen *G. herbaceum* ve ağaç pamuğu olarak bilinen *G. arboreum* beraberce dünya pamuğunun % 2'sini oluşturmaktadır (Zhang et al., 2008). Ülkemiz pamuklarının % 99,5'i *G. hirsutum* türü pamuklardır (Gürel ve ark., 2000).

Pamukta doğal lif rengi, bitkinin kalıtsal genetik özelliğinden kaynaklanmaktadır. Renkli pamuğun tonları, iklim ve toprak çeşitliliği, mevsimsel ve coğrafi koşullara göre değişmektedir (Dickerson ve ark., 1999; Gürel ve ark., 1999). Upland pamuk lifleri çoğunlukla beyaz ve pigmentsizdir. Doğal renkli pamuklar ise yeşil, kahverengi ve kırmızı gibi farklı renkleri ile pigmentli liflerdir. Yeşil ve kahverengi lifli pamuk çeşitleri dünyada halen yetiştirilen başlıca renkli pamuklardır (Zhu et al., 2006; Zhao et al., 2009).

Tekstil ve boya endüstrilerindeki hızlı teknolojik ilerlemeler beraberinde önemli çevre problemlerini de getirmektedir. Beyaz lifli pamuğun renklendirilmesi için yapılan ağartma ve boyama işlemleri sırasında ağır metaller de içeren kimyasallar kullanılmaktadır. Tekstilin yıllık dünya üretiminin 30 milyon ton olduğu, bunun için yılda ortalama 7×10^5 tonun üzerinde yaklaşık 10.000 farklı boyanın üretilmekte olduğu ve ürünlerin her kilogramı başına 40-65 litre atıksu olduğu düşünüldüğünde, bu işlemlerin çevre ve insan sağlığı üzerindeki olumsuz etkileri kolayca anlaşılabilir. Çünkü bu kimyasalların büyük bir çoğunluğu toksik ve kanserojendir, aynı zamanda alerjilere, deri rahatsızlıklarına ve diğer sağlık problemlerine de neden olurlar (Kaykıoğlu and

Debik, 2006; Dutt et al., 2004). Bunun yanında, gerek boyar maddelerin alımı ve gerekse oldukça güç olan atıksuların arıtılması için gereken maliyet düşünüldüğünde, boyama işlemlerinin tekstil sanayinin girdi maliyetlerini artırdığı anlaşılmaktadır.

Diğer yandan, Dünyada son yıllarda çevre dostu yaklaşımlar ve üretim stratejilerinin giderek artan bir önem kazanmasına bağlı olarak doğal renkli pamuk üretimi de önem kazanmış ve doğal renkli pamukların “yeşil tekstil” nitelendirmesi ile tekstilde kullanımları artış göstermiştir (Zhu et al., 2006; Ajuha et al., 2009). Organik ve doğal renkli pamuk liflerinin, kumaş ve giysi üretimi ile ilgili bazı firmalar ve üreticiler tarafından el sanatları, örgü, gömlek, süveter, çorap, havlu, iç çamaşırı ve diğer giyim eşyaları, ev dekorasyonları ve mefruşat alanlarında kullanılabilirlikleri gösterilmiştir (Vreeland, 1996). Bununla birlikte, son yıllarda renkli pamuk lifleri, doğal alevlenme geciktirici karakteristikleri ve yıkandıktan sonra rengin koyulaşması gibi benzersiz bazı özellikleri nedeniyle de ilgi çekmektedirler (Zhang et al., 2009). Ancak, bugün ticareti yapılan beyaz pamuk lifleri ile karşılaştırıldığında, renkli pamuk liflerinin biyokimyasal ve mineral kompozisyonlarının ve pH değerlerinin farklı olduğu belirlenmiştir. Gerek selüloz, N, P, K gibi mineraller ve gerekse pH içeriğindeki değişkenlik pamuk lif kalitesini olumsuz yönde etkilemektedir. Doğal renkli pamuktaki lif veriminin ve kalitesinin (lifler sıklıkla kısa, zayıf ve pürüzlü) düşük olması nedeniyle liflerin makinelerde eğrilmesinde güçlükler yaşanması ve boya maddelerinin ucuz temin edilebilmesi bu pamukların tekstilde kullanımlarını yetersiz kılmıştır (Dutt et al., 2004; Gürel ve ark., 1999). Diğer yandan, renkli pamuklardaki renk saflığının yetersiz olması, rengin kalıcı ve doymuş olmaması da renkli pamukların tekstilde kullanımını kısıtlayan etkenlerdendir. Doğal pigmentasyon ile verim ve lif kalitesi arasındaki negatif korelasyonun geleneksel melezleme ve seleksiyon ile kırılması oldukça zordur (Zhao et al., 2009). Bu nedenle, bitki genetik mühendisliğindeki son gelişmeler renkli pamuğun lif kalitesinin iyileştirilmesi için alternatif bir yaklaşım sunmaktadır (Zhu et al., 2006).

Dünya genelinde pamuk araştırmacılarının temel amacı, hem verim hem de lif kalitesini genetik olarak iyileştirmektir. Yapılan araştırmaların çoğu ilgilenilen agronomik ve lif özelliklerinin birbirleriyle negatif ilişkili olduklarını

ve çevreye duyarlı birçok kantitatif gen tarafından kontrol edildiklerini göstermiştir (Zhao et al., 2009). Ancak, klasik ıslah yöntemleri ile yapılan çalışmalarda ıslah süresi uzun ve verim düşüktür. Modern moleküler markırlar ile yapılan araştırmalar ise kantitatif özelliklerin ıslahı için hızlı ve etkilidir. DNA markırları kullanılarak moleküler bağlantı haritalarının oluşturulması, bitki moleküler ıslahı için önemli bir araçtır çünkü DNA markırları tarafsız, epistatik etkileri olmayan ve Mendel karakterlerini basitçe kalıtan özelliklere sahiptirler. Son on yılı aşkın bir zamandır pamuk moleküler araştırmacıları lif uzunluğu, mukavemeti, inceliği gibi lif kalitesi özellikleri, verim, hastalığa dayanıklılık gibi çalışmalarda moleküler markır yöntemlerini kullanmaktadır. Bu çalışmalarda kullanılan markır tekniklerinden bazıları; SSR (Simple Sequence Repeats) (Qin et al., 2008; Wu et al., 2009), AFLP (Myers et al., 2009), IT-ISJ (Intron Targeted Intron-Exon Splice Junction) (Zheng et al., 2008)'dir.

İlgilenilen özellikle yakın ilişkili DNA markırlarının kullanımı, markır yardımcı seleksiyon yoluyla ıslah amacına ulaşmak için önemli bir yaklaşımdır (Wu et al., 2009). Böylelikle, kantitatif özellik lokusları ile yakın ilişkili moleküler markırların kullanılması ile QTL'lerin seçilerek ıslahın etkinliğinin artırılması (Zheng et al., 2008), daha erken generasyonlarda istenilen özelliklere sahip bitkilerin belirlenmesi ve ticari olarak kullanılan çeşitlere istenilen özellikleri taşıyan gen bölgelerinin kombine edilmesi sağlanabilmektedir (Yüce, 2005; Collard et al., 2005). Bu amaca ulaşabilmek için moleküler markırlar kullanılarak pamuk genom haritalarının oluşturulması, lif rengi ve kalitesi ile ilgili genlerle ilişkili olan DNA markırlarının tespit edilmesi gereklidir. Böylece, istenen lif kalitesine sahip renkli pamuk çeşitlerinin elde edilmesi mümkün olabilecek, tekstilde kullanılan boya miktarı ile maliyeti azalacak ve pamuk üretiminin çevreye verdiği zarar önemli ölçüde azaltılmış olacaktır.

Diğer yandan pamuk lif rengi ile ilgili moleküler genetik araştırmalara bakıldığında; Murthy'de (2000), lif renk gen(ler)inin pleiotropik olduğu, yani birden fazla özelliği kontrol ettiği, Silow (1944), Endrizzi ve Kohel (1966) ve Kohel'de (1985), lif renginin Lc1, Lc2, Lc3, Lc4, Lc5 ve Lc6 olmak üzere altı lokusta yer alan bir grup gen tarafından kontrol edildiği ve Fletcher'da (1907) pamukta rengin beyaza göre baskın olduğu rapor edilmiştir (Dutt ve ark., 2004).

Ayrıca, kahverenkli liflerin *G. hirsutum* ve *G. barbadense*'de ayrı lokuslarca belirlendiği Kohel ve Lewis (1984) tarafından, Teksas yeşili ile kahverengi lif renklerinin her birinin tamamlanmamış dominant tek bir gen tarafından kontrol edildiği de Richmond (1943) tarafından bildirilmiştir (Dutt ve ark., 2004). Dutt ve ark.'nda (2004) ise renkli pamuğun tek bir Lc1 dominant gen tarafından kontrol edildiği rapor edilmiştir. Bu nedenle, pamuk renk genleri ile ilgili daha fazla araştırma yapılması bilimsel açıdan önem taşımaktadır.

Bu çalışma ile amacımız DNA markırlarını kullanarak farklı lif rengi ve lif fiziksel özelliklerine sahip *G. hirsutum* (Yeşil) ve *G. hirsutum* (Nazilli 84) melez popülasyonunda tür içi genetik haritalama yaparak lif rengi ile bazı lif kalitesi özellikleri ile ilişkili QTL'leri saptamaktır. Belirlenen QTL'lerin ileride markır yardımlı seleksiyonda kullanılması ile erken generasyonlarda lif kalitesi iyi olan doğal yeşil renkli pamukların elde edilmesi mümkün olabilecektir.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Bugün moleküler genetikteki gelişmeler, verim, adaptasyon, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık gibi ekonomik özellikler yönünden bitki ıslahçılarında hızlı ve doğru karar vermede alternatif yaklaşımlar getirmektedir. Moleküler markırlar kompleks kalıtmı özellikleri etkileyen QTL'lerin belirlenmesi, seleksiyon ve haritaya dayalı klonlama için önemli araçlardır (Tanksley and Hewitt, 1988; Park et al., 2005). Geleneksel ıslah uygulamalarına alternatif olarak günden güne gelişen moleküler markır teknikleri, çevre faktörlerinden etkilenmemeleri, genetik deęişiklikleri daha fazla yansıtmaları, her bir ebeveynden gelen farklı karakterleri ortaya çıkarmaları, bitkilerin genetik orijininin belirlenmesine yardımcı olması ve çok sayıda markırın elde edilebilir olması nedeniyle önemli avantajlar sağlamaktadır (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Agronomik özelliklerle ilişkili moleküler markırlar hem üretimin etkinliğini artırmakta hem de para, zaman ve fenotipik denemelerin özneliği riskini azaltmaktadır (Ulloa et al., 2005). Bu nedenle moleküler markırlar, genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasında çok önemli araçlardır. Genetik bağlantı haritaları, moleküler markırların kalıtımı temeline dayanır. Markır, ilgilenilen bir karakteri kontrol eden gene ne kadar yakınsa, markır ve genin rekombinasyon ile birbirinden ayrılma ihtimali de o kadar düşük olacaktır. (Collard et al., 2005). Genetik bağlantı haritalarının pek çoğunda kullanılan DNA markırları; RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) (Shappley et al., 1998a, Ulloa and Meredith, 2000) gibi hibridizasyon temeline dayanan markırlar ve AFLP (Lacape et al., 2003; Mei et al., 2004), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Altaf et al., 1997), mikrosatellitler veya SSR (Shen et al., 2005; Han et al., 2006) gibi PCR (Polymerase Chain Reaction)'a dayalı markırlardır. Bunlardan RFLP'nin yoğun iş gücü gerektirmesi, çok miktarda DNA'ya gereksinim duyması ve otoradyografik metotları kullanması nedeniyle kullanımı tercih edilmemektedir (Varshney et al., 2007; Zhang et al., 2008).

Diğer yandan, bir bitki türünün genetik haritasının yapılması için ilk aşama, uygun ebeveynlerin seçilerek açılım popülasyonlarının hazırlanmasıdır. Bitkilerde genetik haritalama için genellikle üç çeşit haritalama popülasyonu kullanılmaktadır. Bunlar F₂, geriye melez (BC) ve rekombinant kendilenmiş hatlar

(RIL)'dir. Pamukta yapılan haritalama çalışmalarında bu popülasyonlardan F₂ ve geriye melez (tür içi veya türler arası) en çok kullanılan popülasyonlardır çünkü geniş RIL popülasyonlarını oluşturmak kolay değildir (Wu et al., 2009). Seçilen popülasyon tipi, lokus sayısı, çalışmanın kolaylığı, analiz maliyeti ile beraber altyapı markır sistemlerini etkileyen faktörleri oluşturmaktadır ve her moleküler markır yönteminin bazı avantaj ve dezavantajları mevcuttur (Jones et al., 1997).

Geçtiğimiz son on yılda pamuk genomunun yapısının anlaşılmasına yönelik çok sayıda çalışma yapılmıştır. 1994 yılından önce pamukta genetik bağlantı haritalama çalışmaları morfolojik markırların kullanımı ile kısıtlı iken, günümüzde diploid A genomu, D genomu ve tetraploid AD genomu için oldukça yüksek çözünürlüğe sahip moleküler genetik haritalar oluşturulabilir hale gelmiştir (Ulloa et al., 2007). Ancak, *G. hirsutum* ve *G. barbadense*'nin pamuk üretimi açısından dünyada baskın olan iki tür olması nedeniyle, bu türlerin genomları konusundaki çalışmalar diğer pamuk türlerine göre daha fazladır (Zhang et al., 2008).

Gossypium türünde yayınlanmış ilk genetik bağlantı haritası Reinisch ve ark. (1994) tarafından yapılmıştır. Genetik haritada *G. hirsutum* var. *palmeri* x *G. barbadense* K101 melezinden elde edilen 57 F₂ bireyi kullanılmıştır. 4675 cM (centimorgan) uzunluğundaki harita 683 RFLP markır ile oluşturulmuş olup 41 bağlantı grubu (LG) içermektedir. İki markır arasındaki yaklaşık uzaklık 6,8 cM'dir. Bu harita, tetraploid pamukta kromozomal organizasyon ve evrimsel açıdan yapılan ilk moleküler çalışmayı oluşturmuştur. Bu çalışmanın ardından Altaf ve ark. (1997) tarafından (*G. arboreum* x *G. trilobum*) x *G. hirsutum* melezinden elde edilen F₂ bireyleri ile 522 cM uzunluğunda, 11 LG içeren ve markırlar arasındaki yaklaşık uzaklık 16,8 cM olan bir genetik harita oluşturulmuştur. Bu haritada 194 AFLP, 19 RAPD ve 3 morfolojik markır olmak üzere toplam 216 markır kullanılmıştır. Bu çalışmaları takip eden yıllarda Brubaker ve ark. (1999) *G. herbaceum* x *G. arboreum* F₂ bireyleri ile diploid A genomuna ait ilk moleküler bağlantı haritasını, *G. trilobum* x *G. raimondii* F₂ bireyleri ile de diploid D genomuna ait ilk moleküler bağlantı haritasını oluşturmuşlardır. *G. tomentosum*'un ebeveyn olarak kullanıldığı tetraploid pamuğa ait ilk moleküler genetik bağlantı haritası Waghmare ve ark. (2005)

tarafından gerçekleştirilmiş, Ulloa ve ark. (2002) da, AD tetraploid genomuna ait ilk kompozit genetik bağlantı haritasını oluşturmuştur.

Günümüze kadar pamukta farklı melez kombinasyonları ve farklı markır teknikleri kullanılarak yapılmış pek çok haritalama çalışması mevcuttur. Brubaker ve Brown (2003), AFLP markırları ile *G. nelsonii* x *G. australe* melezinden elde ettikleri F₂ popülasyonunda 176 lokuslu 773 cM uzunluğunda bir genom haritası oluşturmuştur. Harita, diploid G genomuna ait ilk genetik harita olma özelliğine sahiptir. AFLP, SSR ve RFLP markırlarını kullanılarak Lacape ve ark. (2003), *G. hirsutum* x *G. barbadense* melezinden elde ettikleri BC₁ popülasyonunda 888 lokuslu 4400 cM uzunluğunda, Nyugen ve ark. (2004) *G. hirsutum* x *G. barbadense* melezlemesinden elde ettikleri BC₁ popülasyonunda 1160 lokuslu 5,519 cM uzunluğunda, Mei ve ark. (2004) *G. hirsutum* (Acala-44) x *G. barbadense* (Pima S-7) melezinden elde ettikleri F₂ popülasyonunda lif özellikleri ile ilişkili 392 lokus içeren 3287 cM uzunluğunda genom haritası oluşturmuşlardır.

Pamuk bitkisinde katlanmış haploid (DH) popülasyonu kullanılarak yapılan ilk moleküler genetik bağlantı haritası Zhang ve ark. (2002) tarafından gerçekleştirilmiştir. *G. hirsutum* (TM-1) ve *G. barbadense* (Hai7124) melezlemesinden elde ettikleri 58 DH bitkide SSR ve RAPD markırlarını kullanarak 624 markırın 489 tanesi ile 43 LG oluşturmuşlar ve genomun 3314,5 cM'lık kısmını belirleyebilmişlerdir. Song ve ark. (2005) da, *G. hirsutum* ve *G. barbadense* melezinden elde ettikleri DH popülasyonunu kullanarak 444 lokuslu 3263 cM uzunluğunda bir genom haritası elde etmişlerdir.

SSR markırları ile; Han ve ark. (2004), Song ve ark. (2005), Han ve ark. (2006), Guo ve ark. (2007), *G. hirsutum* x *G. barbadense* melezlemesinden elde ettikleri BC₁ popülasyonlarında, sırasıyla; 624 lokuslu 5644 cM uzunluğunda, 442 lokuslu 4331 cM uzunluğunda, 907 lokuslu 5060 cM uzunluğunda, 1790 lokuslu 3426 cM uzunluğunda genom haritası oluşturmuşlardır. Park ve ark. (2005) ve Frelichowski ve ark. (2006) *G. hirsutum* x *G. barbadense* melezlemesinden elde ettikleri RIL popülasyonlarında sırasıyla; 193 lokuslu 1277 cM uzunluğunda ve

433 lokuslu 2126 cM uzunluğunda genom haritası geliştirmişlerdir. Bu iki harita RIL kullanılarak yapılan ilk moleküler genetik harita olma özelliğini taşımaktadır.

Diğer yandan Rong ve ark. (2004), *Gossypium* genomunun diploid (D) ve tetraploid (AD) genetik haritasının oluşturulması amacıyla fonksiyonel ve çevresel genomik çalışmalar üzerinde durmuşlardır. Çalışmalarında, *G. hirsutum* (*palmeri*) x *G. barbadense* (K101) melezinden elde edilen F₂ bireyleri ile 4448 cM uzunluğunda 2584 STS (Sequence Tagged Sites) lokusu ve 26 LG içeren, iki markır arasındaki ortalama uzaklık 1,72 cM olan AD genom haritası oluşturulmuştur. Diğer yandan, *G. trilobum* x *G. raimondii* melezinden elde edilen F₂ bireyleri ile de 1493 cM uzunluğunda 763 STS lokusu ve 13 LG içeren, iki markır arasındaki ortalama uzaklık 1,96 cM olan D genomu haritası elde edilmiştir. Elde edilen bu haritalar ilk yüksek çözünürlüklü moleküler genetik haritalardır.

G. hirsutum genomunda ilk tür içi moleküler genetik bağlantı haritası Shappley ve ark. (1998a) tarafından yapılmıştır. 96 *G. hirsutum* (HS46 x MARCABUSCAG8US-1-88) F_{2,3} bireyi ile gerçekleştirilen harita 865 cM uzunluğunda, 120 RFLP lokusuna sahip, 31 LG içeren ve iki markır arasındaki ortalama uzaklık 7,2 cM olan bir haritadır. Ancak, her ne kadar 90'lı yılların başlarından itibaren yapılan araştırmalar *G. hirsutum* ve *G. barbadense* genomları arasındaki moleküler polimorfizm seviyesini bu türlerin tür içi polimorfizminden yüksek olduğunu göstermiş ve yapılan araştırmaların bir bölümünü bu doğrultuda yönlendirmiş olsa da (Lacape et al., 2009), türler arası hibrit popülasyonlarından elde edilen genetik bağlantı haritaları Upland pamuğun genetik ıslahı için yeterli bilgiye sahip değildir. Bu nedenle, Upland pamukta tür içi genetik bağlantı haritaları oluşturularak verim ve lif kalitesi ile ilgili QTL'ler de çalışılmaya başlanmıştır (Zheng et al., 2008).

Moleküler markırların en etkili kullanıldığı alan, birden çok gen tarafından idare edilen kantitatif karakterlerin ıslahı olmuştur. Bitki boyu, çiçeklenme zamanı, kardeşlenme, verim ve verim unsurları, kalite, bazı hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılık gibi birçok karakter kantitatif olarak idare edilmektedir ve bitki ıslahı çalışmaları açısından oldukça büyük öneme sahiptirler. Kantitatif

karakterlerin birden fazla lokustaki genler tarafından idare edilmeleri, her bir lokusun etki derecesinin farklı olması ve çevre şartlarından fazla etkilenmeleri nedeniyle klasik metotlarla ıslah çalışmalarında belirlenmeleri ve aktarılmaları oldukça zor ve uzun yıllar gerektirmektedir (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Pamuk lifinin tekstil endüstrisinde oldukça büyük öneme sahip olması nedeniyle, lif kalitesinin artırılması için moleküler markıra dayalı seleksiyonlar kullanılarak, lif özellikleri ile ilgili genlerin tanımlanması ve manipülasyonunda yeni QTL'lerin belirlenmesi önem taşımaktadır. Farklı moleküler markırların kombine edilmesi ile pamukta kompleks QTL karakterlerinin başarılı şekilde transferi ve etki derecelerinin belirlenmesi daha kolay hale gelmiştir (Shappley et al., 1998b; Ulloa and Meredith 2000; Zhang et al., 2003; Mei et al., 2004; Lacape et al., 2005; Zhang et al., 2008; An et al., 2010).

Pamukta türler arası melez popülasyonu ile elde edilen ve QTL çalışması için kullanılan ilk moleküler genetik bağlantı haritası Shappley ve ark. (1998b) tarafından gerçekleştirilmiştir. 24 LG'den oluşan harita ile 19 lif özelliğine ait 100 QTL haritalanmıştır. Shappley ve ark. (1998b) çalışmalarında bir özelliğin birden fazla QTL tarafından belirlendiğini açıklamışlardır. En yoğun ilişki gösteren QTL'lerin lif mukavemeti ve inceliği özellikleri ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir. 96 F_{2:3} bireyinden oluşan popülasyon ile oluşturulan haritada 129 prob-enzim kombinasyonu ile 138 RFLP lokusu saptamışlardır. Bu haritalama LOD 3'e göre yapılmıştır. Aynı yıl Jiang ve ark.'nın (1998) çalışmasında, pamuk ıslahında karmaşık özelliklerin manipülasyonuna yardımcı olabilmek için RFLP markırı kullanarak *G. hirsutum* x *G. barbadense* melezinde 14 QTL belirlenmiştir.

Bununla birlikte, Ulloa ve Meredith (2000), 97 RFLP markırını kullanarak *G. hirsutum*'un tür içi melezinden elde edilen (MD5678ne x Prema) 119 F_{2:3} popülasyonunda 81 lokuslu 17 LG elde etmişler ve haritayı JOINMAP programını kullanarak oluşturmuşlardır. Çalışmada iki markır arası uzaklık ortalama 8,7 cM olarak belirlenmiş ve pamuk genomunun ortalama % 15'i (700,7 cM'lık kısmını) haritalanabilmiştir. 9 LG'de 26 QTL belirlenmiş ve elde edilen QTL'ler varyasyonun % 3,4 ile % 44,62'sini açıklamıştır.

G. hirsutum (TM-1) ve *G. barbadense* (3-79) melezlemesinden elde ettikleri F₂ popülasyonu ile 13 QTL haritalayan Kohel ve ark. (2001), bu QTL'lerden 4'ünün lif mukavemeti, 3'ünün lif uzunluğu, 6'sının lif inceliği ile ilgili olduğunu ve bu QTL'lerin toplam fenotipik varyasyonun % 30 ile % 60'ını açıkladığını belirtmişlerdir. Yuan ve ark. (2002) da Upland pamuklarında lif mukavemeti ile ilgili QTL saptamışlardır. Çalışmalarında 8 DNA markırının lif mukavemeti ile ilişkili olduğunu, bunun 10. kromozomda yer aldığını ve fenotipik varyansın % 30'unu açıkladığını bildirmişlerdir. Takip eden yılda Guo ve ark. (2003), SSR ve RAPD markırları ile bir QTL çalışması yapmışlardır. Çalışmalarında MAS için hızlı ve güvenilir SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) markırlarını geliştirip ilgili genleri kontrol eden QTL'leri belirlemeyi amaçlamışlardır. RAPD markırları (UBC431₁₉₂₀ ve UBC757₁₃₆₅) sekanslandıktan sonra SCAR markırlarına çevrilmiştir. SCAR757₁₃₆₅ markırı monomorfizm göstermiş, yalnızca SCAR431₁₉₂₀ markırı TM-1 ve 7235 arasında polimorfizm olduğunu göstermiştir. SCAR431₁₉₂₀ markırı, BC-F₄ (7235 x Simian) popülasyonunda iyi lif kalitesinin belirlenmesinde, F₂'de (7235 x TM-1) ise stabilizeyi belirlemek için UBC431₁₉₂₀ markırı ile birlikte kontrol ve gözlem amacıyla kullanılmıştır. Sonuçta, SCAR431₁₉₂₀ markırının ıslah popülasyonlarında lif dayanıklılığının varlığını ya da yokluğunu gözlemlemek için QTL'in belirlenmesinde kullanılabileceği belirlenmiştir. Ertesi yıl Paterson ve ark. (2003), sulanan ve kurak şartlar altında yetişen 6 lif özelliği (lif uzunluğu, uniformite, elastikiyet, mukavemet, incelik ve renk) ile ilişkili 76 QTL haritalamışlardır.

SSR markırları ile yapılan moleküler genetik haritalamaya bağlı olarak yapılan QTL çalışmalarına baktığımızda, lif kalitesi özellikleri ile ilişkili Lin ve ark.'nın (2003, 2005) *G. hirsutum* (Handan 208) x *G. barbadense* (Pima 90) F₂ popülasyonunda 13, Zhang ve ark (2003) ve Shen ve ark.'nın (2005) *G. hirsutum* (TM-1) x *G. anomalum* (7235) F₂ popülasyonunda 8, Shen ve ark.'nın (2005) *G. hirsutum* (HS427-10 x TM-1) ve *G. hirsutum* (PD6992 x SM3) F₂ popülasyonunda sırasıyla 7 ve 1 QTL belirlediği tespit edilmiştir.

Diğer yandan Gerald ve ark.'nın (2004) yaptıkları QTL analizinde, bir QTL'in lif uzamasından sorumlu olduğu, 5 QTL'in ise lif uzunluğunu kontrol

ettiği belirlenmiştir. İnterval ve kompozit interval analizi ile yapılan bu çalışmada, interval haritalama ile lif homojenitesinin % 18'i, kompozit interval haritalama ile ise % 53'ünün açıklanabileceği bildirilmiştir. Lif mukavemeti ile ilgili 11 QTL'in 5'i interval, 6'sı ise kompozit interval haritalama ile belirlenmiştir. Aynı yıl Mei ve ark. (2004) tarafından *G. hirsutum* (Acala 44) ve *G. barbadense* (Pima S7) melezinden elde edilen F₂ popülasyonu ile pamukta lif kalite özelliklerine ilişkin QTL'lerin belirlenmesi ve genomun haritalanması ile ilgili bir başka çalışma yapılmıştır. 333 AFLP, 47 SSR ve 12 RFLP markırının haritalandığı çalışmada 42 LG oluşturularak genomun 3287 cM'lık kısmı belirlenmiştir. MAPMAKER 2.0 ve QTL Cartographer programı kullanarak yapılandırılan bağlantı ve QTL analizleri sonucunda 7 QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin 6'sının lif özellikleri ile ilgili olduğu ve bunların 5'inin A alt genomundaki kromozomlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Ertesi yıl Lin ve ark. (2005), *G. hirsutum* (Handan 208) x *G. barbadense* (Pima 90) melezinden elde ettikleri 69 bireyden oluşan F₂ popülasyonunda RAPD ve SSR ile birlikte SRAP markırlarını da kullanmışlardır. 41 LG'den oluşan, her LG'de en azından 3 lokus olacak şekilde 566 lokus elde edilen ve 5141,8 cM uzunluğundaki haritada markırlar arasındaki ortalama uzaklık 9,08 cM'dir. Yapılan araştırmada lif özellikleri ile ilgili 13 QTL belirlenmiş, QTL'lerden 2'sinin lif mukavemeti, 4'ünün lif uzunluğu, 7'sinin lif inceliği ile ilişkili olduğu, lif inceliği için belirlenen 1 QTL'in 10. kromozomda yer aldığı belirtilmiştir. Belirlenen QTL'lerin 9 LG'de yer almakla birlikte varyasyonun % 16,18-28,92'sini açıkladığı bildirilmiştir. 6 QTL'in A alt genomunda, diğer 6'sının D alt genomunda ve 1'inin de tanımlanmayan LG'nda yer aldığı ifade edilmiştir. Aynı yıl yapılan diğer bir araştırmada (Zhang ve ark., 2005a), ticari pamuk çeşitleri ve bazı transgenik pamuklar kullanılmış ve aralarındaki genetik ilişki SSR markırları ile belirlenmiştir. Kullanılan 24 pamuk çeşidi arasında Jaccard'ın genetik benzerlik katsayısı 0,69-0,94 olarak belirlenmiş ve SSR markırlarından 6 tanesinin çeşitler arasında lif kalitesi ile önemli bir ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir. Yumian 1 ve T586 Upland pamuk çeşitleri arasındaki melezden oluşan F₂ bitkileri ile AFLP, SSR ve morfolojik markırlar kullanılarak 70 lokuslu, 525 cM uzunluğunda, iki markır arası ortalama uzaklığı 7,5 cM olan bir genetik harita elde edilmiştir (Zhang ve ark., 2005b). 20 LG'den oluşan haritanın bağlantı analizleri Joinmap 3.0'e göre yapılmış, markırların

gruplanması için Kosambi haritalama fonksiyonu seçilmiş ve LOD skor değeri 3 olarak alınmıştır.

Bununla birlikte, pamukta verim ve lif kalite özelliklerinin moleküler ıslahına yönelik yapılan çalışmalarda kullanılan marker sayısı ve çeşidi arttıkça daha yüksek çözünürlüklü haritalar oluşturulmaya ve buna bağlı olarak da lif özellikleri ile ilgili daha çok sayıda QTL elde edilmeye başlanmıştır. He ve ark.'nın (2007) çalışmasında elde edilen toplam 52 QTL'den 11'i lif verimi, 4'ü tohum pamuk verimi, 3'ü lif mukavemeti, 5'i lif uzunluğu, 8'i de lif inceliği ile ilişkili bulunmuştur. Aynı yıl Shen ve ark. (2007), *G. hirsutum* melezinin RIL popülasyonunda 25 QTL belirlemişler ve bunlardan 4'ünün lif kalitesi ile 7'sinin de ürün içeriği ile ilgili olduğunu saptamışlardır. Abdurakhmonov ve ark. (2007) da 12, 18, 23 ve 26. kromozomlarda lokalize olan QTL'leri lif mukavemeti ile ilişkilendirmişlerdir. Ertesi yıl Qin ve ark. (2008), dört farklı kendilenmiş pamuk (*G. hirsutum* L.) hattından elde edilen popülasyon ile bağlantı haritası oluşturularak verim ve lif kalitesi özellikleri ile ilişkili QTL'leri tanımlamıştır. Pamuk genomunun toplam rekombinasyon uzunluğunun % 42'sini kapsayan harita ile verim ve lif özelliklerine ilişkin 31 QTL tespit edilmiştir. HS 46 ve MARCABUCAG8US-1-88 ebeveynlerinden elde edilen RIL ile tohum verimi, lif verimi, lif yüzdesi, lif mukavemeti gibi 14 adet agronomik ve lif özelliğinin ölçüldüğü Wu ve ark.'nın (2009) çalışmasında bu özelliklerle ilgili 56 QTL belirlenmiştir. Aynı yıl Zhang ve ark. (2009) tarafından, 5 farklı çevredeki lif kalite özellikleri ile ilgili QTL'lerin belirlenmesi için yapılan çoklu QTL haritama sonucunda lif kalite özellikleri ile ilgili 13 QTL belirlenmiştir. Belirlenen her bir QTL fenotipik varyansı % 7,4-43,1 arasında açıklamıştır. Upland pamukta aynı yıl gerçekleştirilen bir diğer çalışmada yakın-izogenik hatlar (NIL) ile verim ve bazı lif özelliklerine ilişkin QTL'ler çalışılmıştır (Luan et al., 2009). Ertesi yıl Upland pamuğun melezinden (MD17 x FM966) elde edilen F₂ popülasyonu ile yapılan bir çalışmada, verim, tohum ve lif özellikleri ile ilgili 26 QTL belirlenmiştir (An et al., 2010).

Pamukta verim ve lif kalite özellikleri ile ilgili QTL çalışmalarının yanı sıra yaprak morfolojisi (Jiang et al., 2000), stomata iletimi (Ulloa et al., 2000),

osmotik potansiyel (Saranga et al., 2001) ve kök ucu nematoduna karşı direnç (Shen et al., 2006) gibi diğer çalışmalarda da QTL analizleri gerçekleştirilmiştir.

Bununla birlikte QTL haritalama çalışmalarından gelen sonuçlar, gerek farklı genotiplerin kullanılması ve farklı çevre koşullarında gerçekleştirilmeleri ve gerekse örneklemelerin farklı olması nedeniyle heterojendirler. Bu nedenle Rong ve ark. (2007) ve Lacape ve ark. (2010) meta-analizleme yolu ile yapılan bu çalışmaları birleştirerek, pamukta markır yardımcı seleksiyon için daha tutarlı sonuçlar elde etmeyi amaçlamışlardır. Bu amaca ulaşmak için Lacape ve ark. (2010), *G. hirsutum* x *G. barbadense* RIL popülasyonunu lif özellikleri açısından tarla ve sera koşulları altında yürütülen 11 adet birbirinden bağımsız deney ile değerlendirmiştir. Deneme alanları 4 kıta ve 5 ülke üzerinde kurulmuştur. Veri setleri boyunca QTL lokasyonlarındaki lif özellik kategorileri (mukavemet, elastikiyet, uzunluk, uniformite, incelik ve renk) değerlendirilmiştir. RIL ve 3 geriye melez popülasyonundan gelen QTL verilerini (aynı ebeveynden) entegre etmek ve bu verileri literatürle karşılaştırmak için 1000'den fazla QTL'in meta analizi yapılmıştır. En tutarlı meta-gruplar lif rengi için kromozom 6, 8 ve 25, incelik için kromozom 15 ve uzunluk için kromozom 3 üzerinde tespit edilmiştir.

Gerek tür içi polimorfizmin düşük olması ve gerekse türler arası hibrit popülasyonlarından gelen bilginin halen yeterli olmaması (Rungis et al., 2005; Zheng et al., 2008) nedeniyle, yaklaşık 3 Gb gibi oldukça büyük bir genoma sahip olan Upland pamukta verim ve lif kalitesi özelliklerinin ıslahına yönelik olarak yapılan QTL çalışmalarında markır yardımcı seleksiyona geçilebilmesi için daha fazla sayıda ve çeşitte markır kullanılarak hazırlanan ve tüm genomu kavrayan bağlantı haritalarına ve istenilen özelliklerle yakın ilişkili QTL'lerin belirlenmesine gereksinim devam etmektedir. Diğer yandan, tetraploid pamukta günümüze kadar yapılmış olan moleküler genetik haritaların birleştirilerek daha kapsamlı referans haritalarının hazırlanması (Yu et al., 2010) yoluyla da markır yardımcı seleksiyon için önemli adımlar atılmaktadır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Çalışmanın başlangıç materyalini farklı renk ve lif fiziksel özelliklerine sahip pamuk bitkileri oluşturmaktadır. Bu bitkiler yeşil lif rengine sahip *G. hirsutum* L. (Yeşil) ile beyaz lif rengine sahip *G. hirsutum* L. (Nazilli 84) bitkileridir. Farklı pamuk genotipleri Ödemiş Meslek Yüksekokulu deneme tarlalarında melezlenmiştir.

3.2. Metot

3.2.1. Melez kombinasyonuna ait tohumların serada yetiştirilmesi

F₁ melez tohumları FİDAŞ fide firmasında, fide viyollerinde, fideler 15 cm boyuna gelene kadar yetiştirilmiştir. Daha sonra fideler bu firmadan alınarak Biyomühendislik Bölümüne ait 120 m²'lik sera ortamında 30x30 cm boyutunda saksılara dikilmiştir. F₁ bitkileri ve bu bitkilerin kendilenmesi ile F₂ generasyonu elde edilmiştir.

3.2.2. Lif fiziksel özelliklerine ilişkin fenotipik analizler

Ebeveynler ve F₂ bireylerine ait lif renkleri renk ölçer cihazı (Minolta C400 Chromameter) ile ölçülünerek rakamlara (L, a, b, ΔL, Δa, Δb, ΔE) dönüştürülmüştür. Lif kalitesi özellikleri (lif uzunluğu, uniformitesi ve elastikiyeti) ise TARIŞ Çiğli Pamuk Depolama tesisinde bulunan USTER marka otomatik lif analiz cihazı ile ölçülmüştür. Elde edilen bu veriler QTL analizleri aşamasında DNA markır verileriyle birlikte kullanılmıştır. Bunun yanında, lif fiziksel özelliklerine ait değerlerin açılım popülasyonundaki dağılımını görmek için frekans grafikleri çizilmiş, minimum, maksimum, ortalama, standart sapma ve değişim katsayısı (CV) değerleri istatistiksel olarak hesaplanmış, Mendel kurallarına göre dağılıp dağılmadıklarını belirlemek için X² ve kalıtım analizleri yapılmış ve ardından bu özelliklerin birbirleriyle olan ilişkilerini ortaya çıkarmak için korelasyon analizleri yapılmıştır. Frekans grafikleri ve istatistik veriler için

Microsoft Office Excel programı kullanılmış, kalıtım ve korelasyon analizleri ise TARİST (Tarımsal Araştırma İstatistik) programı ile gerçekleştirilmiştir.

3.2.3. Ebeveyn ve F₂ bitkilerinden DNA'nın izole edilmesi

DNA izolasyonu için her bir ebeveyn ve F₂ popülasyonlarındaki bireylerden genç yapraklar toplanmış ve izolasyon yapıncaya kadar -86 °C'de muhafaza edilmiştir. İzolasyona başlamadan hemen önce -86 °C'den alınan yaprak dokuları sıvı azot içine konulmuştur.

DNA izolasyonu Doyle ve Doyle'un (1987) yönteminde bazı değişiklikler yapılarak gerçekleştirilmiştir: Ependorf içine konulan 0,2 g yaprak dokusu üzerine 500 µl mikroprep tampon çözeltisi (EK AÇIKLAMALAR-A) ilave edildikten sonra matkap ile parçalanmıştır. Parçalama işleminden sonra 250 µl daha tampon çözelti ilave edilmiştir. Yavaşça alt üst edildikten sonra 65 °C'de 1 saat inkübasyona bırakılmış ve her 10 dakikada bir alt üst edilmiştir. Üzerine 750 µl kloroform: izoamilalkol (24:1) ilave edilip, yavaşça alt üst edildikten sonra 5000 devirde 10 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüjden sonra üst faz temiz bir ependorfa alınıp üzerine ependorftaki sıvının yaklaşık 2,5 katı kadar 4 °C'de bekletilmiş ve üzerine % 100'lük etanol ilave edilmiştir. Yavaşça alt üst edilerek bulutlanma (DNA) gözlendikten sonra 5000 devirde 3 dakika santrifüj yapılmıştır. Üst faz dökülmüş, geriye kalan pelletin üstüne 0,2 M NaAc - % 70'lik etanolden (EK AÇIKLAMALAR-B) 500 µl eklenerek yıkama yapılmıştır. Daha sonra 5000 devirde 3 dakika santrifüjlenerek üst faz yeniden dikkatlice dökülmüştür. Üzerine 500 µl % 70'lik etanol ilave edilerek son yıkama işlemi gerçekleştirildikten sonra 5000 devirde 3 dakika santrifüjlenerek sıvı faz yeniden dökülmüş ve alkolün tamamen uçması için bir gece kurumaya bırakılmıştır. Alkol uçtuktan sonra DNA'nın çözülmesi için üzerine 50 µl ultra saf su ilave edilerek 65 °C'de 1 saat inkübe edilmiştir. Çözülen DNA'nın üzerine 5 µl Proteinaz K⁺ ve 5 µl Rnaz ilave edilerek 37 °C'de 1 saat ve 70 °C'de 20 dakika bekletilmiştir. İzole edilen DNA hemen kullanılacaksa 4 °C'de, daha sonra kullanılacaksa -20 °C'de saklanmıştır.

3.2.4. DNA saflıklarının analiz edilmesi ve miktarlarının ölçülmesi

İzole edildikten sonra ultra saf su ile çözülen her bir DNA örneğinden 2 µl alınarak 96'lık plakalara konulmuş ve üzerlerine 8 µl ultra saf su ve 2 µl brom fenol mavisi ilave edilmiştir. Elde edilen bu karışım 1X TAE (Tris-Asetik Asit-EDTA) tampon çözeltisi (EK AÇIKLAMALAR-C) ile hazırlanmış % 1'lik agaroz jelinde yürütülmüştür. Jelde yürüyen DNA'lar Syngene (GeneSnap) Görüntüleme Sisteminde görüntülenmiştir.

Diğer yandan, ebeveynlerden ve F₂ bireylerinden elde edilen her bir DNA örneğinin spektrofotometrik olarak miktar ölçümleri DNA miktarı ölçer cihaz (ND-1000 Nanodrop) ile yapılmış ve 260/280 nm dalga boylarındaki ölçümleri ng/µl olarak elde edilmiştir.

3.2.5. AFLP analizleri

AFLP analizleri için LI-COR 4300 DNA Analyzer cihazı (LI-COR Biosciences, USA) kullanılmıştır. PCR ortamında her bir örneğin DNA'sı 40 ng/µl olacak şekilde seyreltme işlemi yapılmıştır. PCR reaksiyon aşamaları aynı firmadan satın alınan kitler kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

3.2.5.1. Genomik DNA'nın restriksiyon enzimleri ile kesilmesi

5X reaksiyon tamponu	2,5 µl
<i>EcoRI/MseI</i> enzim karışımı	5,0 µl
DNA (40 ng/µl)	5,0 µl
Toplam Hacim:	12,5 µl

Yukarıda belirtilen reaksiyon bileşenlerini içeren PCR tüpleri Thermal Cycler (Tetrat 4x96, MJ Research, USA) cihazında 37 °C'de 2 saat ve 70 °C'de 15 dakika reaksiyona tabi tutulmuştur.

3.2.5.2. Adaptörlerin ligasyonu

Restriksiyon enzimi ile kesilmiş genomik DNA	12,5 µl
Adaptör karışımı	12,0 µl
T4 DNA ligaz	0,5 µl
Toplam Hacim:	25 µl

Reaksiyon bileşenleri PCR tüpleri içinde 20 °C’de 2 saat inkübe edilmiştir. İnkübasyonun ardından reaksiyon içeriğinden 10 µl alınıp üzerine 90 µl TE tamponu ilave edilerek 1: 10 oranında seyreltme işlemi gerçekleştirilmiştir.

3.2.5.3. Ön amplifikasyon

1: 10 seyreltilmiş ligasyon ürünleri	2,5 µl
AFLP 10X ön amplifikasyon karışımı	20 µl
PCR reaksiyon tamponu	2,5 µl
Taq DNA polimeraz (5 ünite/µl)	0,5 µl
Toplam Hacim:	25,5 µl

Reaksiyon bileşenleri PCR tüpleri içerisinde 94 °C’de 30 saniye, 56 °C’de 1 dakika, 72 °C’de 1 dakika ve 4 °C’de ∞ olacak şekilde Thermal Cycler’da inkübasyona bırakılmış ve daha sonra 1: 40 oranında seyreltilmiştir.

3.2.5.4. Seçici AFLP amplifikasyonu

Seçici amplifikasyon aşamasında ön amplifikasyon ürünleri Çizelge 3.1’de yer alan primer kombinasyonları ile reaksiyona tabi tutulmuştur. Bu aşamada kullanılan primerlerden *EcoRI* primerleri IRDye700 ve IRDye800

floresan boyaları ile işaretlenmiştir. Seçici amplifikasyon reaksiyonları aşağıda belirtildiği gibi gerçekleştirilmiştir:

Taq DNA polimeraz karışımı*	6,0 µl
1: 40 seyreltilmiş ön amplifikasyon ürünü	2,0 µl
<i>MseI</i>	2,0 µl
<i>EcoRI</i> (IRDye700)	0,5 µl
(IRDye800)	0,5 µl
Toplam Hacim:	11 µl

*Taq DNA polimeraz karışımı:

Ultra saf su	158 µl
10X amplifikasyon tamponu	40 µl
Taq DNA polimeraz (0,5 ünite/µl)	2 µl
Toplam Hacim:	200 µl

Seçici amplifikasyonlar için PCR bileşenleri Thermal Cycler'da 94 °C'de 30 saniye, 65 °C'de 30 saniye, 72 °C'de 1 dakika, 94 °C'de 30 saniye, 65 °C'de 30 saniye, 72 °C'de 1 dakika ve 94 °C'de 30 saniye kalacak şekilde programlama yapılmıştır. Primerlerin bağlanma sıcaklığı 65 °C'den 56 °C'ye düşene kadar 0,7 °C azaltılarak döngüler devam ettirilmiştir. Bu tekrarlar da döngü sayısı 42'ye ulaştırılmış ve sonra 40 numaralı döngüye döndürülerek işlem 23 defa tekrar edilmiştir. Reaksiyon içeriğinin kısa süreli muhafazası için cihaz 4 °C'de ∞ sürede kalacak şekilde programlanmıştır.

Çizelge 3.1. AFLP analizlerinde kullanılan primer kombinasyonları.

EAAC (700 nm)	MCAA
EAAG (700 nm)	MCAC
EACA (700 nm)	MCAG
EACC (700 nm)	MCAT
EACG (800 nm)	MCTA
EACT (800 nm)	MCTC
EAGC (800 nm)	MCTG
EAGG (800 nm)	MCTT

3.2.5.5. Poliakrilamid jel elektroforezi (PAGE)

PAGE için LI-COR Biosciences NEN Model 4300 DNA Analiz cihazı kullanılmıştır. Seçici amplifikasyon ürünleri % 8'lik poliakrilamid jelde (EK AÇIKLAMALAR-D) yürütülmüştür.


Öncelikle, cihazın bağlı olduğu bilgisayarda SAGA SOFTWARE programı kurulmuş ve internet bağlantıları ayarlanmıştır. Çalışmada kullanılan her yeni primer, örnekler ve kullanılan markırla ilgili bilgiler yeni açılan dosya ile belirtilmiştir. Jelin polimerizasyonu tamamlandıktan sonra cam aparat cihaz içine konulmuş, 1X TBE (Tris-Borik Asit-EDTA) tampon çözeltisi (EK AÇIKLAMALAR-E) ile doldurulmuş tank içine yerleştirilerek, elektrik akımının sağlanması için gerekli bağlantılar yapılmıştır. Ardından cihaz 1200 V, 35 mA, 25 W 45 °C'de ön yürütme (pre-run) işlemine tabii tutulmuştur. Ön yürütme işleminden sonra, seçici amplifikasyon ürünlerine 5 µl Blue Stop çözeltisi ilave edilerek 94 °C'de 3 dakika denatürasyon işlemi gerçekleştirilmiş ve sonra da sırasıyla ebeveynler ve F₂ bireylerine ait örnekler yüklenmiştir. Son olarak, seçici amplifikasyon ürünlerinin 700 ve 800 nm dalga boyunda verdikleri ışınmaları içeren görüntüler bilgisayara kaydedilmiştir.

3.2.8. DNA markır analizi sonularının skorlanması

Genetik analizlerde kullanılan primerlerin gstermiř olduėu polimorfizmlerde, anneye benzer olanlar A, babaya benzer olanlar B olarak skorlanmıřtır. Analizlerde ıkmayan ya da okunması yapılamayan bantlar – řeklinde gsterilmiřtir. Skrolama sonularının yazımı iin Microsoft Office Excel programı kullanılmıř ve dosya analizlerin yapılabilmesi iin daha sonra text formatına dnřtrlmřtir.

Ařaėıda yer alan izelge 3.2’de polimorfizm gsteren bantların Excel’de nasıl skorlandığını gsteren rnek bir dosya verilmektedir.

izelge 3.2. Primer kombinasyonları ile elde edilen polimorfik DNA bantlarının skorlanmasına ait rnek Excel dosyası. (A: Anne, B: Baba, -: okunması yapılamayan bant)

Polimorfik Bant No	Bant Olan Ebeveyn	rnek No 					
		1	2	3	4	5	6 ... 94
1	A (abxaa)	B	B	B	A		
2	A (abxaa)	B	A	A	A		
3	B (aaxab)	A	A	A	B		
4	B (aaxab)	A	A	A	B		
5	A (abxaa)	B	B	A	A		
6	A (abxaa)	B	B	B	A		
7	B (aaxab)	A	-	B	B		
8	A (abxaa)	B	B	B	B		
9	B (aaxab)	A	A	A	A		
10	B (aaxab)	A	A	A	A		
11	A (abxaa)	B	B	A	B		
12	A (abxaa)	B	B	B	A		
13	B (aaxab)	A	A	A	A		
14	A (abxaa)	B	B	A	B		
15	B (aaxab)	A	A	B	-		
16	A (abxaa)	B	B	A	B		
17	B (aaxab)	A	A	-	A		
18	B (aaxab)	A	A	A	A		
19	B (aaxab)	A	A	A	B		

3.2.9. Bağlantı haritalarının oluşturulması

Bağlantı haritaları oluşturulmadan önce text dosyasına dönüştürülmüş olan skorlama sonuçları JOINMAP4 programında açılmış, yazım ve skorlama hataları kontrol edilmiştir. Tespit edilen az sayıda skorlama hatası jel görüntülerine dönülerek kontrol edildikten sonra gerekli düzeltmeler yapılmıştır. Gerekli düzeltmelerin yapıldığı haritalama text dosyaları MACINTOSH 9.2 işletim sisteminde çalışan MAPMAKER programında açılmıştır. Haritalama yapılmadan önce programın “Options” bölümünden gerekli ayarlamalar yapılmıştır. Haritalama için LOD değeri 3 olarak seçilmiş ve Kosambi fonksiyonu kullanılmıştır. Buradan “Group” komutu ile bağlantı grupları oluşturulmuş ve en yakın iki markırın sıralanması için “Seq, Triple ve Try” komutları verilmiştir. Böylelikle markırların birbirleriyle olan uzaklıkları belirlenerek bağlantı grupları oluşturulmuştur.

3.2.10. QTL analizleri

QTL analizleri QGENE programında gerçekleştirilmiştir. Bu aşamada programa markır verilerinin yanında lif fiziksel özellikleri ve lif renk genleri ile ilgili fenotipik veriler de text dosyaları halinde transfer edilmiştir. QTL analizleri Tek Markır Analizi (Single Marker Analysis) yöntemi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Tek Markır Analizi yapılırken Kosambi fonksiyonu kullanılmış ve LOD değeri 3 olarak seçilmiştir. Böylelikle lif fenotipik özellikleri ile ilgili QTL’ler belirlenmiştir.

4. BULGULAR

4.1. Genetik Materyalin Üretilmesi

Lif fiziksel özellikleri yönünden açılma gösteren F_2 popülasyonunun üretilmesi için *G. hirsutum* (Yeşil) x *G. hirsutum* (Nazilli 84) melez kombinasyonu oluşturulmuştur. Bu melezin F_1 'lerinin gerçek melez olup olmadıkları DNA markırları ile saptanmıştır. F_1 'lerin kendilenmesi ile F_2 generasyonu elde edilmiştir. Lif rengi ve uzunluğu gibi lif fiziksel özellikleri bakımından açılma gösteren ve Yeşil x Nazilli 84 melezinden elde edilen 94 adet F_2 bireyi genetik haritalama ve QTL çalışmalarında kullanılmıştır. Şekil 4.1'de Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri, F_1 melez bitkileri ile F_2 generasyonu bitkilerine ait seradan görüntüler yer almaktadır.



Şekil 4.1. Seradan görüntüleri **a)** Yeşil ebeveyn, **b)** Nazilli 84 ebeveyn, **c)** Yeşil x Nazilli 84 F_1 bitkilerinin çiçekli formu, **d)** Yeşil x Nazilli 84 F_1 bitkilerinin pamuklu formu, **e)** Açılım gösteren F_2 popülasyonu bireyleri, **f)** Açılım gösteren F_2 popülasyonu bitkilerinin çiçekli formu.

4.2. Lif Fiziksel Özelliklerine İlişkin Fenotipik Analizler

4.2.1. Yeşil x Nazilli 84 F₂ generasyonunda lif uzunluğu, lif uniformitesi ve lif elastikiyeti özellikleri ile ilgili fenotipik açılmalar

Ebeveynler ile F₂ generasyonu bireylerinin lif fiziksel özelliklerine ait ölçüm sonuçları Çizelge 4.1’de yer almaktadır.

Çizelge 4.1. Ebeveynler ile F₂ generasyonu bireylerinin lif fiziksel özelliklerine ait ölçüm sonuçları.

Sıra No	Örnek No	Lif Rengi	Uzunluk (mm)	Uniformite (%)	Elastikiyet (%)
P1	Anne	Yeşil	18,50	77	4,5
P2	Baba	Beyaz	27,6	85	7,5
1	X2	Yeşil	26,8	84,0	7,2
2	X3	Yeşil	25,7	83,6	6,1
3	X4	Yeşil	25,0	84,2	6,3
4	X5	Yeşil	25,3	79,4	6,7
5	X7	Yeşil	27,1	85,3	6,8
6	X8	Yeşil	26,8	82,8	6,9
7	X9	Yeşil	26,0	81,8	6,3
8	X10	Yeşil	27,1	82,2	6,9
9	X11	-	-	-	-
10	X12	Beyaz	27,6	82,7	6,3
11	X13	Yeşil	27,6	83,3	6,6
12	X14	Yeşil	27,4	82,7	7
13	X15	Yeşil	26,0	80,9	6
14	X16	Yeşil	26,3	84,2	6,3
15	X17	Beyaz	20,5	85,5	7
16	X18	Beyaz	27,8	84,2	7,5
17	X19	Yeşil	25,1	82,5	6,6
18	X20	Yeşil	26,8	84,6	6,6
19	X21	Yeşil	29,0	85,9	7,2
20	X22	Yeşil	26,5	84,7	6
21	X23	Yeşil	26,8	81,2	5,6
22	X24	Yeşil	25,8	81,0	6,8
23	X25	Beyaz	25,9	81,9	6,5

24	X26	Beyaz	25,5	84,5	6,9
25	X27	Beyaz	25,8	83,6	6,9
26	X28	Beyaz	26,4	83,8	7,1
27	X29	Yeşil	24,4	80,6	4,8
28	X30	Beyaz	24,6	77,4	6,3
29	X31	Yeşil	27,3	84,4	7
30	X32	Yeşil	25,5	81,7	6,1
31	X33	-	-	-	-
32	X34	Beyaz	16,9	84,3	6,1
33	X36	Beyaz	26,3	82,3	7,1
34	X37	Yeşil	26,5	84,2	6,4
35	X38	Beyaz	26,8	82,5	6,5
36	X39	-	-	-	-
37	X42	Beyaz	27,5	83,3	7,2
38	X43	Yeşil	25,4	80,1	6,3
39	X44	Beyaz	26,0	84,7	7,9
40	X45	Beyaz	26,6	83,9	7,7
41	X46	Yeşil	25,7	84,7	6,9
42	X47	Yeşil	27	84,7	7,3
43	X48	Yeşil	26,4	83,9	6,8
44	X49	Beyaz	26,5	83,6	6,8
45	X51	Yeşil	27,3	83,3	6,6
46	X52	Yeşil	26,5	83,2	6,3
47	X53	Yeşil	26,3	83,7	6,4
48	X54	Beyaz	26,1	82,2	5,5
49	X55	Beyaz	26,1	82,4	6,2
50	X56	Yeşil	26,9	81,3	6,8
51	X57	Yeşil	26,7	85,4	6,7
52	X58	Yeşil	26,3	81,8	6,3
53	X59	Yeşil	25,9	80,2	6
54	X60	Beyaz	27,7	87	7,6
55	X61	Yeşil	27,7	82,9	6,8
56	X62	Beyaz	27,2	85	6,8
57	X63	Yeşil	26,2	82,4	6,5
58	X64	Yeşil	24,4	80,7	4,4
59	X65	Yeşil	26,9	84,8	7,2
60	X66	Beyaz	25,9	79,9	5,9
61	X68	-	-	-	-

62	X69	Yeşil	26,9	84,1	7,1
63	X70	Yeşil	26,4	83,2	6,8
64	X71	Yeşil	27,3	83,1	6,8
65	X72	Yeşil	24,7	82,5	4,4
66	X73	Yeşil	25,6	81,8	6,5
67	X74	Yeşil	27,1	81,5	7,6
68	X75	Yeşil	26,5	84,2	6,9
69	X77	Yeşil	27,1	84	7,2
70	X78	Yeşil	27,1	84,5	7,1
71	X79	Yeşil	25,3	81,8	6,1
72	X80	Yeşil	26,8	83,7	7,9
73	X81	Yeşil	25,6	81,6	6,6
74	X82	Yeşil	26,4	85,4	7,1
75	X83	Yeşil	26,6	84,4	7,5
76	X84	Beyaz	26,7	85,5	7,5
77	X85	Yeşil	27,7	83,7	5,8
78	X86	Yeşil	25,6	80,5	5,9
79	X87	Yeşil	26,7	84,6	7,1
80	X88	Yeşil	27,2	82,7	6,9
81	X89	Yeşil	26,7	82,9	7,6
82	X90	Yeşil	26,5	82	6,6
83	X91	Beyaz	29,5	85,1	9,5
84	X93	Yeşil	27	83,4	6,8
85	X94	Yeşil	25,9	81,3	6,6
86	X95	Yeşil	25,6	80,9	5,3
87	X96	Yeşil	25,8	80,6	6,8
88	X97	Yeşil	26,1	80,8	6,4
89	X98	Yeşil	26,8	82,3	6,8
90	X101	Yeşil	26,1	83,7	6,2
91	X102	Yeşil	27,4	85,5	7,4
92	X103	-	-	-	-
93	X104	Yeşil	27,8	84,6	7,2
94	X106	Yeşil	25,9	81,5	6,1

-: Lif miktarının yeterli olmaması nedeniyle ölçüm yapılamamıştır.

4.2.2. Yeşil x Nazilli 84 F₂ generasyonunda lif rengi değerleri ile ilgili fenotipik açılmalar

Ebeveyn bitkiler ile F₂ generasyonu bitkilerinin lif renk analizlerine (L, a, b, ΔL, Δa, Δb, ΔE) ait veriler Çizelge 4.2’de yer almaktadır.

Çizelge 4.2. Ebeveynler ile F₂ generasyonu bitkilerinin lif rengi değerleri ölçüm sonuçları.

Sıra No	Örnek No	L	a	b	ΔL	Δa	Δb	ΔE
P1	Anne	57,59	0,58	20,4	-35,6	2,9	22,55	42,28
P2	Baba	85,97	3,18	9,71	-7,2	0,29	11,87	13,96
1	X2	70,25	0,91	19,27	-22,94	0,63	21,43	31,49
2	X3	69,1	-1,84	15,59	-24,09	-2,12	17,74	30,11
3	X4	71,19	-1,73	15,04	-22	-2,01	17,2	28,08
4	X5	67,01	-3,21	13,99	-25,1	-3,49	16,15	30,19
5	X7	75,88	1,22	16,12	-17,31	0,92	18,27	25,27
6	X8	70,71	-0,93	16,25	-22,48	-1,21	18,41	29,11
7	X9	68,54	-0,59	16,99	-24,66	-0,85	18,95	31,22
8	X10	68,6	0,5	14,73	-24,59	0,22	16,88	29,87
9	X11	59,63	10,01	24,52	-33,56	9,73	26,67	44,07
10	X12	69,8	-1,95	14,97	-23,39	-2,23	17,13	29,22
11	X13	74,89	-0,81	15,45	-18,3	-1,09	17,6	25,52
12	X14	71,94	-1,52	15,85	-21,25	-1,8	18	27,99
13	X15	75,79	0,79	14,74	-17,4	0,07	16,89	24,31
14	X16	70,32	0,16	15,86	-22,87	-0,12	18,02	29,13
15	X17	66,62	-0,09	18,34	-26,57	-0,37	20,5	33,63
16	X18	69,45	0,33	15,85	-23,55	0,05	18,01	29,89
17	X19	71,3	-0,59	19,01	-21,9	-0,87	21,16	30,52
18	X20	67,69	-1,13	17,86	-25,5	-1,41	20,02	32,35
19	X21	64,77	0,85	18,85	-26,76	0,57	21	34,13
20	X22	65,38	-1,86	15,58	-27,81	-2,14	17,73	31,36
21	X23	71,86	-0,05	17,69	-21,34	-0,33	19,84	29,18
22	X24	69,9	-1,49	15,06	-23,29	-1,77	17,22	29,08
23	X25	70,28	-0,88	19,39	-22,62	-1,16	21,55	31,52
24	X26	63,09	0,45	15,61	-29,77	0,17	17,77	35,06
25	X27	67,71	0,81	18,85	-25,38	0,53	21	33,04
26	X28	68,66	-0,95	16,35	-24,55	-1,23	18,5	30,95

27	X29	70,31	-2,03	16,17	-22,88	-2,29	18,33	29,86
28	X30	71,98	-0,4	14,5	-22,58	-0,91	16,66	28,12
29	X31	72,16	-0,92	17,06	-21,04	-1,2	19,22	28,63
30	X32	73,62	-0,32	15,3	-19,58	-0,6	17,45	26,39
31	X33	-	-	-	-	-	-	-
32	X34	70,92	-0,41	13,73	-22,28	-0,69	15,89	27,66
33	X36	62,7	-0,8	15,71	-30,49	-1,07	17,87	35,42
34	X37	69,98	-0,42	15,72	-23,21	-0,7	17,88	29,6
35	X38	72,09	-1,22	14	-21,11	-1,5	16,16	26,72
36	X39	-	-	-	-	-	-	-
37	X42	70,37	-0,73	14,05	-22,82	-1,01	16,21	28,57
38	X43	67,85	0,11	18,22	-25,34	-0,16	20,37	32,76
39	X44	64,85	0,51	18,04	-28,35	0,21	20,2	34,91
40	X45	65,41	-0,67	17,59	-27,62	-0,95	19,74	34,01
41	X46	64,93	-1,34	19,24	-28,3	-1,62	21,58	35,71
42	X47	74,24	-0,23	14,13	-18,96	-0,51	16,29	25,05
43	X48	65,71	-1,34	17,52	-27,49	-1,62	19,68	33,89
44	X49	71,53	-0,41	16,21	-21,68	-0,69	18,37	28,53
45	X51	73,3	0,33	13,47	-19,9	-0,84	15,62	25,47
46	X52	69,6	-1,06	18,75	-23,59	-1,34	20,88	31,73
47	X53	66,2	-1,65	16,01	-26,76	-1,93	18,17	32,61
48	X54	66,3	-0,28	18,02	-28,9	0,4	20,17	34,04
49	X55	69,57	0,03	12,91	-23,56	-0,24	15,06	28,03
50	X56	66,87	-1,13	14,21	-26,33	-1,41	16,37	31,15
51	X57	67,22	-1,07	16,04	-25,97	-1,35	18,19	31,82
52	X58	72	-0,37	16,84	-21,19	-0,65	19	28,49
53	X59	69,3	-0,74	16,39	-23,86	-1,02	18,54	30,4
54	X60	70,93	-0,15	16,39	-22,27	-0,43	18,55	29,03
55	X61	75,34	-0,21	13,02	-18	-0,49	15,17	23,66
56	X62	72,17	-0,03	14,49	-21,03	-0,31	16,64	26,96
57	X63	71,88	0,99	14,87	-21,31	0,71	17,02	27,48
58	X64	73,81	0,37	12,75	-19,38	0,09	14,91	24,49
59	X65	67,16	0,66	19,19	-26	0,18	21,34	33,8
60	X66	73,34	-0,21	13,11	-19,86	-0,49	15,26	25,08
61	X68	65,45	9,31	22,33	-27,75	9,03	24,49	38,11
62	X69	69,13	1	17,65	-24,06	0,72	19,81	31,2
63	X70	68,82	1,04	14,77	-24,38	0,77	16,92	29,76
64	X71	74,09	0,46	14,01	-19,1	0,18	16,16	25,03
65	X72	66,61	-2,03	15,99	-26,59	-2,31	18,14	32,43

66	X73	67,94	-0,69	15,42	-25,25	-0,96	17,58	30,83
67	X74	64,44	-1,4	15,89	-28,79	-1,68	18,04	34,31
68	X75	66,1	-1,37	17,67	-27,1	-1,65	19,82	33,68
69	X77	68,42	-0,51	18,78	-24,78	-0,79	20,94	32,47
70	X78	71,81	-0,71	18,35	-21,39	-0,99	20,5	29,65
71	X79	72,5	-0,86	15,22	-20,69	-1,14	17,37	27,49
72	X80	65,92	-1,41	16,48	-27,27	-1,68	18,63	33,25
73	X81	68,56	-1,48	15,99	-24,64	-1,76	18,15	30,75
74	X82	68,24	1,12	15,56	-24,95	0,84	17,72	30,72
75	X83	66,23	-0,15	14,94	-27	-0,43	17,09	32,06
76	X84	70,16	0,04	14,45	-23,06	-0,23	16,6	28,53
77	X85	70,63	-0,55	15,56	-22,56	-0,83	17,71	28,51
78	X86	73,6	-0,66	15,38	-19,87	-0,94	17,53	26,34
79	X87	74,2	-0,75	13,66	-18,99	-1,03	15,81	24,77
80	X88	71,17	-1,58	16,99	-22,03	-1,86	19,14	29,44
81	X89	66,49	-1,02	16,28	-26,71	-1,3	18,44	32,52
82	X90	67,77	-0,45	17,49	-25,43	-0,73	19,67	32,3
83	X91	86,82	-0,09	4,78	-6,38	-0,35	6,94	9,49
84	X93	70,01	-1,6	16,32	-23,19	-0,74	18,47	31,46
85	X94	68,45	-0,68	16,52	-24,74	-0,96	18,67	31,15
86	X95	68,28	-1,84	19,3	-25,12	-2,12	21,46	33,23
87	X96	70,05	0,31	18,44	-23,14	0,03	20,6	31,05
88	X97	73,09	-0,67	18,19	-20,16	-0,95	20,34	28,78
89	X98	69,2	-0,29	17,32	-23,33	-0,57	19,48	31,06
90	X101	70,04	-1,47	16,38	-23,15	-1,75	18,53	29,85
91	X102	68,07	-3,16	17,84	-25,13	-3,44	19,8	32,22
92	X103	-	-	-	-	-	-	-
93	X104	67,38	-0,75	16,78	-25,81	-1,03	18,93	32,12
94	X106	87,37	-0,35	3,45	-5,83	-0,63	5,61	8,12

-: Lif miktarının yeterli olmaması nedeniyle ölçüm yapılamamıştır.

L: Siyah-beyaz; L=0 siyah, L=100 beyaz rengi temsil etmektedir, renk parlaklığını verir.

a: Kırmızı-yeşil; pozitif değer kırmızı rengi, negatif değer ise yeşil rengi belirtmektedir.

b: Sarı-mavi; pozitif değer sarı rengi, negatif değer ise mavi rengi belirtmektedir.

ΔL : Toplam (siyah-beyaz) renk değişimini vermektedir.

Δa : Toplam (kırmızı-yeşil) renk değişimini vermektedir.

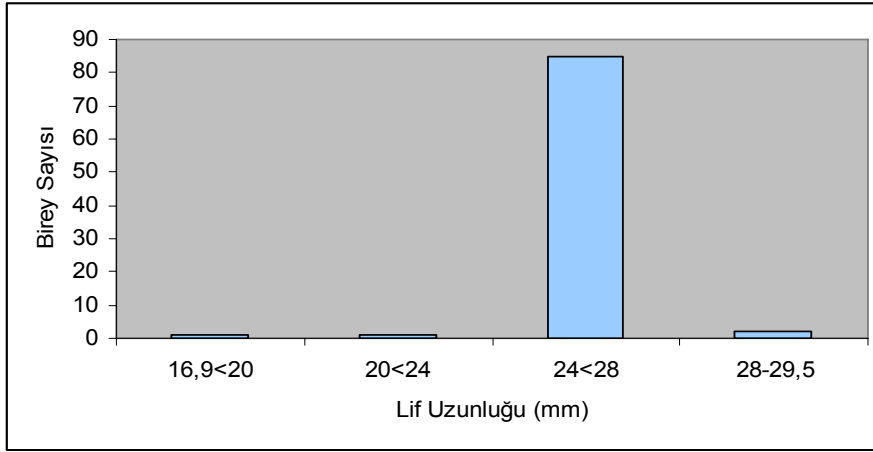
Δb : Toplam (sarı-mavi) renk değişimini vermektedir.

ΔE : Birbirinden bağımsız olarak incelenmiş toplam renk değişimini vermektedir.

4.2.3. Frekans grafikleri

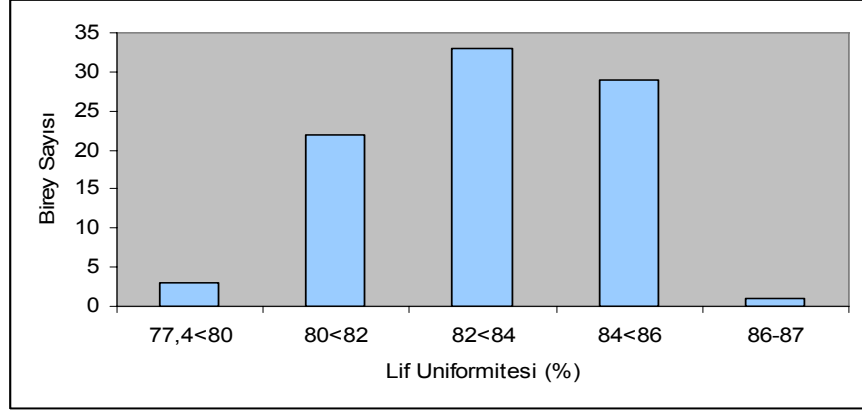
Lif fiziksel özelliklerine ilişkin ölçüm değerlerinin Yeşil x Nazilli 84 açılım popülasyonundaki dağılımlarını gösteren frekans grafikleri aşağıda (Şekil 4.2, 4.3 ve 4.4) yer almaktadır.

Lif uzunluğuna ilişkin frekans grafiği oluşturulduğunda; 16,9<20 mm aralığında 1 birey, 20<24 mm aralığında 1 birey, 24<28 mm aralığında 85 birey ve 28-29,5 aralığında ise 2 birey yer almıştır. Şekil 4.2’de Yeşil x Nazilli 84 melezi F₂ generasyonunda lif uzunluğu değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği sunulmuştur.



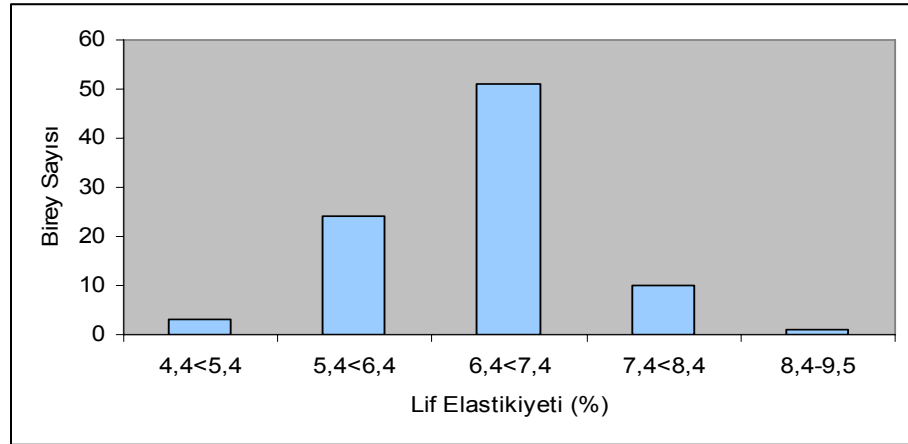
Şekil 4.2. Yeşil x Nazilli 84 melezi F₂ generasyonunda lif uzunluğu değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.

Lif uniformitesi (lif uzunluk uyumu) ile ilgili verilere bakıldığında; 3 bireyin % 77,4<80 aralığında, 22 bireyin % 80<82 aralığında, 33 bireyin % 82<84 aralığında, 29 bireyin % 84<86 aralığında ve 1 bireyin % 86-87 aralığında yer aldığı belirlenmiştir. Şekil 4.3’de Yeşil x Nazilli 84 melezi F₂ generasyonunda lif uniformitesi değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği verilmiştir.



Şekil 4.3. Yeşil x Nazilli 84 melezi F_2 generasyonunda lif uniformitesi değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.

Lif elastikiyetine ilişkin ölçümler değerlendirildiğinde; 3 bireyin % 4,4<5,4 aralığında, 24 bireyin % 5,4<6,4 aralığında, 51 bireyin % 6,4<7,4 aralığında, 10 bireyin % 7,4<8,4 aralığında ve 1 bireyin ise % 8,4-9,5 aralığında yer aldığı görülmüştür. Şekil 4.4'de Yeşil x Nazilli 84 melezi F_2 generasyonunda lif elastikiyetine ilişkin değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği verilmiştir.



Şekil 4.4. Yeşil x Nazilli 84 melezi F_2 generasyonunda lif elastikiyeti değerlerinin birey sayısına göre dağılım grafiği.

4.2.4. İstatistik veriler

Yeşil x Nazilli 84 melezi F_2 bireylerinde ölçümlenen lif fiziksel değerlerine ilişkin temel istatistik parametreleri Microsoft Office Excel programı ile hesaplanmıştır. Lif uzunluğu, lif uniformitesi ve lif elastikiyeti özelliklerine

ilişkin değerlerin minimum, maksimum, ortalama, varyans, standart sapma ve değişim katsayısı değerleri Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Yeşil x Nazilli 84 melezi F₂ bireylerinin lif fiziksel özelliklerine ilişkin değerlerin minimum, maksimum, ortalama, varyans, standart sapma ve değişim katsayısı (CV) değerleri.

	Min.	Mak.	Ort.	Varyans	Standart Sapma	CV (%)
Uzunluk	16,9	29,5	26,3	2,21	1,49	5,65
Uniformite	77,4	87	83,04	2,92	1,71	2,06
Elastikiyet	4,4	9,5	6,67	0,53	0,73	10,89

4.2.5. X² ve kalıtım analizleri

Yeşil x Nazilli 84 melezi F₂ bireylerinde ölçümlenen lif fiziksel özellikleri ve renk değerlerine (L ve a) ilişkin X² ve kalıtım analizleri TARİST (Tarımsal Araştırma İstatistik) Programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

F₂ popülasyonunda lif rengi dağılımı için X² analizi sonuçları Çizelge 4.4’de yer almaktadır.

Çizelge 4.4. F₂ popülasyonunda lif rengi dağılımı için X² analiz sonuçları.

	X ²	P (%5)
Beyaz	0,025	
Yeşil	0,0086	
Toplam	0,0336	3,84

X² toplam değeri olan 0,0336, % 5 olasılık tablo değeri olan 3,84 değerinden küçük olduğu için, lif rengi 3:1 açılım teorisine uymaktadır. Bu nedenle, yeşil rengin tek gen tarafından idare edildiği söylenebilir.

Bununla birlikte, Yeşil x Nazilli 84 melezinin F_2 generasyonunda lif fiziksel özellikleri ve lif renk değerleri ile yapılan kalıtım analizlerinde aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir:

Lif uzunluğu, yapılan X^2 analizleri sonucu herhangi bir açılım teorisine uymamaktadır. Bu nedenle, çok genli (poligenik) bir kalıtım göstermekte ve lif uzunluğunun artışı ve azalışı yönünde transgresif açılma gözlenmektedir.

Lif uniformitesi, yapılan X^2 analizleri sonucu herhangi bir açılım teorisine uymamaktadır. Bu nedenle, çok genli bir kalıtım göstermekte ve lif uniformitesinin artışı yönünde transgresif açılma gözlenmektedir

Lif elastikiyetinin, yapılan X^2 analizi sonucunda digenik bir kalıtım gösterdiği, ancak 15:1 oranında epistatik interaksiyon sergilediği ve açılmanın çift dominant epistasi şeklinde olduğu belirlenmiştir. Lif elastikiyetinin artışı ve azalışı yönünde transgresif açılma gözlenmektedir. Çizelge 4.5'de F_2 popülasyonunda lif elastikiyeti özelliği için X^2 analiz sonuçları yer almaktadır.

Çizelge 4.5. F_2 popülasyonunda lif elastikiyeti özelliği için X^2 analiz sonuçları.

	X^2	P (%5)
15	0,29	
1	2,7	
Toplam	2,75	3,84

X^2 toplam değeri olan 2,75, % 5 olasılık tablo değeri olan 3,84 değerinden küçük olduğu için lif elastikiyeti 15:1 açılım teorisine uymaktadır.

L değerinin, yapılan X^2 analizleri sonucu herhangi bir açılım teorisine uymadığı ve bu nedenle çok genli bir kalıtım gösterdiği belirlenmiştir.

a değerinin ise, yapılan X^2 analizleri sonucu herhangi bir açılım teorisine uymadığı, bu nedenle çok genli bir kalıtım gösterdiği, ayrıca düşük ve yüksek a değeri bakımından transgresif açılmaların söz konusu olduğu belirlenmiştir.

4.2.6. Korelasyon analizleri

Yeşil x Nazilli 84 melezi F_2 popülasyonunda lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili korelasyon analizleri TARİST Programı kullanılarak yapılmıştır. Çizelge 4.6'da F_2 popülasyonuna ait korelasyon sonuçları yer almaktadır. Buna göre;

Lif uzunluğu, lif uniformitesi ile pozitif (% 22) ve $P<0,05$ ile önemli, lif elastikiyeti ile ise pozitif (% 41) ve $P<0,01$ ile önemli bir korelasyon göstermektedir. Bununla birlikte lif uniformitesi, elastikiyet ile pozitif (% 51) ve önemli ($P<0,01$) bir ilişki göstermektedir.

Lif renk verilerine bakıldığında; L değerinin b değeri ile pozitif (% 27) ve % 1 düzeyinde önemli ($P<0,01$), diğer yandan ΔL , Δa , Δb , ve ΔE değerleri ile negatif yönde ve % 1 düzeyinde önemli ($P<0,01$) bir ilişki gösterdiği anlaşılmaktadır.

Bununla birlikte, a değeri, b, Δa ve Δb değerleri ile sırasıyla % 29, % 62 ve % 28 olmak üzere önemli ($P<0,01$) bir korelasyon sergilemektedir.

b değerinin, ΔL ile negatif (% 81) ve $P<0,01$ ile önemli, Δa ile negatif (% 22) ve $P<0,05$ ile önemli ve Δb ile ise pozitif (% 52) ve $P<0,01$ ile önemli bir ilişki içinde olduğu belirlenmiştir.

Diğer yandan, ΔL değerinin Δa (% 47) ile, Δa değerinin Δb (% 52) ve ΔE (% 63) ile, Δb değerininse ΔE (% 87) ile pozitif ve önemli ($P<0,01$) bir korelasyon gösterdiği belirlenmiştir.

Çizelge 4.6. F₂ popülasyonunda lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili korelasyon tablosu.

Özellik	Uzunluk	Uniformite	Elastikiyet	L	a	b	ΔL	Δa	Δb
Uniformite	0,22*								
Elastikiyet	0,41**	0,51**							
L	0,07	0,11	0,08						
a	0,06	0,16	0,17	-0,01					
b	-0,02	0,19	0,01	0,27**	0,29**				
Δ L	0,06	-0,20	-0,07	-0,40**	-0,12	-0,81**			
Δ a	0,00	-0,09	-0,02	-0,73**	0,62**	-0,22*	0,47**		
Δ b	-0,06	0,01	-0,09	-0,64**	0,28**	0,52**	-0,14	0,52**	
Δ E	-0,10	-0,04	-0,07	-0,89**	0,15	0,17	-0,01	0,63**	0,87**

* İşaretli değerler % 5 düzeyinde önemlidir.

** İşaretli değerler % 1 düzeyinde önemlidir.

4.3. Lif Fiziksel Özelliklerine İlişkin Genotipik Analizler

4.3.1. Yeşil x Nazilli 84 F₂ generasyonunda genotipik açılmalar

F₂ generasyonundaki genotipik açılmaların belirlenmesi için AFLP analizleri gerçekleştirilmiştir. DNA markır analizleri yapılırken, ebeveynlerde polimorfizm gösteren DNA markırları F₂ popülasyonundaki bireylere uygulanmıştır.

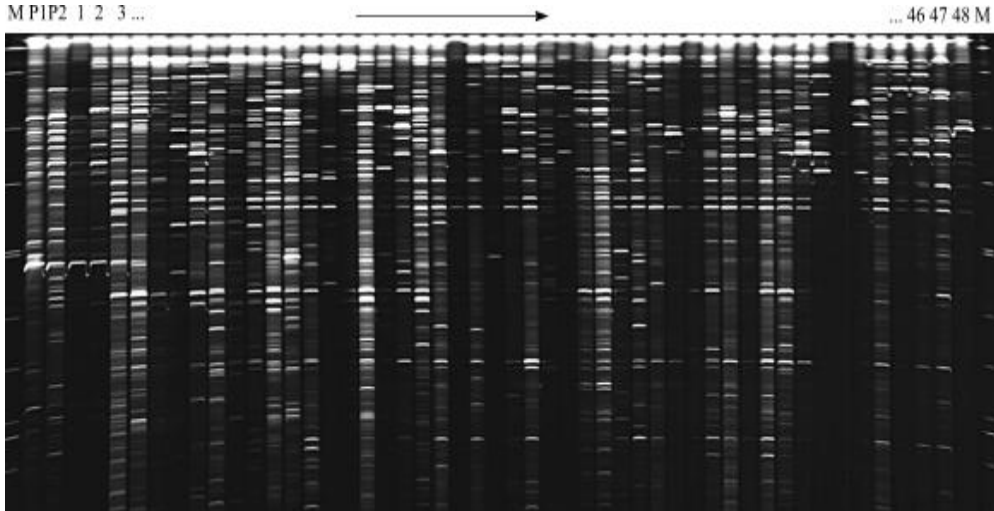
4.3.1.1. AFLP analizi

Çizelge 4.7'de AFLP kiti ile birlikte gelen standart primer kombinasyonlarını gösteren tablonun üzerinde polimorfizm gösteren ve göstermeyen (X ile gösterilmiştir) primer kombinasyonları ile polimorfizm gösteren primer kombinasyonlarının polimorfik bant sayıları yer almaktadır. Buna göre; toplam 64 primer kombinasyonundan 52 adedi denenmiş, 12 adedi denenmemiştir (- ile gösterilmiştir). Denenen primer kombinasyonlarından 26 adedi F₂ popülasyonunda polimorfizm göstermiştir. Polimorfizm gösteren DNA bantları skorlanmış ve toplam 240 adet markır elde edilmiştir.

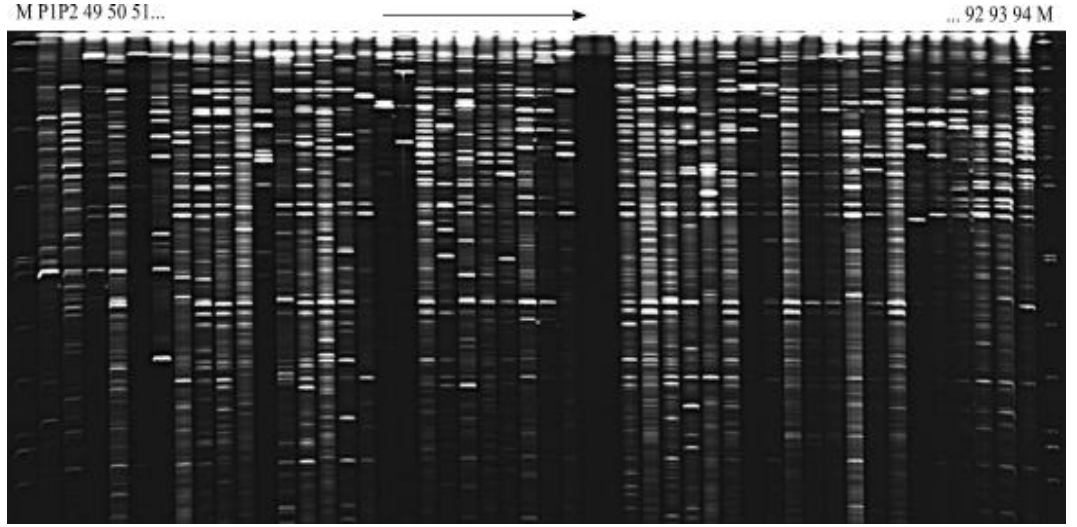
Çizelge 4.7. F₂ generasyonunda polimorfizm gösteren AFLP primer kombinasyonları ve polimorfik bant sayıları.

		MCAA	MCAC	MCAG	MCAT	MCTA	MCTC	MCTG	MCTT
700 nm	EAAC	5	X	16	6	8	X	X	-
	EAAG	14	X	X	X	4	11	X	-
	EACA	28	8	X	7	X	X	-	-
	EACC	X	2	3	X	X	X	-	-
800 nm	EACG	8	X	5	X	6	X	2	-
	EACT	16	X	X	5	4	9	X	-
	EAGC	14	9	13	9	7	X	-	-
	EAGG	X	7	14	X	X	X	-	-

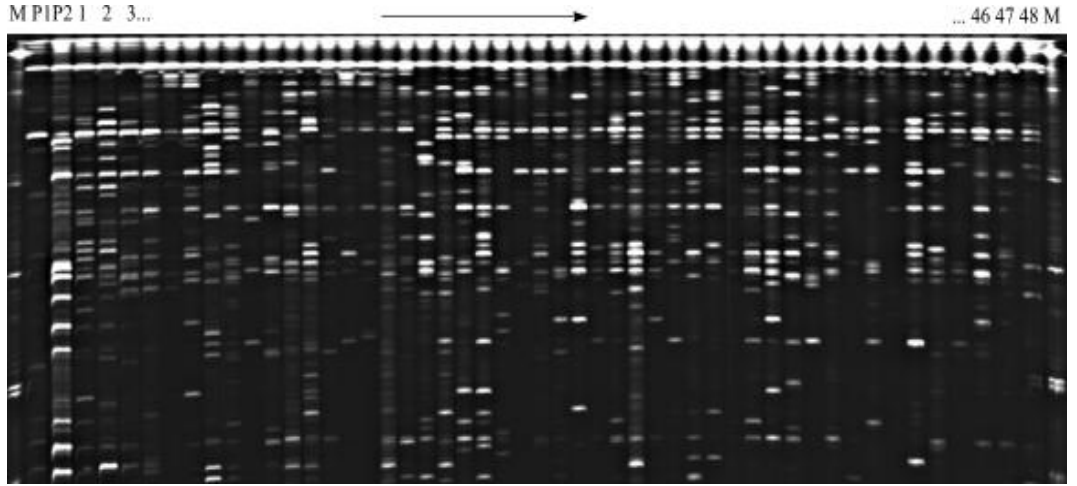
Aşağıda Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin AFLP primer kombinasyonları ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin bazı jel görüntüleri (Şekil 4.5.a, 4.5.b, 4.6 ve 4.7) yer almaktadır.



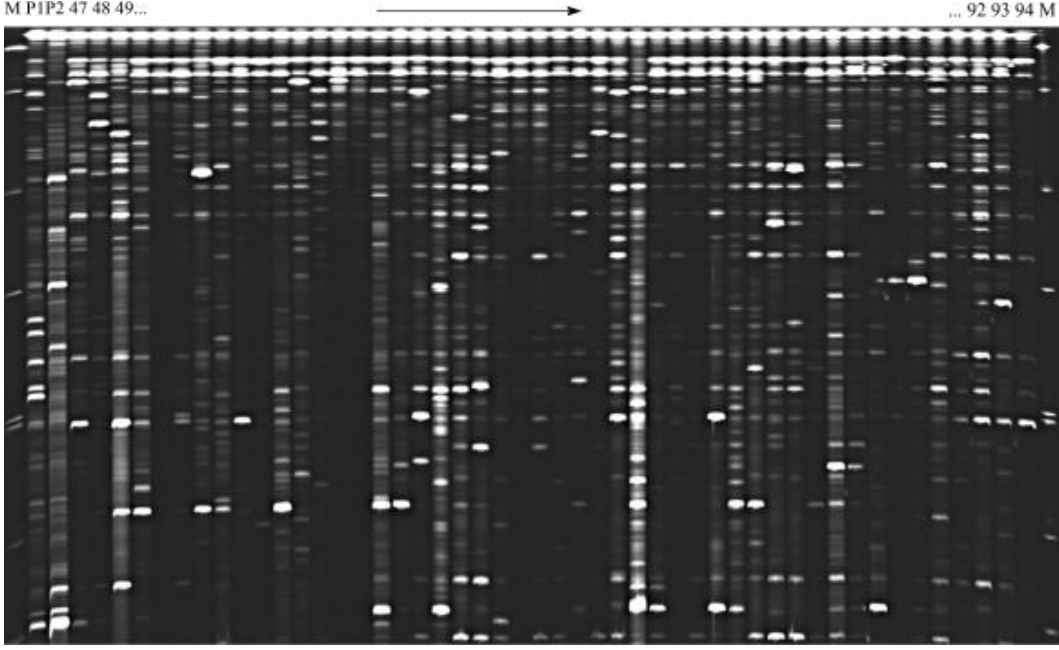
Şekil 4.5.a. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F₂ popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAA EAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü. (Şekilde 1. ve sonuncu kuyucuğa moleküler ağırlık markırı (M), 2. ve 3. kuyucuklara ebeveynler (P1 ve P2), diğer kuyucuklara ise F₂ bireyelerine (1'den 48'e kadar) ait DNA'lar yüklenmiştir.)



Şekil 4.5.b. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F_2 popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAA EAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü. (Şekilde 1. ve sonuncu kuyucuğa moleküler ağırlık markırı (M), 2. ve 3. kuyucuklara ebeveynler (P1 ve P2), diğer kuyucuklara ise F_2 bireylerine (49'dan 94'e kadar) ait DNA'lar yüklenmiştir.)



Şekil 4.6. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F_2 popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAGEAGC(800) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü. (Şekilde 1. ve sonuncu kuyucuğa moleküler ağırlık markırı (M), 2. ve 3. kuyucuklara ebeveynler (P1 ve P2), diğer kuyucuklara ise F_2 bireylerine (1'den 48'e kadar) ait DNA'lar yüklenmiştir.)



Şekil 4.7. Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynleri ile F_2 popülasyonunu oluşturan bireylerin MCAAEEAAC(700) primer kombinasyonu ile polimorfizm gösteren bantlarına ilişkin jel görüntüsü. (Şekilde 1. ve sonuncu kuyucuğa moleküler ağırlık markırı (M), 2. ve 3. kuyucuklara ebeveynler (P1 ve P2), diğer kuyucuklara ise F_2 bireyelerine (47'den 94'e kadar) ait DNA'lar yüklenmiştir.)

4.4. Genom Haritalama Çalışmaları

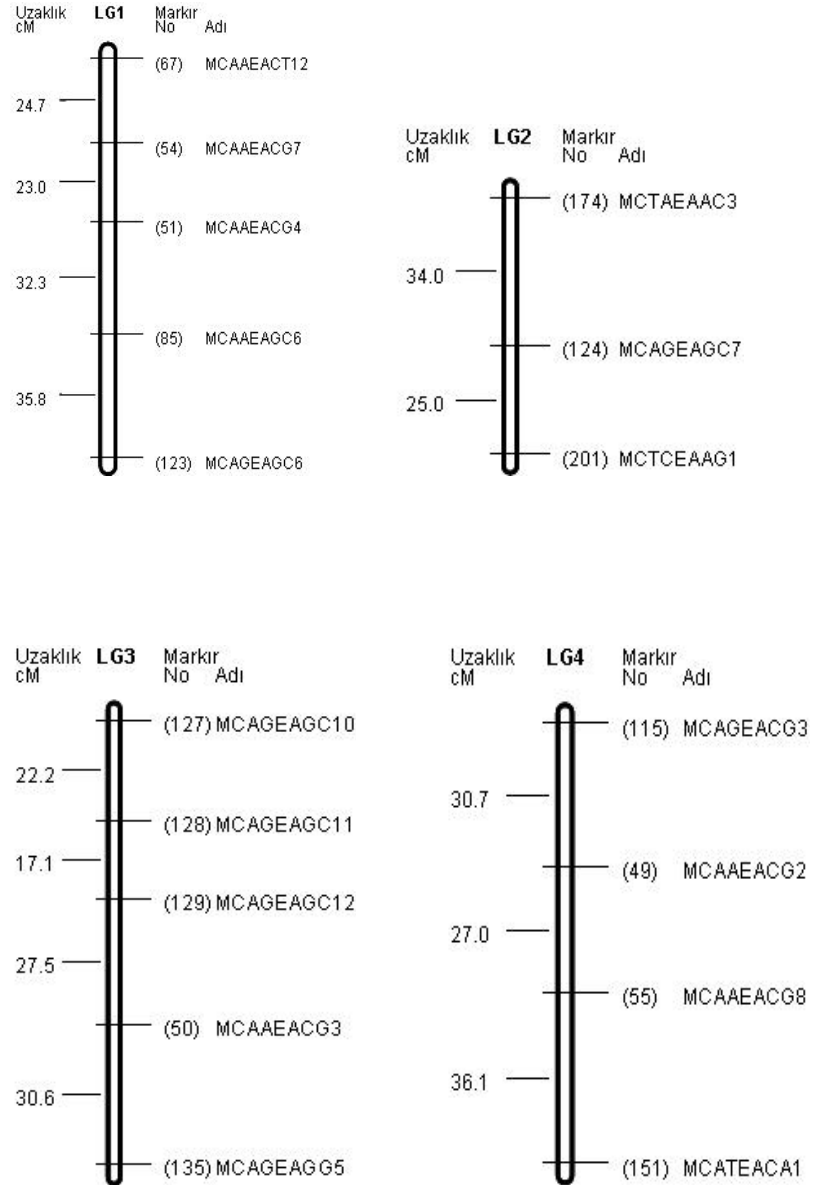
Yeşil x Nazilli 84 F_2 popülasyonunda genom haritalama çalışmaları MAPMAKER programında gerçekleştirilmiştir. Haritalama çalışmasından önce text dosyasına dönüştürülmüş olan skor sonuçları JOINMAP4 programında açılmış, yazım ve skorum hataları kontrol edilmiştir. Tespit edilen az sayıda skorum hatası jel görüntülerine dönülerek kontrol edildikten sonra gerekli düzeltmeler yapılmıştır.

4.4.1. Yeşil x Nazilli 84 F_2 popülasyonunda genom haritalama

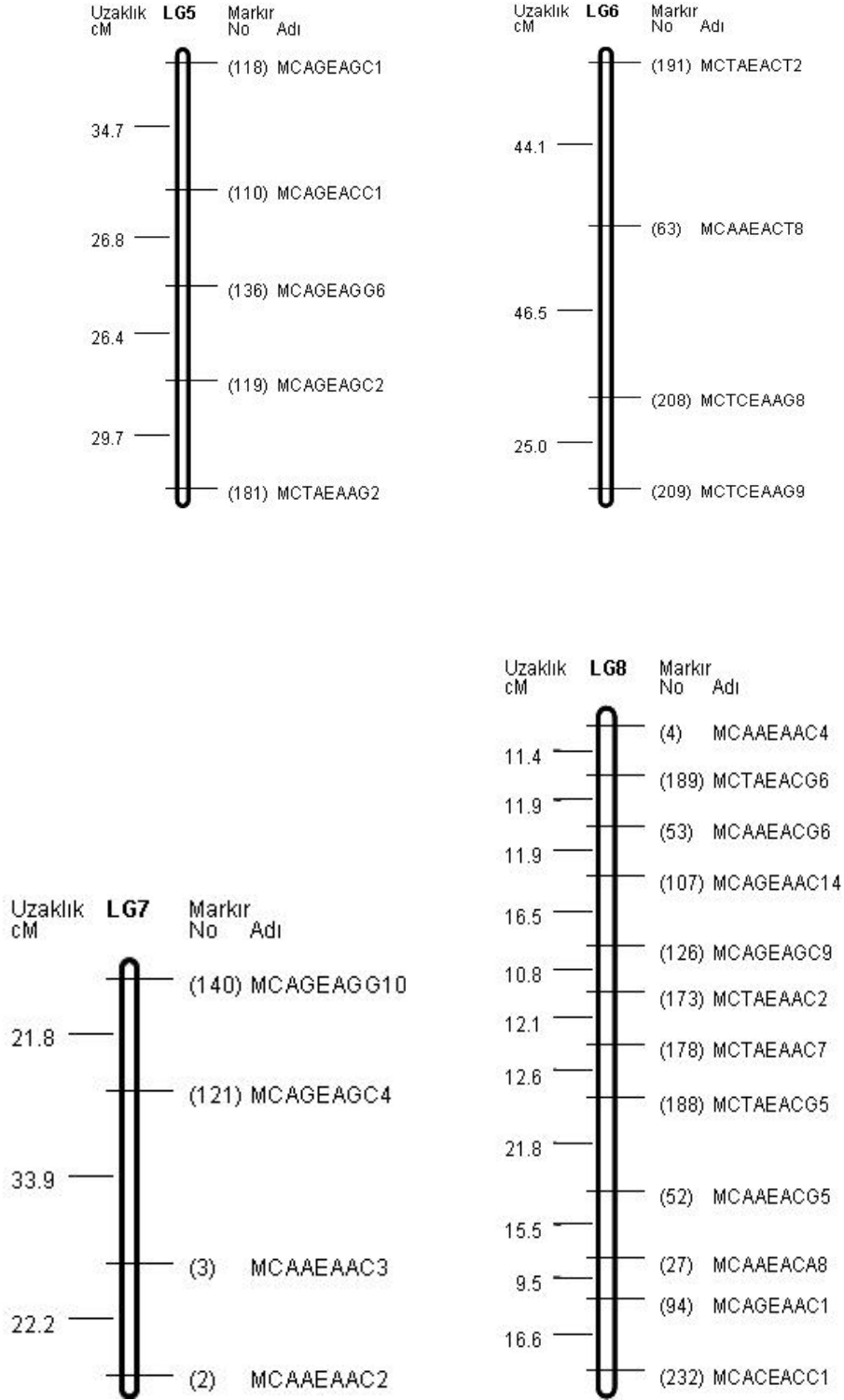
Yeşil x Nazilli 84 açılım popülasyonunda yapılan haritalama çalışması sonucunda; elde edilen toplam 240 AFLP markırından 123 adedi genom haritasında yer almış, geriye kalan 117 markır herhangi bir bağlantı grubunda yer alamamıştır. Oluşturulan genom haritası 2068,5 cM olup, 27 bağlantı grubundan

(LG) meydana gelmiştir. Haritada iki markır arası ortalama uzaklık 16,8 cM olarak hesaplanmıştır.

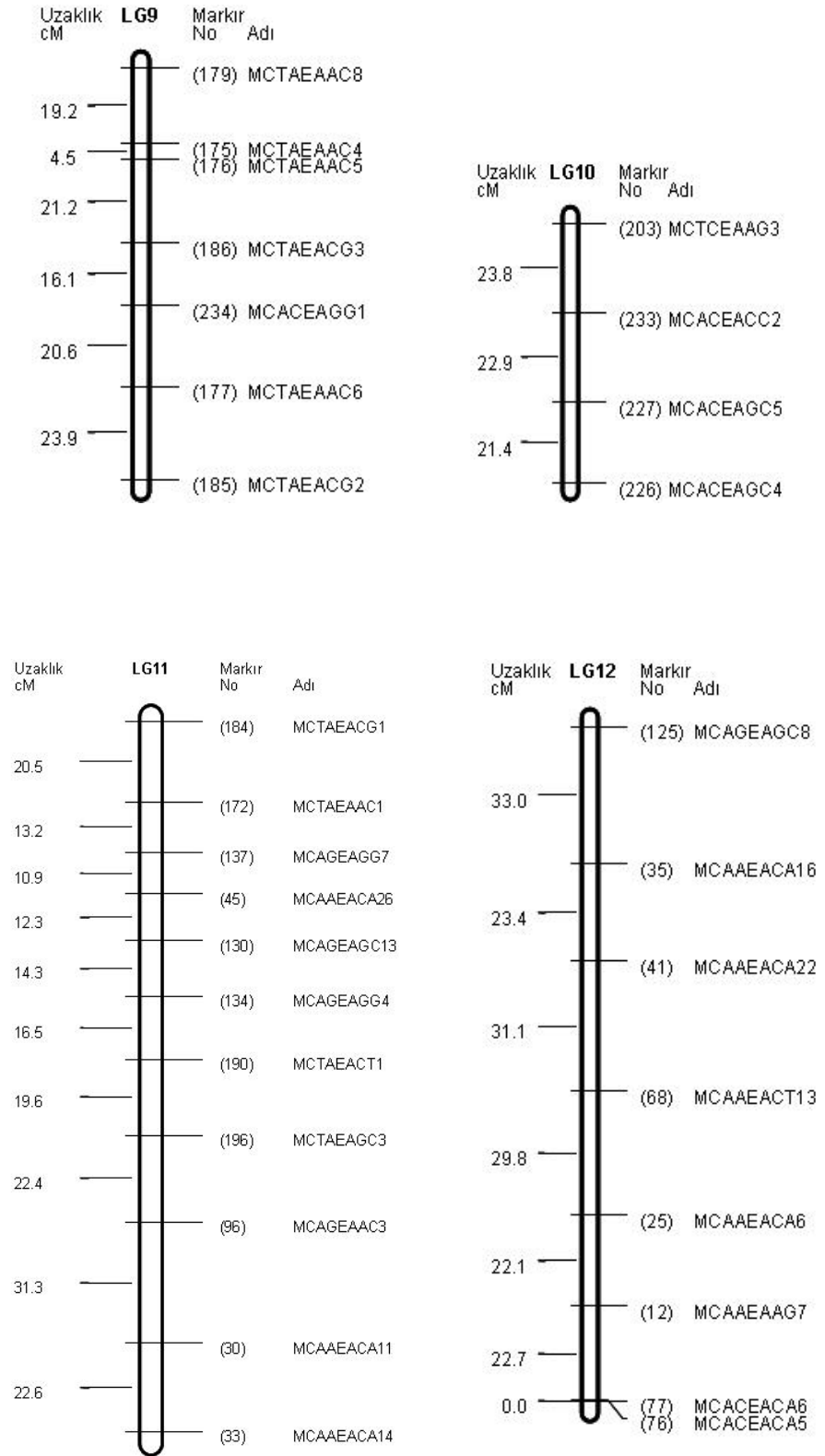
Şekil 4.8.a ve 4.8.b'de bağlantı genom haritaları yer almaktadır. Şekil 4.8.a'da yer alan bağlantı genom haritaları majör grupları, Şekil 4.8.b'de yer alan ve yalnız iki markırdan oluşan bağlantı genom haritaları ise minör grupları göstermektedir.



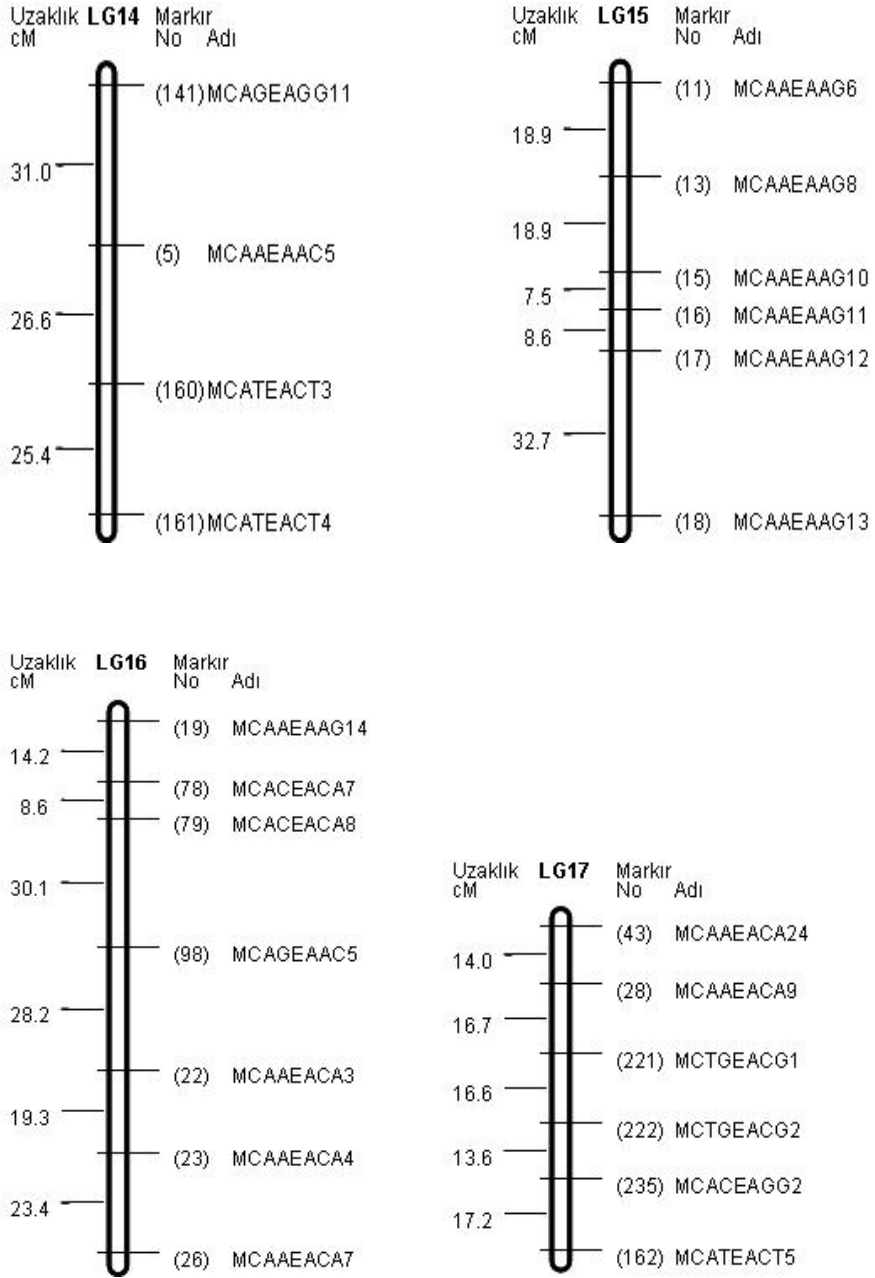
Şekil 4.8.a. Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).



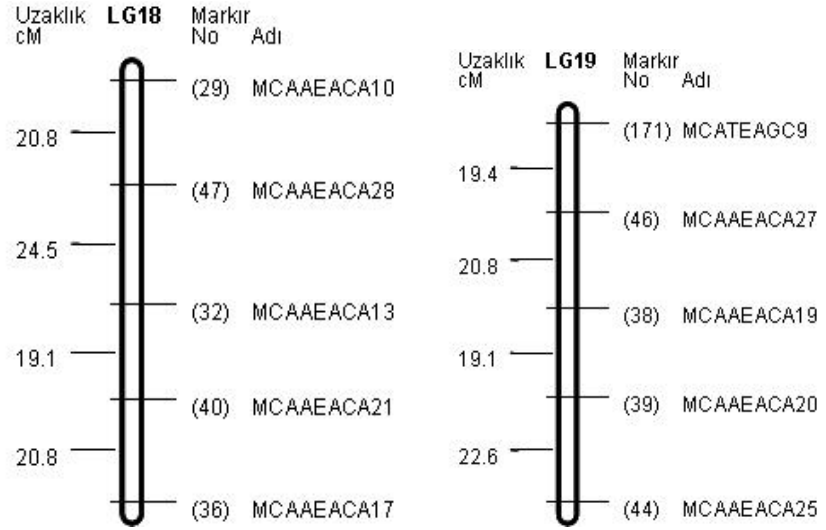
Şekil 4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).



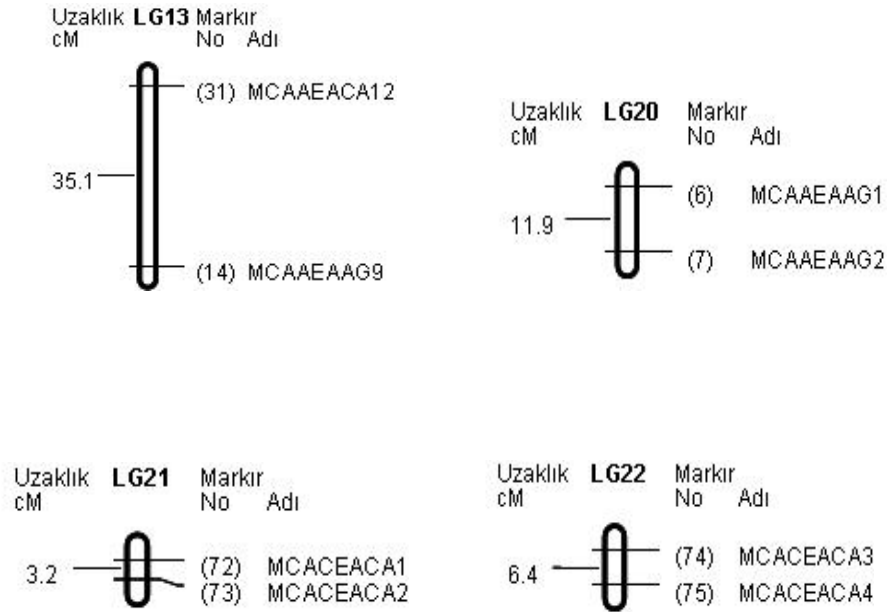
Şekil 4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).



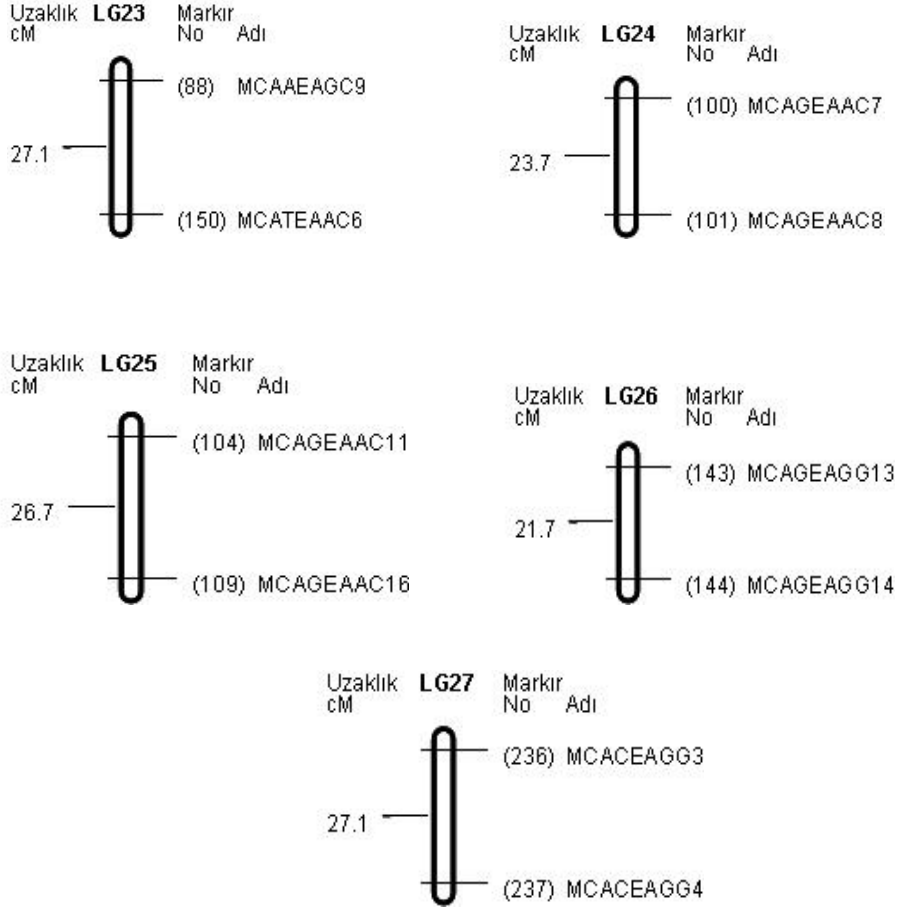
Şekil 4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).



Şekil 4.8.a. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (majör gruplar).



Şekil 4.8.b. Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (minör gruplar).



Şekil 4.8.b. (devam) Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda elde edilen bağlantı genom haritaları (minör gruplar).

Çizelge 4.8.'de F₂ popülasyonuna ait genom haritasında yer alan majör ve minör bağlantı grupları ve özellikleri yer almaktadır. Buna göre;

Bağlantı Grubu 1 (LG1), 115,8 cM uzunluğunda ve 5 markırdan oluşmaktadır. Markırlar haritanın % 4,06'sını oluşturmuşlardır. İki markır arasındaki ortalama uzaklık 23,16 cM olarak hesaplanmıştır. Bu grupta yer alan markırların adları Şekil 4.8.a'da gösterilmiştir.

LG2, MCTAEAAC3, MCAGEAGC7 ve MCTCEAAG1 markırlarının haritalanmasıyla oluşturulmuş bir bağlantı grubudur. İki markır arası ortalama uzaklık 19,67 olup toplam 59 cM uzunluğundadır.

LG3, LG5, LG18 ve LG19, 5 AFLP markırının haritalanması ile oluşan majör gruplardır. Uzunlukları sırasıyla 97,4, 117,6, 85,2 ve 81,9 cM olan bu

bağlantı gruplarında iki markır arası ortalama uzaklıklar sırasıyla 19,48, 23,52, 17,04 ve 16,38 cM olarak hesaplanmıştır.

LG4, LG6, LG7, LG10 ve LG14, 4 markırdan oluşan bağlantı gruplarıdır. Bu grupların uzunlukları sırasıyla 93,8, 115,6, 77,9, 68,1 ve 83 cM'dir. İki markır arasındaki ortalama uzaklıklar ise sırasıyla 23,45, 28,9, 19,47, 17,02 ve 20,75 cM'dir.

LG8, oluşturulan bağlantı haritalarının içinde en fazla sayıda markırın yer aldığı majör bir gruptur. 12 markır ile haritanın % 9,76'sını temsil etmektedir. Toplam 150,6 cM uzunluğunda olan haritada iki markır arasındaki ortalama uzaklık 12,55 cM'dir.

LG9 ve LG16, 7 markırın haritalanması ile oluşan majör bağlantı gruplarıdır. 105,5 ve 123,8 cM uzunluğunda olan bu gruplarda iki markır arası ortalama uzaklıklar 15,07 ve 17,69 cM olarak hesaplanmıştır.

LG11, 183,6 cM uzunluğu ile bağlantı gruplarının en büyüğünü oluşturmaktadır. 11 markırın haritalandığı majör grupta iki markır arası ortalama uzaklık 16,69 cM'dir.

LG12, 8 markırdan oluşan 162,1 cM uzunluğunda olan majör bir bağlantı grubudur. Bu markırlar toplam genom haritasındaki markırların % 6,5'ini temsil etmektedir. İki markır arasındaki ortalama uzaklık 20,26 cM olarak hesaplanmıştır.

LG15 ve LG17, 6 markırın haritalanmasıyla oluşan majör gruplardır. Sırasıyla 86,6 ve 78,1 cM uzunluğunda olan bu gruplarda iki markır arası ortalama uzaklıklar sırasıyla 14,43 ve 13,02 cM olarak hesaplanmıştır.

LG13, LG20, LG21, LG22, LG23, LG24, LG25, LG26 ile LG27 grupları, 2 markırdan oluşan minör bağlantı gruplarıdır. Minör grupların içinde en kısa bağlantı grubunu 3,2 cM ile LG21, en uzun bağlantı grubunu ise 35,1 cM ile LG13 oluşturmaktadır. Diğer gruplar ise uzunlukları bakımından küçükten büyüğe sırasıyla 6,4 cM ile LG22, 11,9 cM ile LG20, 21,7 cM ile LG26, 23,7 cM

ile LG24, 26,7 cM ile LG25 ve 27,1 cM ile LG23 ve LG27'dir. Minör grupların yalnızca iki markırın haritalanmasıyla oluşması nedeniyle iki markır arasındaki ortalama uzaklık hesabı yapılmamıştır.

Çizelge 4.8. F₂ popülasyonu ile elde edilen genom haritasında yer alan majör ve minör bağlantı grupları ve özellikleri.

	Bağlantı Grubu (LG)	Uzunluk (cM)	Markır Sayısı	İki Markır Arası Ortalama Uzaklık (cM)
Majör Gruplar	LG1	115,8	5 (% 4,06)	23,16
	LG2	59	3 (% 2,44)	19,67
	LG3	97,4	5 (% 4,06)	19,48
	LG4	93,8	4 (% 3,25)	23,45
	LG5	117,6	5 (% 4,06)	23,52
	LG6	115,6	4 (% 3,25)	28,9
	LG7	77,9	4 (% 3,25)	19,47
	LG8	150,6	12 (% 9,76)	12,55
	LG9	105,5	7 (% 5,69)	15,07
	LG10	68,1	4 (% 3,25)	17,02
	LG11	183,6	11 (% 8,94)	16,69
	LG12	162,1	8 (% 6,50)	20,26
	LG14	83	4 (% 3,25)	20,75
	LG15	86,6	6 (% 4,88)	14,43
	LG16	123,8	7 (% 5,69)	17,69
	LG17	78,1	6 (% 4,88)	13,02
	LG18	85,2	5 (% 4,06)	17,04
	LG19	81,9	5 (% 4,06)	16,38
	Minör Gruplar	LG13	35,1	2 (%1,63)
LG20		11,9	2 (%1,63)	-
LG21		3,2	2 (%1,63)	-
LG22		6,4	2 (%1,63)	-
LG23		27,1	2 (%1,63)	-
LG24		23,7	2 (%1,63)	-
LG25		26,7	2 (%1,63)	-
LG26		21,7	2 (%1,63)	-
LG27		27,1	2 (%1,63)	-
TOPLAM	27	2068,5	123 (%100)	16,8

4.5. QTL Analiz Çalışmaları

Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda QTL analizleri QGENE programı kullanılarak yapılmıştır. QTL analizleri için markır verilerinin yanında lif renk değerleri ve fiziksel özellikleri ile ilgili fenotipik veriler de programa aktarılmıştır. Tek Markır Analizi kullanılarak gerçekleştirilen analizler sonucunda lif renk ve fiziksel özellikleri ile ilgili QTL bölgeleri saptanmıştır.

Aşağıda açılım popülasyonunda lif uzunluğu, lif uniformitesi, lif elastikiyeti, L, a, b, ΔL , Δa , Δb ve ΔE özellikleri ile ilgili QTL'lerin belirlendiği Tek Markır Analizi sonuçları yer almaktadır.

4.5.1. Lif uzunluğu ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.9'da açılım popülasyonunda lif uzunluğu özelliği için gerçekleştirilen Tek Markır Analizi sonuçları verilmektedir.

Yapılan analiz sonucuna göre; 4 adet markırın lif uzunluğu ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Bu markırlardan 2 adedi (MCAAEACG7 ve MCAAEACT12) LG1 ve MCTAEAAC2 LG8 üzerinde yer almakta, MCATEACA5 markırını ise herhangi bir LG'de yer almamaktadır. LG1 üzerinde yer alan markırlar en yüksek LOD değerlerine sahip olup, lif uzunluğu ile ilgili fenotipik varyasyonun sırasıyla % 14,70 ve % 13,72'sini açıklamaktadırlar. LG8'de yer alan markır fenotipik varyasyonun % 9,39'unu, herhangi bir LG üzerinde yer almayan MCATEACA5 markırını ise fenotipik varyasyonun % 8,55'ini açıklamaktadır. Markırların yer aldığı LG numaraları, R², LOD ve P değerleri Çizelge 4.9'da verilmiştir.

Çizelge 4.9. Tek Markır Analizi sonucu lif uzunluğu ile ilgili elde edilen bulgular.

Lif Uzunluğu (mm)				
Markır Adı	LG	R ²	LOD	P
MCAAEEACG7	1	0,1470	2,9	0,0016
MCAAEEACT12	1	0,1372	2,82	0,0019
MCTAEAAC2	8	0,0939	1,82	0,0176
MCATEACA5	-	0,0855	1,63	0,0268

4.5.2. Lif uniformitesi ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.10'da açılım popülasyonunda lif uniformitesi özelliği için yapılan Tek Markır Analizi sonuçları yer almaktadır.

Lif uniformitesi için yapılan analiz sonucunda özellikle ilişkili 2 QTL tespit edilmiş ancak her iki markırın da herhangi bir bağlantı grubunda yer almadığı belirlenmiştir. Uniformite ile ilişkili oldukları belirlenen MCTCEAAG10 ve MCAGEAGG1 markırlarının fenotipik varyasyonu açıklama oranları sırasıyla % 9,14 ve % 5,92'dir. Markırların yer aldığı LG numaraları, R², LOD ve P değerleri Çizelge 4.10'da verilmiştir.

Çizelge 4.10. Tek Markır Analizi sonucu lif uniformitesi ile ilgili elde edilen bulgular.

Lif Uniformitesi (%)				
Markır Adı	LG	R ²	LOD	P
MCTCEAAG10	-	0,0914	1,79	0,0187
MCAGEAGG1	-	0,0592	1,18	0,0724

4.5.3. Lif elastikiyeti ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.11’de lif elastikiyeti ile ilgili QTL analizi sonuçları yer almaktadır.

Tek markır analizi sonucunda; 2 markır lif elastikiyeti özelliği ile ilgili bulunmuştur. Bu markırlardan MCACEAGG6, 2,48’lik LOD değeri ile tek başına fenotipik varyasyonun % 12,17’sini açıklamaktadır. MCTAEACT4’nin ise fenotipik varyasyonun % 7,95’ini açıklayabildiği tespit edilmiştir. Bu markırların ikisi de herhangi bir bağlantı grubunda yer alamamıştır. Markırların bulunduğu LG numaraları, R², LOD ve P değerleri Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11. Tek Markır Analizi sonucu lif elastikiyeti ile ilgili elde edilen bulgular.

Lif Elastikiyeti (%)				
Markır Adı	LG	R ²	LOD	P
MCACEAGG6	-	0,1217	2,48	0,004
MCTAEACT4	-	0,0795	1,6	0,0284

4.5.4. L değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.12’de açılım popülasyonunda L değeri için yapılan Tek Markır Analizi sonuçları yer almaktadır.

Tek Markır Analizi sonucunda 5 markırın L değeri ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. LG12 üzerinde bulunan MCACEACA5 ve MCACEACA6 markırları L değeri ile ilgili LOD değeri 3,11 olup, fenotipik varyasyonun % 14,56’sını açıklamaktadırlar. LG 15’de bulunan MCAAEAAG8 markırının fenotipik varyasyonu açıklama oranı % 11,12, LG20’de bulunan MCAAEAAG2’ninki % 9,85 ve herhangi bir LG üzerinde bulunmayan MCAGEACC2 markırının fenotipik varyasyonu açıklama oranı ise % 8,66’dır. Markırların yer aldığı LG numaraları, R², LOD ve P değerleri Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.12. Tek Markır Analizi sonucu L değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

L				
Markır Adı	LG	R ²	LOD	P
MCACEACA5	12	0,1456	3,11	0,001
MCACEACA6	12	0,1456	3,11	0,001
MCAAEAAG8	15	0,1112	2,33	0,0056
MCAAEAAG2	20	0,0985	2,05	0,0104
MCAGEACC2	-	0,0866	1,79	0,0186

4.5.5. a değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.13’de F₂ popülasyonunda a değeri için gerçekleştirilen Tek Markır Analizi sonuçları verilmektedir.

Yapılan analiz sonucunda; a değeri ile ilgili 4 farklı bağlantı grubunda yer alan 4 adet markır belirlenmiştir. MCTCEAAG1 markırını LG2’de, MCTAEACG2 markırını LG9’da, MCACEACC2 markırını LG10’da ve MCAAEEACA13 markırını ise LG18’de lif renk değerlerinden a ile ilişkili bulunmuştur. Elde edilen QTL’ler fenotipik varyasyonu % 8,51 ile % 12,99 arasında açıklamaktadır. Markırınların yer aldığı LG numaraları, R², LOD ve P değerleri Çizelge 4.13’de verilmiştir.

Çizelge 4.13. Tek Markır Analizi sonucu a değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

a				
Markır Adı	LG	R ²	LOD	P
MCACEACC2	10	0,1299	2,66	0,0027
MCTAEACG2	9	0,0866	1,79	0,0186
MCTCEAAG1	2	0,0851	1,7	0,0228
MCAAEEACA13	18	0,1132	1,67	0,0256

4.5.6. b değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.14’de lif renk ölçümlerinden b değeri ile ilgili QTL analizi sonuçları yer almaktadır.

Tek Markır Analizi sonucunda; b değeri ile ilgili bulunan 4 adet markırdan 3’ünün (MCACEACA7, MCAAEEACA3 ve MCACEACA8) LG16 üzerinde yer aldığı, 4. markırın (MCATEAGC4) ise herhangi bir bağlantı grubunda yer almadığı belirlenmiştir. Markırların b değeri ile ilgili fenotipik varyasyonu açıklama oranları % 8,14 ile % 12,14 arasında değişmektedir. Markırların yer aldığı LG numaraları, R^2 , LOD ve P değerleri Çizelge 4.14’de verilmiştir.

Çizelge 4.14. Tek Markır Analizi sonucu b değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

b				
Markır Adı	LG	R^2	LOD	P
MCACEACA7	16	0,1157	2,43	0,0045
MCAAEEACA3	16	0,1214	2,39	0,0049
MCACEACA8	16	0,0871	1,8	0,0182
MCATEAGC4	-	0,0814	1,64	0,026

4.5.7. ΔL değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.15’de F_2 popülasyonunda ΔL değeri için gerçekleştirilen Tek Markır Analizi sonuçları verilmektedir.

Analiz sonuçlarına göre; ΔL değeri ile ilişkili 8 adet QTL belirlenmiştir. Belirlenen QTL’lerden 2’si (MCACEACA5 ve MCACEACA6) LG12’de, diğer 2’si (MCAAEEAAG8 ve MCAAEEAAG6) LG15’de, 1 adedi (MCAGEACG3) LG4’de, 1 adedi (MCAAEEACA3) LG16’da, bir diğeri (MCAAEEAAG2) LG20’de yer almakta, 1 adedi (MCAGEACC2) ise herhangi bir bağlantı grubunda yer almamaktadır. Markırlar içinde MCACEACA5 ve MCACEACA6 2,99 LOD değeri ile fenotipik varyasyonu % 14,04 oranında, diğer markırların fenotipik

varyasyonu açıklama oranları ise % 7,87 ile % 11,44 arasında değişmektedir. Markırların bulunduğu LG numaraları, R^2 , LOD ve P değerleri Çizelge 4.15’de verilmiştir.

Çizelge 4.15. Tek Markır Analizi sonucu ΔL değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

ΔL				
Markır Adı	LG	R^2	LOD	P
MCACEACA6	12	0,1404	2,99	0,0013
MCACEACA5	12	0,1404	2,99	0,0013
MCAAEAAG8	15	0,1144	2,4	0,0048
MCAAEAAG2	20	0,1040	2,17	0,008
MCAGEACC2	-	0,0880	1,82	0,0174
MCAAEACA3	16	0,0919	1,78	0,0192
MCAAEAAG6	15	0,0838	1,73	0,0212
MCAGEACG3	4	0,0787	1,62	0,0271

4.5.8. Δa değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.16’da lif renk ölçümlerinden Δa değeri ile ilgili QTL analizi sonuçları yer almaktadır.

Δa değeri ile ilgili QTL analiz sonuçlarına göre; 4 farklı bağlantı grubunda bulunan 4 adet markırın bu renk değeri ile ilgili olduğu tespit edilmiştir. Bu markırlardan MCACEACC2 en yüksek LOD (2,7) değerine sahip olup, fenotipik varyasyonu % 13,18 oranında açıklamaktadır. Diğer markırlar MCTAEACG2, MCAAEACA13 ve MCTCEAAG1 fenotipik varyasyonu sırasıyla % 8,10, % 11,32 ve % 8,27 oranında açıklamaktadır. Markırların bulunduğu LG numaraları, R^2 , LOD ve P değerleri Çizelge 4.16’da yer almaktadır.

Çizelge 4.16. Tek Markır Analizi sonucu Δa değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

Δa				
Markır Adı	LG	R^2	LOD	P
MCACEACC2	10	0,1318	2,7	0,0025
MCTAEACG2	9	0,0810	1,67	0,0243
MCAAEACA13	18	0,1132	1,67	0,0256
MCTCEAAG1	2	0,0827	1,65	0,0255

4.5.9. Δb değeri ile ilgili QTL analizi

Çizelge 4.17’de Δb değeri ile ilgili QTL analizi sonuçları yer almaktadır.

Çizelge 4.17. Tek Markır Analizi sonucu Δb değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

Δb				
Markır Adı	LG	R^2	LOD	P
MCACEACA7	16	0,1157	2,43	0,0045
MCAAEACA3	16	0,1214	2,39	0,0049
MCACEACA8	16	0,0866	1,79	0,0186
MCATEAGC4	-	0,0804	1,62	0,0272

Analiz sonuçlarına göre; LG16 üzerinde bulunan 3 adet markır MCACEACA7, MCAAEACA3 ve MCACEACA8 ile herhangi bir bağlantı grubunda yer almayan MCATEAGC4 Δb değeri ile ilişkili bulunmuştur. 2,43 ve 2,39’luk LOD değerleriyle fenotipik varyasyonu sırasıyla % 11,57 ve % 12,14 oranında açıklayan MCACEACA7 ve MCAAEACA3 markırlarını, daha düşük LOD değerleriyle (1,79 ve 1,62) fenotipik varyasyonu sırasıyla % 8,66 ve %8,04 oranında açıklayan MCAAEACA3 ve MCACEACA8 markırları takip etmektedir. Markırların bulunduğu LG numaraları, R^2 , LOD ve P değerleri Çizelge 4.17’de yer almaktadır.

4.5.10. ΔE değeri ile ilgili QTL analizi

Aşağıda yer alan Çizelge 4.18'de F_2 popülasyonunda ΔE değeri için gerçekleştirilen Tek Markır Analizi sonuçları verilmektedir.

Yapılan analiz sonucunda; açılım popülasyonunda ΔE değeri ile ilgili 6 adet QTL belirlenmiştir. QTL'lerin 2'si (MCACEACA5 ve MCACEACA6) LG12'de, 2'si (MCAAEAAG8 ve MCAAEAAG6) LG15'de, 1'i (MCAAEACA3) LG16 ve diğeri (MCAAEAAG2) LG20 üzerinde yer almaktadır. Markırların fenotipik varyasyonu açıklama oranı ise % 7,82 ile % 11,93 arasındadır. Markırların bulunduğu LG numaraları, R^2 , LOD ve P değerleri Çizelge 4.18'de yer almaktadır.

Çizelge 4.18. Tek Markır Analizi sonucu ΔE değeri ile ilgili elde edilen bulgular.

ΔE				
Markır Adı	LG	R^2	LOD	P
MCACEACA6	12	0,1193	2,51	0,0037
MCACEACA5	12	0,1193	2,51	0,0037
MCAAEACA3	16	0,1157	2,27	0,0065
MCAAEAAG8	15	0,0903	1,87	0,0155
MCAAEAAG2	20	0,0852	1,76	0,0199
MCAAEAAG6	15	0,0782	1,61	0,0277

Yapılan QTL analizleri sonucunda; lif fiziksel özellikleri ile ilgili 8, lif renk değerleri ile ilgili 35 olmak üzere toplam 43 QTL belirlenmiştir. Elde edilen QTL'lerden 4'ü lif uzunluğu, 2'si lif uniformitesi, 2'si lif elastikiyeti, 5'i L değeri, 4'ü a değeri, 4'ü b değeri, 8'i ΔL , 4'ü Δa , 4'ü Δb ve 6'sı ise ΔE değeri ile ilgili bulunmuştur. Lif fiziksel özellikleri ile ilgili QTL'lerin fenotipik varyasyonu % 5,9-14,7 arasında açıkladığı, renk değerleri ile ilgili QTL'lerin ise fenotipik varyasyonu % 7,8-14,6 arasında açıkladığı belirlenmiştir. Çizelge 4.19'da lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili belirlenen QTL'lerin sayısı ve fenotipik varyasyonu açıklama oranları (% R^2) verilmiştir.

Çizelge 4.19. Lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili QTL'lerin sayısı ve fenotipik varyasyonu açıklama oranları (% R²).

		QTL Sayısı	% R ²
Lif Fiziksel Özellikleri	Uzunluk	4	5,9-14,7
	Uniformite	2	
	Elastikiyet	2	
Lif Renk Değerleri	L	5	7,8-14,6
	a	4	
	b	4	
	ΔL	8	
	Δa	4	
	Δb	4	
	ΔE	6	
TOPLAM		43	

5. TARTIŞMA

Pamuk, Dünya genelinde 80'in üzerinde ülke tarafından üretimi yapılan ve birçok ülkenin ekonomisinde birincil önem taşıyan en önemli doğal lifdir. Upland pamuk, uzun lifli pamuk veya Meksika pamuğu olarak da bilinen *G. hirsutum* bugün Dünya pamuk üretiminin % 90'ından fazlasına cevap vermektedir (Zhang et al., 2008). Bununla birlikte, her ne kadar sentetik lifler tüketilen lifler içerisinde yüksek bir paya sahip olsa da, son yıllarda giderek önem kazanan çevre dostu yaklaşımlar ve üretim stratejileri insanların doğal ve organik ürünlere olan talebinde artışa neden olmuştur. Doğal liflerdeki birçok özelliğin kimyasal liflere kazandırılmaması da pamuğun ekonomik olarak Türkiye ve Dünya'daki cazibesini artan bir şekilde korumasını sağlamıştır.

Tekstil ve boya endüstrilerindeki hızlı teknolojik ilerlemeler beraberinde önemli çevre problemlerini de getirmiştir. Beyaz lifli pamuğun renklendirilmesi için yapılan ağartma ve boyama işlemleri sırasında kullanılan kimyasallar çevreye ve insan sağlığına olumsuz etkilerde bulunmaktadır. Bu kimyasalların büyük bir çoğunluğu toksik ve kanserojen olup, alerji, deri rahatsızlıkları ve diğer sağlık problemlerine zemin hazırlamaktadırlar. Her yıl milyon tonlarda üretim yapan tekstilin kullandığı boya miktarı ve atıksu oluşumu düşünüldüğünde, bu işlemlerin çevre ve insan sağlığı üzerindeki olumsuz etkileri kolayca anlaşılabilir (Kaykıoğlu and Debik, 2006; Dutt et al., 2004). Bununla birlikte, gerek boyar maddelerin alımı ve gerekse oldukça güç olan atıksuların arıtılması için gereken maliyet düşünüldüğünde, boyama işlemlerinin tekstil sanayinin girdi maliyetlerini artırdığı da söylenebilir. Bu nedenle, beyaz lif rengine sahip pamuğa alternatif olarak doğal renkli pamukların kullanımının desteklenmesi gereklidir. Diğer yandan, doğal renkli pamuktaki lif veriminin ve kalitesinin (lifler sıklıkla kısa, zayıf ve pürüzlü) düşük olması nedeniyle bu pamukların tekstilde kullanımları yetersiz kalmıştır. Bu nedenle, bitki genetik mühendisliğindeki son gelişmeler renkli pamuğun lif kalitesinin iyileştirilmesi için alternatif bir yaklaşım sunmaktadır.

Son yıllarda moleküler markır teknikleri kullanılarak erken generasyonlarda istenilen özelliklere sahip bitkilerin belirlenmesi ve istenilen özellikleri taşıyan gen bölgelerinin ticari olarak kullanılan çeşitlere aktarılması

mümkün hale gelmiştir. Bu amaca ulaşabilmek için pamuk genom haritalarının yapılarak, hangi DNA markırının lif kalite özellikleri ya da lif renk genleri ile ilişkili olduğunun belirlenmesi gerekmektedir. Böylelikle doğada var olan doğal renkli pamuklara tekstil sanayi için gerekli olan lif kalite özelliklerinin aktarılması ile bazı renkler bakımından boyar madde kullanmaksızın üretim yapabileme olanağının sunulması amaçlanmaktadır. Bununla birlikte, gerek çevre ve insan sağlığına daha duyarlı bir üretim stratejisinin benimsenerek doğal ürün kullanımını tercih eden tüketici grubunun isteklerine cevap verilmesi, gerekse doğal liflerin ihracat şansının artırılması sağlanabilecektir.

Bu amaçla, çalışmada farklı lif rengi ve lif fiziksel özelliklerine sahip *G. hirsutum* (Yeşil) ile *G. hirsutum* (Nazilli 84) genotiplerinin melezlenmesiyle tür içi genetik bağlantı haritası oluşturulmuş ve bazı lif fiziksel özellikleri (uzunluk, uniformite ve elastikiyet) ve lif rengi ile ilgili QTL'ler belirlenmiştir.

Dünya genelinde pamuk üreticilerinin temel amacı, yüksek verimin yanında lif kalitesi özellikleri de iyi olan pamuk bitkileri yetiştirmektir. Lif uzunluğu, uniformitesi ve lif elastikiyeti gibi lif özellikleri pamuk lifinin kalitesini belirleyen özelliklerdendir.

Lif uzunluğu, iplik kalitesini önemli ölçüde etkileyen bir faktördür. Lif uzunluğu, iplik incelik sınırını, elyafın düzgünlüğünü, mukavemeti ve makine ayarlarını etkilemektedir. Aynı zamanda lif uzunluğu, pamuğun hangi amaçla kullanılabileceği hakkında fikir de verir. Çünkü bazı kumaşların dokunmasında sadece uzun liflerden eğrilmiş iplikler kullanılabilir. Bu nedenle alınacak herhangi bir pamuk partisinin uzunluğu ve uzunluk dağılımı bilinmelidir. Diğer yandan, herhangi bir liften iplik yapılabilmesi için liflerin birbirine tutunması, sarılması gerekir. Bunun içinde liflerin yeterli uzunluğa sahip olması gerekir. Uzunluğu 20 mm'den az olan lifler kaba ve düşük kaliteli olarak kabul edilmekte ve genel olarak 24 mm ile 30 mm arası lif uzunluğu tercih edilmektedir (Bölükbaşı, 2008). Çalışmada yeşil lif rengine sahip ebeveynin lif uzunluğu 18,5 mm, beyaz lif rengine sahip ebeveynin lif uzunluğu ise 27,6 mm'dir. Açılım popülasyonunda yer alan bireylerin lif uzunluğu değerlerine (Çizelge 4.1) bakıldığında, değerlerin 16,9 mm ile 29,5 mm arasında dağılım gösterdiği görülmektedir. Şekil 4.2'de yer alan

lif uzunluđuna ilişkin frekans grafiđinde; 1 bireyin 16,9<20 mm, 1 bireyin 20<24 mm, 85 bireyin 24<28 mm ve 2 bireyin 28-29,5 mm aralıđında yer aldıđı görölmektedir. Yeşil lifli ebeveynin lif uzunluđu oldukça kısa (18,5 mm) olmasına rađmen, açılım popölasyonunda yer alan yalnız 2 birey (X17 ve X34) dıřındaki tüm bireylerin lif uzunluklarının 24 mm'den uzun olmaları nedeniyle tekstilde kullanım için uygun olduđu, bu bireylerden 7 tanesinin lif uzunluđunun uzun lifli ebeveynin lif uzunluđunun (27,6 mm) da üzerinde olduđu anlaşılmaktadır. Bu durumda bize bazı genotiplerde transgresif açılmalar olduđunu göstermektedir. Çalışmamızdaki bulgulara benzer şekilde Joshi ve Chirde (1998) 40 adet *G. hirsutum* melez kombinasyonu ile yaptıkları çalışmada, seçilen melez kombinasyonlarındaki lif özelliklerinin renkli pamuk ebeveynlerinden daha iyi olduđunu belirtmişlerdir. Wang ve ark.'nın (2006) lif uzunlukları 29,02 mm ve 27,41 mm olan *G. hirsutum* (ZMS12 ve 8891) ebeveynlerinin melezlenmesinden elde edilen RIL bireyleri ile yaptıkları diđer bir çalışmada, RIL bireylerinin lif uzunluklarının 26,56 mm ile 30,78 mm arasında deđiřtiđini rapor etmişlerdir. Bununla birlikte, lif uzunlukları sırasıyla 34,37 mm ve 30,51 mm olan iki farklı Upland pamuk türünün melezlenmesiyle elde edilen RIL bitkilerine ait lif uzunluklarının 26,81 mm ile 37,5 mm arasında olduđu gözlenmiş ve bu çalışmada da transgresif açılmaların olduđu Shen ve ark (2007) tarafından bildirilmiştir. Bu çalışmalarla birlikte daha pek çok çalışmada kullanılan pamuk açılım popölasyonlarını oluşturan bireylere ait lif uzunluklarında çalışmamızda olduđu gibi transgresif açılmalar olduđu rapor edilmiştir: 28,3-36,7 mm (Shen et al., 2005), 20,9-31,8 mm (Zhang et al., 2005b), 27,53-31,46 mm (Qin et al., 2008), 25,69-30,76 mm (Luan et al., 2009), 27,83-30,34 mm (Wu et al., 2009), 18,8-30,7 mm (Zhang et al., 2009) ve 24-31,12 mm (An et al., 2010). Bütün bu çalışmalardaki transgresif açılmalar bulgularımızı desteklemektedir.

Lif uniformitesi (lif uzunluk uyumu) pamuk kalitesine etki eden diđer bir faktör olup, uniformite arttıkça pamuk kalitesi iyileşir. Lif uniformitesi, lif uzunluđunun dađılım düzgünlüđünü ifade eder ve iplik inceliđi ile mukavemetinde etkilidir. Düşük uniformiteye sahip pamuk yüksek oranda kısa lif içerir. Bu tip pamuklar iplik kalitesinin düşmesine neden olur (Bölükbaşı, 2009). Çalışmada Yeşil x Nazilli 84 F₂ generasyonunda elde edilen uniformite deđerleri (Çizelge 4.1) % 77,4 ile % 87 arasında dađılım göstermiştir. Şekil 4.3'de yer alan

frekans grafiğinde; 3 birey % 77,4<80, 22 birey % 80<82, 33 birey % 82<84, 29 birey % 84<86 ve 1 birey % 86-87 aralığında yer almıştır. Bu sonuçlar Dış Ticaret Müsteşarlığı'nın pamuk alımlarındaki sınıflandırma standartlarına (Bölükbaşı, 2009) göre değerlendirildiğinde; düşük düzgünlük (% 77-79) gösteren 3 birey dışındaki bireylerin tamamının > % 80 lif uniformitesi değeri ile normal ve üstü düzgünlükte oldukları, bu bireylerden 9'unun ise > % 85 ile uniformite açısından çok düzgün olarak nitelendirilebilecekleri söylenebilir. Ayrıca, çalışmada yeşil lifli ebeveynin lif uniformitesinin % 77 ve beyaz lifli ebeveynin lif uniformitesinin % 85 olduğu göz önünde bulundurulduğunda, açılım popülasyonunu oluşturan bireylerden hiçbirinin yeşil lifli ebeveynden daha düşük lif uniformitesine sahip olmadığı, buna karşın popülasyonda yer alan 9 bireyin beyaz lifli ebeveynin lif uniformitesinden daha yüksek değere sahip olduğu görülmektedir. Bu da bize açılım popülasyonunda lif uniformitesinin artışı yönünde transgresif bir açılma olduğunu göstermektedir. Zhang ve ark.'nın (2005b) *G. hirsutum* Yumian 1 ve T586'nın melezlenmesiyle elde ettikleri F_{2:3} bireyleri ile yaptıkları QTL çalışmasında, sırasıyla % 81,25 ve % 87,96 olan ebeveyn lif uniformite değerlerinin F_{2:3} popülasyonunda % 78,6 ile % 86,8 arasında dağılım gösterdiği ifade edilmiştir. Benzer şekilde Zhang ve ark.'nın (2009) çalışmasında da F_{2:7} popülasyonu bireylerindeki lif uniformitesi dağılımı % 75,8 ile % 87,3 olup, ebeveyn lif uniformitesi değerlerine (% 79,3 ve % 86,1) göre azalma yönünde açılım göstermiştir. Diğer yandan, Wang ve ark. (2006) çalışmalarında kullandıkları RIL popülasyonundaki uniformite dağılımının % 82,91-91,02 olduğunu ve ebeveyn değerlerinden (% 84,33 ve % 85,03) hem azalma hem de artma yönünde açılmaların olduğunu bildirmişlerdir. Shen ve ark. (2007) açılım popülasyonu bireyleri uniformite değerlerinde (% 81,21-88,36) ebeveyn değerlerine (% 85,34 ve % 87,53) göre azalma ve artma yönünde transgresif açılmaların varlığını rapor etmişlerdir. Luan ve ark. (2009) da çalıştıkları popülasyonda lif uniformitesi değerlerinde (% 82,7-85,6) ebeveyn değerlerine (% 83,66-84,19) göre benzer açılmalar belirlemişlerdir. Çalışmamızda ise lif uniformitesinin açılım popülasyonunda yüksek düzgünlük yönünde artış gösterdiği gözlenmektedir. Görüldüğü gibi çalışmalardaki lif uniformite değerleri kullanılan ebeveynlerin farklı olması nedeniyle farklı dağılımlar göstermişlerdir.

Lif kalitesini etkileyen diğ er bir faktör de lif elastikiyetidir. Pamuktaki doğal bükümler iplik yapımını kolaylaştırmaktadır ve bükülme için de belirli bir elastikiyete ihtiyaç vardır. Aksi halde elyafı iplik haline getirmek mümkün olmamaktadır. Uzama yeteneği olarak da adlandırılan lif elastikiyeti değ eri % 3-10 arasındadır (Bölükbaşı, 2009). Çalışmada yeş il lif rengine sahip ebeveynin lif elastikiyeti % 4,5, beyaz lif rengine sahip ebeveynin lif elastikiyeti ise % 7,5'dir. Açılım popülasyonunda yer alan bireylerin lif uzunluğu değ erlerine bakıldığında (Çizelge 4.1) % 4,4 ile % 9,5 arasında dağılım gösterdiği görülmektedir. Dış Ticaret Müsteş arlığı'nın pamuk alımlarındaki sınıflandırma standartlarına (Bölükbaşı, 2009) göre açılım popülasyonunu oluşturan sadece 3 bireyin elastikiyet değ erinin çok düşük (< % 4,8) olduđu, diğ er 3 bireyin düşük elastikiyet değ erine (% 4,9-5,8) sahip olduđu ve geriye kalan 83 bireyin daha yüksek elastikiyet değ erlerine sahip olduđu, yüksek elastikiyet değ erine sahip olan bireylerden 1'ininse (X91) çok yüksek elastikiyet değ erine sahip olduđu (% 9,5) belirlenmiştir. Ş ekil 4.4'de yer alan Yeş il x Nazilli 84 açılım popülasyonu bireyelerine ait lif elastikiyeti değ erlerinin dağılımı incelendiğinde; 3 bireyin % 4,4<5,4 aralığında, 24 bireyin % 5,4<6,4 aralığında, 51 bireyin % 6,4<7,4 aralığında, 10 bireyin % 7,4<8,4 aralığında ve 1 bireyin ise % 8,4-9,5 aralığında yer aldığı görülmüştür. Çalışmamıza benzer şekilde Zhang ve ark. (2005b) tarafından *G. hirsutum* (Yumian 1 x T586) F_{2:3} bireyleri ile yapılan çalışmada sırasıyla % 6,77 ve % 9,9 olan ebeveyn lif elastikiyeti değ erlerinin açılım popülasyonunda dağılımının % 5,8 ile % 10,3 arasında olduđu belirlenmiştir. Shen ve ark.'nda (2005) ebeveyn lif elastikiyet değ erleri % 4,7 ve % 6,7 olan Upland pamuk çeş itlerinin melezlenmesiyle elde edilen açılım popülasyonundaki elastikiyet değ erlerinin % 5,1-7,7 arasında dağılım gösterdiği rapor edilmiştir. Diğ er yandan Wang ve ark. (2006) da çalışmamızdakine benzer şekilde RIL popülasyonunda % 6,4 ile % 8,47 arasında olduđu belirlenen lif elastikiyeti değ erlerinin ebeveyn değ erlerine (% 6,83 ve % 7,31) göre azalma ve artma yönünde açılım gösterdiğ ini bildirmiş lerdir. Bununla birlikte, açılım popülasyonu bireyelerindeki lif elastikiyeti değ erleri Shen ve ark.'nda (2007) % 4,44-7,54, Qin ve ark.'nda (2008) % 4,85-6,48, Luan ve ark.'nda (2009) % 6,1-6,73, Wu ve ark.'nda (2009) % 4,75-9,75, Zhang ve ark.'nda (2009) % 4,7-10,3 ve An ve ark.'nda (2010) % 4,25-9 ile ebeveyn değ erlerinden daha düşük ve/veya daha yüksek olarak rapor edilmiştir. Çalışmamız lif elastikiyeti sonuçları da yapılan

tüm bu çalışmalarda olduğu gibi açılım popülasyonunda lif elastikiyeti değerlerinde transgresif açılmaların olduğunu desteklemektedir.

Bununla birlikte, lif uzunluğu, uniformitesi ve elastikiyeti değerlerine ilişkin minimum, maksimum, ortalama, varyans, standart sapma ve değişim katsayısı (CV) değerleri Çizelge 4.3'de yer almaktadır. Buna göre açılım popülasyonunu oluşturan bireylerin lif uzunluğu değerlerinde yapılan istatistik hesaplar sonucunda; minimum 16,9 mm, maksimum 29,5 mm, ortalama 26,4 mm, varyans 2,21, standart sapma 1,49 ve değişim katsayısı % 5,65, lif uniformitesi değerlerinde yapılan istatistik hesaplar sonucunda; minimum % 77,4, maksimum % 87, ortalama % 83,04, varyans 2,92, standart sapma 1,71 ve değişim katsayısı % 2,06, lif elastikiyeti değerlerinde yapılan istatistik hesaplar sonucunda ise minimum % 4,4, maksimum % 9,5, ortalama % 6,67, varyans 0,53, standart sapma 0,73 ve değişim katsayısı % 10,89 olarak bulunmuştur. Bu sonuçlardan hareketle, açılım popülasyonu bireylerine ait lif fiziksel özelliklerinin içinde en fazla değişkenliğin elastikiyet özelliğinde meydana geldiği, bu özelliği daha sonra sırasıyla uzunluk ve uniformitenin takip ettiği söylenebilir. Lin ve ark. (2005) tarafından, 69 *G. hirsutum* (Handan208) ve *G. barbadense* (Pima90) F₂ bireyine ait lif uzunluk değerlerinde yapılan istatistiksel hesaplamalarda ortalamanın 31,95 mm ve standart sapmanın 1,467 olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Bununla birlikte, biri lif mutasyonuna sahip iki Upland pamuk çeşidinin (MD17 x FM966) F₂ popülasyonunda yer alan bireylerin lif uzunluklarının ortalaması 28,03 mm ve standart sapması 1,50, lif elastikiyeti ortalaması % 5,84 ve standart sapması 0,80 olarak hesaplanmıştır (An et al., 2010). Zhang ve ark.'nın (2005b) çalışmasında ortalama lif uzunluğu değeri 25,83 mm, standart sapma 2,31, uniformite ortalaması % 83,14, standart sapması 1,99 ve elastikiyet ortalaması % 7,84, standart sapması 0,85 bulunmuştur. Bu çalışmalardaki lif uzunluğu ile ilgili değişim katsayıları (Standart Sapma/Ortalama) hesaplandığında; % 4,59 (Lin ve ark., 2005), % 5,35 (An ve ark., 2010) ve % 8,94 (Zhang ve ark., 2005b) oldukları görülmektedir. Buradan hareketle, An ve ark.'nın (2010) çalışmasında kullanılan popülasyonda yer alan bireylerin lif uzunluklarının çalışmamızdaki bireylerin lif uzunlukları ile benzer değişkenlikler gösterdikleri ifade edilebilir. Lif uniformitesi değişim katsayılarına bakıldığında, Zhang ve ark.'nın (2005b) değerinin (% 2,39) çalışmamız değerine (% 2,06) oldukça yakın olduğu ve bu nedenle

popülasyonlardaki lif uniformite değişkenliğinin benzer olduğu sonucuna varılabilir. Lif elastikiyeti değişim katsayıları hesaplandığında ise, çalışmamız değerinin (% 10,89) Zhang ve ark.'nın (2005b) değeri (% 10,84) ile örtüştüğü, ancak An ve ark.'nın (2010) değerine göre (% 13) daha az değişkenlik gösterdiği söylenebilir.

Jambhale ve ark.'nın (1998) *G. hirsutum* türünde renkli pamukların geliştirilmesi amacıyla Hindistan'da başlattıkları genetik ıslah programında beyaz, kahverengi ve yeşil lifli ebeveynler melezlenerek F₁, F₂, BC₁ ve BC₂ generasyonları elde edilmiş ve lif özellikleri çalışılmıştır. Gen etkilerinin tahminlenmesi ile yapılan çalışmada, özelliklerin çoğunun kontrolünde hem eklemeli hem de dominant gen etkilerinin rol oynadığı ve çift epistasinin varlığı saptanmış, F₂ ve geri melez generasyonlarında daha büyük kozalı, daha uzun ve mukavemet bakımından daha iyi özellikteki liflere sahip kahverengi ve yeşil renk lifleri veren pamuklar seçilmiştir. Çalışmamızda da yeşil renkli liflere sahip lif fiziksel özellikleri bakımından rekombinant bireyler elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Hem yeşil renkli hem uzun lifli bireyler (X13: 27,6 mm, X21: 29 mm, X61: 27,7 mm, X85: 27,7 mm, X102: 27,4 mm, X104: 27,8 mm), hem yeşil renkli hem çok yüksek düzgünlükteki liflere sahip bireyler (X7: % 85,3, X21: % 85,9, X57: % 85,4, X82: % 85,4, X102: % 85,5) ve hem yeşil renkli hem yüksek elastikiyetli liflere sahip bireyler (X21: % 7,2, X74: % 7,6, X80: % 7,9, X83: % 7,5, X89: % 7,6, X102: % 7,4) açılım popülasyonunda yer almaktadır. Elde edilen bu lif özelliklerine sahip bireyler ileriki generasyonlarda homozigotlaşmaları sağlanarak bu hatlardan yeni çeşitler geliştirilebilir. Price ve ark. (2001), Arizona Üniversitesi tarafından yetiştirilen doğal açık tarçından yeşil renge kadar değişen 4 farklı pamuk çeşidini karşılaştırdıklarında, en uzun, kaba ve dayanıklı çeşidin şampanya renkli pamuk hattı olduğunu ve en sağlam ve en düzenli ipliklerin doğal yeşil renkli pamuklardan elde edildiğini belirtmişlerdir.

Ebeveyn bitkiler ile F₂ generasyonu bireylerinin lif renklerine ait veriler Çizelge 4.1'de yer almaktadır. Buna göre F₂ generasyonu bitkilerinde renk dağılımı için yapılan X² analizi sonucunda (Çizelge 4.4) lif rengi dağılımının 3:1 açılım göstermesi nedeniyle yeşil rengin tek gen tarafından idare edildiği söylenebilmektedir. Lif renginin Lc1, Lc2, Lc3, Lc4, Lc5 ve Lc6 olmak üzere altı

lokusta yer alan bir grup gen tarafından kontrol edildiği Silow (1944), Endrizzi ve Kohel (1966) ve Kohel (1985) tarafından, pamukta rengin beyaza göre baskın olduğu Fletcher (1907) tarafından ve Teksas yeşili ile kahverengi lif renklerinin her birinin tamamlanmamış dominant tek bir gen tarafından kontrol edildiği de Richmond (1943) tarafından rapor edilmiştir (Dutt et al., 2004). Dutt ve ark. (2004) ise renkli pamuğun tek bir Lc1 dominant gen tarafından kontrol edildiğini bildirmiştir. Bu durum, pamuk lif renginin tek bir gen tarafından idare edildiğini göstermekte ancak farklı literatürlerde lif renk geninin ikiden fazla farklı lokusta yer aldığına açıklanması bu kalıtımın melezlemelere katılan ebeveynlere bağlı olabileceğini ifade etmektedir.

F₂ generasyonunda yer alan bireylere ait lif uzunluğu ve lif uniformitesi değerleri, yapılan X² analizleri sonucu herhangi bir açılım teorisine uymamıştır. Bu nedenle, lif uzunluğu ve uniformitesinin çok genli bir kalıtım gösterdiği belirlenmiştir. Diğer yandan, açılım popülasyonunda yapılan X² analizleri lif elastikiyetinin digenik bir kalıtım gösterdiğini ve interaksiyonun çift dominant epistasi (15:1) şeklinde olduğunu ortaya koymuştur. Al-Rawi ve Kohel (1969), *G. hirsutum* türüne ait 9 pamuk çeşidinde yaptıkları diallel melez çalışmalarında, lif uzunluğunda kısmi dominant gen etkilerinin önemli olduğunu bildirmişlerdir. Khan ve ark. (1981), *G. hirsutum* L. türü içinde altı çeşidin yer aldığı diallel melezleme çalışmalarında lif uzunluğunun dominant genlerle yönetildiğini bildirmişlerdir. Diğer yandan Kanoktip (1987), pamukta türler arası melezlerde bazı özelliklerin kalıtımı ile ilgili araştırmasında, lif uzunluğu özelliğinin eklemeli gen etkisiyle oluştuğu, ayrıca dominansi ve interallellüğün etkin olduğunu bildirmiştir. Luckett (1989), 10 ebeveyn ile yapılan melez çalışmasında, lif uzunluğu özelliğinin kalıtımında eklemeli etkilerin önemli olduğunu, bu özelliklerin kalıtım derecesinin yüksek olması sayesinde erken generasyonlarda seleksiyon ve saf hat ıslahının başarılı olabileceğini bildirmiştir. Subhan ve ark. (2003), 8 Upland pamuk çeşidinin diallel melezlemesi ile oluşturulan F₂ popülasyonunda, lif uzunluğu özelliğinin dominansi veya epistatik etkiler ile yönetildiğini bildirmişlerdir. Creatham ve ark. (2003) tarafından Avustralya çeşitleri ve yabani pamuk türlerinde lif kalitesi ve verimin geliştirilmesi ile ilgili yapılan çalışmada, F₂ popülasyonlarını oluşturan bireylerden bazılarının lif uzunluğu değerlerinin ebeveynlere oranla daha iyi olduğu, lif elastikiyetinin hem

eklemeli, hem de dominant gen etkileri ile idare edildiğini bildirmişlerdir. Bununla birlikte, Chaudhary ve ark.'nda (2010) lif uzunluğu ve elastikiyetinde dominansi ve epistatik etkilerin, lif uniformitesinde ise epistasisin etkili olduğu rapor edilmiştir. Görüldüğü gibi çeşitli açılmalar gösteren popülasyonlarda elde edilen lif uzunluğu, elastikiyet ve uniforme değerleri bulgularımızı desteklemektedir.

L ve a lif renk rakamsal değerleri ile gerçekleştirilen X^2 analizleri sonucu, bu değerlerin herhangi bir açılım teorisine uymadıkları ve bu nedenle çok genli bir kalıtım gösterdikleri, bununla birlikte a değerinin düşük ve yüksek değerler bakımından transgresif açılım gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Yeşil ve Nazilli 84 ebeveynlerinin a değerleri sırasıyla 0,58 ve 3,18'dir. Açılım popülasyonunu oluşturan bireylerden 79'unda a değeri 0,58'den küçük, 10'unda 0,58 ile 3,18 arasında ve 2'sinde (X11 ve X68) a değeri 3,18'den oldukça büyüktür (sırasıyla 10,01 ve 9,31).

Çizelge 4.6'da F_2 popülasyonunda lif fiziksel özellikleri ve renk değerleri ile ilgili korelasyon sonuçları yer almaktadır. Buna göre lif uzunluğu, lif uniformitesi ile pozitif (% 22) ve $P<0,05$ ile önemli, lif elastikiyeti ile ise pozitif (% 41) ve $P<0,01$ ile önemli bir korelasyon sergilemekte, lif uniformitesi ise elastikiyet ile pozitif (% 51) ve önemli ($P<0,01$) bir ilişki göstermektedir. Abdel-Salam (1994), iplik ve iplikçiliğin son ürün parametrelerinin, pamuk lifinin kalite parametreleri tarafından yönetildiğini, lif uzunluğunun, uzunluk uniformitesi, kısa lif içeriği, lif inceliği ve olgunluğu tarafından belirlendiğini belirtmişlerdir. Diğer yandan, Ulloa ve Meredith (2000), MD5678ne x Prema melezinden elde edilen $F_{2:3}$ melez popülasyonu verilerinde gerçekleştirdikleri korelasyon analizinde, lif elastikiyetinin % 2,5 lif uzunluğu değeri ile negatif (% 17) ve $P<0,0005$ ile önemli bir korelasyon gösterdiğini rapor etmiştir. Zhang ve ark. (2005b) tarafından *G. hirsutum* (Yumian 1 x T586) $F_{2:3}$ bireylerinin lif fiziksel özellikleri için yapılan korelasyonlarda lif uzunluğunun, uniforme ile pozitif (% 68,42) ve önemli ($P<0,001$), ancak elastikiyet ile negatif (% 23,16) ve önemli ($P<0,05$) bir ilişkisinin olduğu gösterilmiş, lif uniformitesinin elastikiyet ile negatif (% 12,45) bir korelasyon gösterdiği ancak bu değer istatistiksel olarak anlamlı olmadığı belirlenmiştir. Mei ve ark.'nın (2004) *G. hirsutum* (Acala 44) ve *G. barbadense*

(Pima S-7) F_2 bireylerindeki lif özellikleri korelasyon sonuçlarında, lif uzunluğunun elastikiyet ile pozitif (% 7) bir ilişki gösterdiği ancak bu ilişkinin derecesinin istatistiksel olarak anlamlı olmadığı gösterilmiştir. Wang ve ark. (2006) tarafından *G. hirsutum* (ZMS12 x 8891) RIL bireyleri ile yapılan benzer bir çalışmada, lif uzunluğunun elastikiyet ve uniformite ile negatif, uniformitenin elastikiyet ile pozitif bir korelasyon gösterdiği ancak uzunluğun uniformite ile ve uniformitenin elastikiyet ile olan korelasyon derecelerinin istatistiksel olarak anlamlı olmadığı gösterilmiştir. İki Upland pamuk türünün melezlenmesiyle elde edilen RIL popülasyonlarında lif fiziksel özellikleri arasındaki korelasyon analizi, lif uzunluğunun uniformite ile pozitif (% 35,4) ancak elastikiyet ile negatif (% 37,1) ve anlamlı ($P<0,01$), elastikiyeti ise lif uniformitesi ile pozitif ancak istatistiksel olarak önemsiz bir ilişkisi olduğunu ortaya koymuştur (Shen et al., 2007). An ve ark. (2010) tarafından oluşturulan iki farklı F_2 haritalama popülasyonunda ise verim ve lif özelliklerine ilişkin yapılan korelasyon analizlerinde lif elastikiyetinin % 2,5 lif uzunluğu ile negatif (% 19) ancak istatistiksel olarak önemsiz bir ilişki gösterdiği ifade edilmiştir. Görüldüğü gibi özellikler arasındaki korelasyonların derecesi ve yönü melezlemeye katılan ebeveynlere göre değişkenlik gösterebilmektedir.

Lif renk verileri ile ilgili korelasyon analizlerine bakıldığında (Çizelge 4.6); L değerinin b değeri ile pozitif (% 27) ve % 1 düzeyinde önemli ($P<0,01$), diğer yandan ΔL , Δa , Δb , ve ΔE değerleri ile negatif yönde ve % 1 düzeyinde önemli ($P<0,01$) bir ilişki gösterdiği anlaşılmaktadır. Bununla birlikte, a değeri, b, Δa ve Δb değerleri ile sırasıyla % 29, % 62 ve % 28 olmak üzere önemli ($P<0,01$) bir korelasyon sergilemektedir. b değerinin, ΔL ile negatif (% 81) ve $P<0,01$ ile önemli, Δa ile negatif (% 22) ve $P<0,05$ ile önemli ve Δb ile ise pozitif (% 52) ve $P<0,01$ ile önemli bir ilişki içinde olduğu belirlenmiştir. Diğer yandan, ΔL değerinin Δa (% 47) ile, Δa değerinin Δb (% 52) ve ΔE (% 63) ile, Δb değerininse ΔE (% 87) ile pozitif ve önemli ($P<0,01$) bir korelasyon gösterdiği belirlenmiştir.

Moleküler markırlar, ıslahta markıra dayalı seleksiyon, çeşitlerin tanımlanması ve genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasında oldukça önemli araçlardır. Moleküler markırların kalıtımı temeline dayanan genetik bağlantı haritaları ile ilgilenilen genin markırlarının tespit edilerek klonlanması ve ıslahta

markıra dayalı seleksiyonda kullanılması mümkün hale gelmiştir. Moleküler markırların en etkili kullanıldığı alan, birden çok gen tarafından idare edilen kantitatif karakterlerin ıslahı olmuştur. Kantitatif özellik lokusları ile yakın ilişkili moleküler markırların kullanılması ile QTL'lerin seçilerek ıslahın etkinliğinin artırılması, daha erken generasyonlarda istenilen özelliklere sahip bitkilerin belirlenmesi ve ticari olarak kullanılan çeşitlere istenilen özellikleri taşıyan gen bölgelerinin kombine edilmesi sağlanabilmektedir (Yüce, 2005; Collard et al., 2005). Bu amaca ulaşabilmek için moleküler markırlar kullanılarak pamuk genom haritalarının oluşturulması, lif rengi ve kalitesi ile ilgili genlerle ilişkili olan DNA markırlarının tespit edilmesi gereklidir. Böylece, istenen lif kalitesine sahip renkli pamuk çeşitlerinin elde edilmesi mümkün olabilecek, tekstilde kullanılan boya miktarı ve maliyeti azalacak ve pamuk üretiminin çevreye verdiği zarar önemli ölçüde azaltılmış olacaktır.

Bir bitki türünün genetik haritasının yapılması için ilk aşama, uygun ebeveynlerin seçilerek açılım popülasyonlarının hazırlanmasıdır. Günümüze kadar farklı melez kombinasyonları ile yapılmış pek çok haritalama çalışması mevcuttur. Pamukta tür içi veya türler arası yapılan haritalama çalışmalarında F₂ ve BC en çok kullanılan popülasyonlardır çünkü geniş RI popülasyonlarını oluşturmak kolay değildir (Wu et al., 2009). Çalışmada genetik bağlantı haritasının oluşturulmasında F₂ popülasyonu kullanılmıştır. Meredith (1990), F₁, F₂ melez ve ebeveynlerin verim, lif kalitesi ve farklı çevrelere olan etkileşimlerini belirlemek amacıyla yürüttüğü melezleme çalışmasında, lif kalitesi ve verim artışı için F₂ melezlerinin önemli bir potansiyele sahip olduğunu bildirmişlerdir. Farklı haritalama popülasyonlarının yanında farklı markır teknikleri de kullanılarak yapılan pek çok genom haritalama çalışması bulunmaktadır (Zhang et al., 2003; Mei et al., 2004; Lacape et al., 2005, Zhang et al., 2008; Zhang et al., 2009). Bu çalışmada AFLP markır tekniği kullanılmıştır. Polimorfizmlerin belirlenmesinde oldukça etkili olan AFLP, yüksek çözünürlüklü, hassas, üretken ve düşük maliyetli dominant bir markırdır (Myers et al., 2009). Ancak her moleküler markır yönteminin avantajlarının yanında dezavantajlarının da bulunduğu dikkate alınmalıdır.

Çalışmada *G. hirsutum*'un tür içi melezlenmesinden (Yeşil x Nazilli 84) elde edilen 94 adet F₂ bireyi ile oluşturulan genetik bağlantı haritasının toplam uzunluğu 2068,5 cM olup, 27 LG'den meydana gelmiştir. Toplam 123 AFLP markırı ile oluşturulan haritada iki markır arası ortalama uzaklık 16,8 cM olarak hesaplanmıştır. *G. hirsutum* genomunda ilk tür içi moleküler genetik bağlantı haritası 96 *G. hirsutum* (HS46 x MARCABUSCAG8US-1-88) F_{2:3} bireyi ile gerçekleştirilen 865 cM uzunluğundaki haritadır. 120 RFLP lokusuna sahip, 31 LG içeren haritada iki markır arasındaki ortalama uzaklık 7,2 cM'dir (Shappley et al., 1998a). Yaklaşık aynı sayıda F₂ bireyi ve markır sayısı ile oluşturulan bağlantı haritaları karşılaştırıldığında yakın sayıda bağlantı grubu elde edildiği, diğer yandan çalışmamızda elde edilen haritanın daha uzun olması nedeniyle pamuk genomunun daha fazla kavrandığı, ancak çalışmamızda haritalanan markırların birbirlerinden ortalama olarak daha uzak olduğu görülmektedir. Reinisch ve ark., (1994) *G. hirsutum* var. *palmeri* x *G. barbadense* K101 melezinden elde edilen 57 F₂ bireyi ile 4675 cM uzunluğunda genetik bağlantı haritası oluşturmuşlardır. 683 RFLP markırı ile oluşturulan harita 41 LG içermekte olup, iki markır arasındaki yaklaşık uzaklık 6,8 cM'dir. Çalışmamızdan farklı olarak bu çalışmada türler arası melezleme sonucu elde edilen F₂ popülasyonu ile haritalama yapıldığı, ayrıca her iki çalışmada kullanılan markır yöntemlerinin de farklılık gösterdiği görülmektedir. Bu çalışmaları takiben günümüze kadar pamukta farklı melez kombinasyonları ve farklı markır teknikleri kullanılarak pek çok haritalama çalışması yapılmış ve buna bağlı olarak farklı büyüklüklere, bağlantı grup sayılarına ve markırlar arası farklı uzaklıklara sahip bağlantı haritaları elde edilmiştir. Son yıllarda yapılan pamuk genom haritası çalışmaları incelendiğinde de gerek çalışmalarda kullanılan ebeveynler ile açılım popülasyonunu oluşturan birey sayılarının, gerekse kullanılan markırların çalışmamızdan farklı olduğu ve bu nedenle de bağlantı haritalarının boyutu ve sayısı ile birlikte markırlar arası uzaklıkların farklılık gösterdiği görülmektedir. Qin ve ark. (2008) tarafından dört farklı kendilenmiş pamuk (*G. hirsutum*) hattından elde edilen popülasyon ile 2113,4 cM uzunluğunda 56 LG içeren bir bağlantı haritası oluşturulmuştur. Çalışmamızda elde edilen harita ile yakın uzunlukta ancak daha fazla sayıda bağlantı grubuna sahip olan harita yine çalışmamızdan farklı olarak 285 SSR ve bir morfolojik markır ile elde edilmiştir. Markırlar arası uzaklıklar ise ortalama 7,2 cM ile çalışmamızdan daha düşüktür. Wu ve ark.'nın (2009) çalışmasında, HS

46 ve MARCABUCAG8US-1-88 ebeveynlerinden elde edilen 188 RIL ile elde edilen bağlantı haritasında 125 adet SSR markırı kullanılarak 965 cM uzunluğunda 24 LG'den oluşan bir harita elde edilmiştir. Her ne kadar çalışmamızdakine yakın bağlantı grubu sayısı elde edilmiş olsa da, çalışmamız ile karşılaştırıldığında genomun daha az bir bölümü haritalanabilmiştir. Zhang ve ark.'nın (2009) T586 ve Yumian 1 ebeveynleri ile elde ettikleri 270 adet $F_{2:7}$ ile SSR, SRAP, morfolojik markır ve IT-IST markırlarını kullanarak oluşturdukları genetik bağlantı haritası ise 60 LG'den oluşan, 604 lokuslu ve 3140,9 cM uzunluğundadır. Haritada iki markır arası ortalama uzaklık 5,2 cM olarak bildirilmiştir. Görüldüğü gibi, genetik bağlantı haritasının uzunluğu, çözünürlüğü ve markırlar arasındaki uzaklık haritalama popülasyonunu oluşturan birey sayısı, kullanılan moleküler markır sayısı ve çeşidine bağlı olarak değişiklik göstermektedir. Ayrıca, haritalamada kullanılan birey ve markır sayısı arttığında, haritanın çözünürlüğü artarak markırlar arasındaki uzaklıklar azalmaktadır. Bu durum yapılan çok sayıda pamuk genom haritalama çalışmasında da benzer şekildedir (Altaf et al.,1997; Lacape et al., 2003; Nyugen et al., 2004; Mei et al., 2004; Rong et al., 2004; Park et al., 2005; Zhang et al, 2005; Frelichowski et al., 2006; Shen et al., 2007). Bu nedenle bugün halen oldukça büyük bir genoma sahip olan pamukta markır yardımıyla seleksiyon için daha yüksek çözünürlüklü genom haritalarını oluşturma çalışmaları hızla devam etmektedir.

Çalışmada elde edilen 27 LG'den 18'i majör grupları (Şekil 4.8.a), 9'u yalnızca iki markırdan oluşan minör grupları (Şekil 4.8.b) temsil etmektedir. Genom haritasında yer alan majör ve minör bağlantı gruplarının uzunlukları, markır sayıları ve iki markır arası ortalama uzaklıkları Çizelge 4.8.'de yer almaktadır. LG1, 115,8 cM uzunluğunda ve 5 markırdan oluşmaktadır. Markırlar haritanın % 4,06'sını oluşturmuşlardır. İki markır arasındaki ortalama uzaklık 23,16 cM olarak hesaplanmıştır. LG2, MCTAEAAC3, MCAGEAGC7 ve MCTCEAAG1 markırlarının haritalanmasıyla oluşturulmuş bir bağlantı grubudur. İki markır arası ortalama uzaklık 19,67 cM olup toplam 59 cM uzunluğundadır. LG3, LG5, LG18 ve LG19, 5 AFLP markırının haritalanması ile oluşan majör gruplardır. Uzunlukları sırasıyla 97,4, 117,6, 85,2 ve 81,9 cM olan bu bağlantı gruplarında iki markır arası ortalama uzaklıklar sırasıyla 19,48, 23,52, 17,04 ve 16,38 cM olarak hesaplanmıştır. LG4, LG6, LG7, LG10 ve LG14, 4 markırdan

oluşan bağlantı gruplarıdır. Bu grupların uzunlukları sırasıyla 93,8, 115,6, 77,9, 68,1 ve 83 cM'dir. İki markır arasındaki ortalama uzaklıklar ise sırasıyla 23,45, 28,9, 19,47, 17,02 ve 20,75 cM'dir. LG8, oluşturulan bağlantı haritalarının içinde en fazla sayıda markırın yer aldığı majör bir gruptur. 12 markır ile haritanın % 9,76'sını temsil etmektedir. Toplam 150,6 cM uzunluğunda olan haritada iki markır arasındaki ortalama uzaklık 12,55 cM'dir. LG9 ve LG16, 7 markırın haritalanması ile oluşan majör bağlantı gruplarıdır. 105,5 ve 123,8 cM uzunluğunda olan bu gruplarda iki markır arası ortalama uzaklıklar 15,07 ve 17,69 cM olarak hesaplanmıştır. LG11, 183,6 cM uzunluğu ile bağlantı gruplarının en büyüğünü oluşturmaktadır. 11 markırın haritalandığı majör grupta iki markır arası ortalama uzaklık 16,69 cM'dir. LG12, 8 markırdan oluşan 162,1 cM uzunluğunda olan majör bir bağlantı grubudur. Bu markırlar toplam genom haritasındaki markırların % 6,5'ini temsil etmektedir. İki markır arasındaki ortalama uzaklık 20,26 cM olarak hesaplanmıştır. LG15 ve LG17, 6 markırın haritalanmasıyla oluşan majör gruplardır. Sırasıyla 86,6 ve 78,1 cM uzunluğunda olan bu gruplarda iki markır arası ortalama uzaklıklar sırasıyla 14,43 ve 13,02 cM olarak hesaplanmıştır. LG13, LG20, LG21, LG22, LG23, LG24, LG25, LG26 ile LG27 grupları, 2 markırdan oluşan minör bağlantı gruplarıdır. Minör grupların içinde en kısa bağlantı grubunu 3,2 cM ile LG21, en uzun bağlantı grubunu ise 35,1 cM ile LG13 oluşturmaktadır. Diğer gruplar ise uzunlukları bakımından küçükten büyüğe sırasıyla 6,4 cM ile LG22, 11,9 cM ile LG20, 21,7 cM ile LG26, 23,7 cM ile LG24, 26,7 cM ile LG25 ve 27,1 cM ile LG23 ve LG27'dir. Minör grupların yalnızca iki markırın haritalanmasıyla oluşması nedeniyle iki markır arasındaki ortalama uzaklık hesabı yapılmamıştır. Mei ve ark. (2004), *G. hirsutum* (Acala-44) x *G. barbadense* (Pima S-7) türler arası melezinden elde edilen F₂ popülasyonunda lif özellikleri ile ilişkili 392 lokuslu (333 AFLP, 47 SSR, 12 RFLP) bir bağlantı haritası elde etmişlerdir. 42 LG'den oluşan haritadaki AFLP markırları incelendiğinde; MCTCEAAG, MCTAEACG, MCAGEACC ve MCAGEACC markırlarının çalışmada elde edilen genetik bağlantı haritasında (Şekil 4.8.a) da yer aldığı ancak buldukları bağlantı gruplarının farklı olduğu görülmüştür. Zhang ve ark.'nın (2005b) Yumian 1 ve T586 Upland pamuk çeşitlerinin melezlenmesinden elde edilen F₂ popülasyonunda oluşturdukları 20 LG'li 70 lokuslu (12 AFLP, 55 SSR, 3 morfolojik markır) haritada yer alan AFLP markırları incelendiğinde ise; yalnızca 1 markırın (MCAAEAGC) çalışmamızdaki

ile benzer şekilde polimorfizm gösterdiği ancak yine farklı bağlantı grubunda yer aldığı belirlenmiştir. Görüldüğü gibi farklı lif özelliği taşıyan ebeveynlerin melezlenmesiyle elde edilen açılım popülasyonlarını oluşturan bireylerdeki rekombinasyonların da farklı olması nedeniyle, bu bireyler arasındaki polimorfizmler de farklılık gösterebilmektedir.

Tekstil endüstrisinde oldukça büyük öneme sahip olan pamuk lifinin kalitesinin artırılması için moleküler markıra dayalı seleksiyonlar kullanılarak lif özellikleri ile ilgili genlerin tanımlanması ve manipülasyonunda yeni QTL'lerin belirlenmesi önem taşımaktadır. Çalışmada Yeşil x Nazilli 84 F₂ popülasyonunda yapılan QTL analizleri sonucunda lif fiziksel özellikleri ile ilgili 8, lif renk değerleri ile ilgili 35 olmak üzere toplam 43 QTL belirlenmiştir. Elde edilen QTL'lerden 4'ünün lif uzunluğu, 2'sinin lif uniformitesi, 2'sinin lif elastikiyeti, 5'inin L değeri, 4'ünün a değeri, 4'ünün b değeri, 8'inin ΔL , 4'ünün Δa , 4'ünün Δb ve 6'sının ise ΔE değeri ile ilgili olduğu belirlenmiş olup, lif fiziksel özellikleri ile ilgili QTL'lerin fenotipik varyasyonu % 5,9-14,7 arasında açıkladığı, renk değerleri ile ilgili QTL'lerin ise fenotipik varyasyonu % 7,8-14,6 arasında açıkladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.19.). *G. hirsutum* (TM-1) ve *G. barbadense* (3-79) melezlemesinden elde ettikleri F₂ popülasyonu ile lif özelliklerine ilişkin 13 QTL haritalayan Kohel ve ark. (2001), çalışmamızdan farklı olarak 3 QTL'in lif uzunluğu ile ilgili olduğunu ve elde edilen QTL'lerin toplam fenotipik varyasyonun % 30 ile % 60'ını açıkladığını belirtmişlerdir. Benzer şekilde Gerald ve ark. (2004), araştırmalarında belirledikleri QTL'lerden 5 QTL'inin lif uzunluğunu kontrol ettiğini interval ve kompozit interval haritalama yöntemi ile belirlemişlerdir. Çalışmamızda QTL analizlerinde kullanılan yöntem ise Tek Markır Analizidir. Bununla birlikte, Lin ve ark. (2005), lif özellikleri ile ilgili 9 LG'de yer alan 13 QTL belirlemişler, bu QTL'lerden 2'sinin lif mukavemeti, 4'ünün lif uzunluğu, 7'sinin lif inceliği özelliği ile ilgili olduğunu ve toplam varyasyonun % 16,18-28,92'sini açıkladığını bildirmişlerdir. He ve ark. (2007)'nin çalışmasında elde edilen toplam 52 QTL'den 11'i lif verimi, 4'ü tohum pamuk verimi, 3'ü lif mukavemeti, 5'i lif uzunluğu, 8'i de lif inceliği ile ilişkili bulunmuştur. Qin ve ark. (2008), dört farklı kendilenmiş *G. hirsutum* hattından elde edilen popülasyon ile bağlantı haritası oluşturularak verim ve lif kalitesi özellikleri ile ilişkili 31 QTL tanımlamıştır. Belirlenen QTL'lerin fenotipik

varyansın % 5,1-25'ini açıkladığı belirlenmiştir. HS 46 ve MARCABUCAG8US-1-88 ebeveynlerinden elde edilen RIL ile tohum verimi, lif verimi, lif yüzdesi, lif mukavemeti gibi 14 adet agronomik ve lif özelliğinin ölçüldüğü Wu ve ark. (2009)'nın çalışmasında bu özelliklerle ilgili 56 QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerden 4'ünün lif uzunluğu ile ilgili olduğu ve fenotipik varyansın % 38,6'sını açıkladığı, 4'ünün lif elastikiyeti ile ilgili olduğu ve fenotipik varyansın % 28,3'ünü açıkladığı belirlenmiştir. Aynı yıl Zhang ve ark. (2009) tarafından, 5 farklı çevredeki lif kalite özellikleri ile ilgili QTL'lerin belirlenmesi için yapılan çoklu QTL haritama sonucunda lif kalite özellikleri ile ilgili 13 OTL belirlemişlerdir. Belirlenen QTL'ler fenotipik varyansı %7,4-43,1 arasında açıklamıştır. Ortaya çıkan bu sonuçlar çalışmalarda ortak markır sistemlerinin kullanılmamasından kaynaklanan farklılıkları yansıtmaktadır.

Çalışmada lif uzunluğu ile ilişkili 4 QTL'den 2'si (MCAAEEACG7 ve MCAAEEACT12) LG1, 1'i MCTAEAAC2 LG8 üzerinde yer almış, 1'i (MCATEACA5) ise herhangi bir bağlantı grubunda yer almamıştır (Çizelge 4.9). LG1 üzerinde yer alan markırlar lif uzunluğu ile ilgili fenotipik varyasyonun sırasıyla % 14,70 ve % 13,72'sini açıklamışlardır. LG8'de yer alan markır fenotipik varyasyonun % 9,39'unu, herhangi bir LG üzerinde yer almayan MCATEACA5 markırını ise fenotipik varyasyonun % 8,55'ini açıklamıştır. Mei ve ark. (2004) çalışmamızdan farklı olarak *G. hirsutum* (Acala44) x *G. barbadense* (PimaS-7) F₂ popülasyonunda lif uzunluğu ile ilgili LG14 (kromozom 4) üzerinde 1 QTL belirlemişlerdir. Zang ve ark. (2005) tarafından çalışmamıza benzer şekilde Kosambi fonksiyonu seçilerek ve LOD skor değeri 3 alınarak yapılan bağlantı haritaları incelendiğinde, lif uzunluğu ile ilişkili QTL'lerin kromozom 6 ve 18/20 üzerinde yer aldığı bildirilmiştir. He ve ark.'nın (2007) *G. hirsutum* (Handan208) ve *G. barbadense* (Pima9069) F₂ bireylerini kullanarak yaptıkları çalışmada verim ve lif kalitesi ile ilgili elde edilen toplam 52 QTL'den 5'inin lif uzunluğu ile ilgili olduğu belirlenmiştir. Belirlenen bu QTL'lerin kromozom 1, 6, 9, A2 ve 14 üzerinde yer aldıkları rapor edilmiştir. Shen ve ark. (2007), *G. hirsutum* RIL popülasyonunda agronomik ve lif kalitesi açısından belirledikleri 25 QTL'den lif uzunluğu ile ilgili bulunan 8'inin A5, A12, D9, D6 (2 QTL), D11, D5 ve LG3 üzerinde yer aldığını bildirmişlerdir. Wu ve ark.'nın (2009) çalışmasında belirlenen 56 QTL'den 4'ünün lif uzunluğu ile ilgili olduğu, bunların kromozom

12, 13, 14 ve 20 üzerinde yer aldığı ve fenotipik varyansın % 38,6'sını açıkladığı rapor edilmiştir. Çalışmamızda lif elastikiyeti ile ilgili olduğu belirlenen 2 QTL'den MCACEAGG6 fenotipik varyasyonu % 12,17, MCTAEACT4 ise fenotipik varyasyonu % 7,95 oranında açıklamıştır. Lif elastikiyeti ile ilgili markırların ikisi de herhangi bir bağlantı grubunda yer almamıştır. (Çizelge 4.11). Ulloa ve ark.'nda (2000) çalışmamızdakinden farklı olarak lif elastikiyeti ile ilgili 3 QTL elde edilmiştir. Bu QTL'lerden 2'sinin LG3, diğerinin LG9 üzerinde olduğu belirlenmiştir. LG3 üzerinde yer alan markırların fenotipik varyasyonun % 3,4 ve % 11,9'unu, LG9 üzerinde yer alan markırın ise fenotipik varyasyonun % 31,6'sını açıkladığı rapor edilmiştir. Mei ve ark. (2004), *G. hirsutum* (Acala-44) x *G. barbadense* (Pima S-7) F₂ popülasyonunda lif elastikiyeti ile ilgili kromozom 9 üzerinde 1 QTL tespit etmişlerdir. Zang ve ark. (2005) çalışmalarında lif elastikiyetinin kromozom 5 üzerinde yer aldığını bildirmişlerdir. Shen ve ark. (2007), *G. hirsutum* RIL popülasyonunda belirlenen 25 QTL'den 4'ünün lif elastikiyeti ile ilgili olduğunu ve A3, A11, D8 ve LG3 üzerinde yer aldıklarını ifade etmişlerdir. Wu ve ark. (2009) tarafından belirlenen 56 QTL'den 4'ünün lif elastikiyeti ile ilgili olduğu, bu QTL'lerin fenotipik varyansın % 28,3'ünü açıkladığı ve kromozom 14, 20, 26 ve LG1'de yer aldıkları rapor edilmiştir. Çalışmamızda lif uniformitesi için yapılan analiz sonucunda 2 QTL tespit edilmiş ancak her iki markır da herhangi bir bağlantı grubunda yer almamıştır. Uniformite ile ilişkili olduğu belirlenen MCTCEAAG10 ve MCAGEAGG1 markırlarının fenotipik varyasyonu açıklama oranları sırasıyla % 9,14 ve % 5,92'dir (Çizelge 4.10). Lif uniformitesinin Zang ve ark.'nda (2005) kromozom 6, 18/20, A2/D3 üzerinde olmak üzere 3 QTL, Shen ve ark.'nda (2007) D2, D6 ve LG2 üzerinde olmak üzere 3 QTL, Qin ve ark.'nda (2008) A6 üzerinde olmak üzere 1 QTL yer aldığı rapor edilmiştir. Bununla birlikte Zhang ve ark. (2009) lif uniformitesi ile 3 farklı kromozom üzerinde 3 adet QTL belirlemiş, bu QTL'lerin fenotipik varyasyonu % 7,4 ile % 42 arasında açıkladığını bildirmişlerdir. Diğer yandan Luan ve ark.'nın (2009) iki farklı kendilenmiş hat ile yaptıkları QTL analizleri sonucunda, ilk hatta lif uniformitesi ile ilgili herhangi bir QTL belirlenemediği ancak ikinci hatta çalışmamıza benzer şekilde 2 QTL'in uniformite ilgili olduğunun belirlendiği rapor edilmiştir. Görüldüğü gibi, lif özellikleri ile ilgili olduğu belirlenen QTL'lerin yeri, sayısı ve fenotipik varyasyonu açıklama oranı kullanılan markır sistemlerine bağlı olarak değişkenlik göstermektedir.

Çalışmamızda elde edilen QTL'leri diğer çalışmalar ile karşılaştırabilmemiz için ankor SSR markırlarının kullanılması gerekmektedir.

Bununla birlikte, çalışmamız sonucunda elde edilen QTL'lerin pozisyonlarına baktığımızda, toplam 27 LG'den 11'inin üzerinde lif kalite özellikleri ve renk değerleri için QTL belirlendiği, geriye kalan 16 LG'nin herhangi bir QTL ile ilişkisinin bulunmadığı görülmüştür. Ancak bu durumun pamukta yapılan diğer birçok QTL çalışmasında da mevcut olduğu belirlenmiştir (Zhang et al., 2005b; Wang et al., 2006; He et al., 2007; Wu et al., 2009). Bu duruma neden olarak yaklaşık 3 Gb büyüklüğünde bir genoma sahip olan pamuk bitkisinde yapılan moleküler genetik çalışmalarda kullanılan markır sayısının sınırlı olması nedeniyle genomun tümünün kapsanamaması gösterilebilir. Haritada yer alan markır sayısı arttıkça bağlantı oluşturamamış olan markırlar için yeni bağlantılar sağlanacağından yeni bağlantı gruplarının oluşması veya var olan bağlantı gruplarının yeniden düzenlenmesi mümkün olabilecek ve böylelikle yeni QTL'lerin tespit edilme ihtimali de artacaktır.

Çalışmada Yeşil x Nazilli 84 melezinde lif renk özellikleri ile ilgili incelenmiş 7 farklı özelliğe (L, a, b, ΔL , Δa , Δb , ΔE) 35 QTL belirlenmiştir. Tek Markır Analizi sonucunda 5 markırın L değeri ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.12). LG12 üzerinde bulunan MCACEACA5 ve MCACEACA6 markırlarının L değeri ile ilgili LOD değeri 3,11 olup, fenotipik varyasyonun % 14,56'sını açıklamaktadırlar. LG 15'de bulunan MCAAEAAG8 markırının fenotipik varyasyonu açıklama oranı % 11,12, LG20'de bulunan MCAAEAAG2'ninki % 9,85 ve herhangi bir LG üzerinde bulunmayan MCAGEACC2 markırının fenotipik varyasyonu açıklama oranı ise % 8,66'dır. a değeri ile ilgili 4 farklı bağlantı grubunda yer alan 4 adet markır belirlenmiştir (Çizelge 4.13) MCTCEAAG1 markırını LG2'de, MCTAEACG2 markırını LG9'da, MCACEACC2 markırını LG10'da ve MCAAEACA13 markırını ise LG18'de lif renk değerlerinden a ile ilişkili bulunmuştur. Elde edilen QTL'ler fenotipik varyasyonu % 8,51 ile % 12,99 arasında açıklamaktadır. b değeri ile ilgili bulunan 4 adet markırdan 3'ünün (MCACEACA7, MCAAEACA3 ve MCACEACA8) LG16 üzerinde yer aldığı, 4. markırın (MCATEAGC4) ise herhangi bir bağlantı grubunda yer almadığı belirlenmiştir (Çizelge 4.14). Markırların b değeri ile ilgili

fenotipik varyasyonu açıklama oranları % 8,14 ile % 12,14 arasında değişmektedir. ΔL değeri ile ilişkili 8 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.15). Belirlenen QTL'lerden 2'si (MCACEACA5 ve MCACEACA6) LG12'de, diğer 2'si (MCAAEAAAG8 ve MCAAEAAAG6) LG15'de, 1 adedi (MCAGEACG3) LG4'de, 1 adedi (MCAAEACA3) LG16'da, bir diğeri (MCAAEAAAG2) LG20'de yer almakta, 1 adedi (MCAGEACC2) ise herhangi bir bağlantı grubunda yer almamaktadır. Markırlar içinde MCACEACA5 ve MCACEACA6 2,99 LOD değeri ile fenotipik varyasyonu % 14,04 oranında, diğer markırların fenotipik varyasyonu açıklama oranları ise % 7,87 ile % 11,44 arasında değişmektedir. Δa değeri ile ilgili QTL analiz sonuçlarına göre; 4 farklı bağlantı grubunda bulunan 4 adet markırın bu renk değeri ile ilgili olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.16). Bu markırlardan MCACEACC2 en yüksek LOD (2,7) değerine sahip olup, fenotipik varyasyonu % 13,18 oranında açıklamaktadır. Diğer markırlar MCTAEACG2, MCAAEACA13 ve MCTCEAAG1 fenotipik varyasyonu sırasıyla % 8,10, % 11,32 ve % 8,27 oranında açıklamaktadır. LG16 üzerinde bulunan 3 adet markır MCACEACA7, MCAAEACA3 ve MCACEACA8 ile herhangi bir bağlantı grubunda yer almayan MCATEAGC4 Δb değeri ile ilişkili bulunmuştur (Çizelge 4.17). 2,43 ve 2,39'lük LOD değerleriyle fenotipik varyasyonu sırasıyla % 11,57 ve % 12,14 oranında açıklayan MCACEACA7 ve MCAAEACA3 markırlarını, daha düşük LOD değerleriyle (1,79 ve 1,62) fenotipik varyasyonu sırasıyla % 8,66 ve % 8,04 oranında açıklayan MCAAEACA3 ve MCACEACA8 markırları takip etmektedir. Açılım popülasyonunda ΔE değeri ile ilgili 6 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.18). QTL'lerin 2'si (MCACEACA5 ve MCACEACA6) LG12'de, 2'si (MCAAEAAAG8 ve MCAAEAAAG6) LG15'de, 1'i (MCAAEACA3) LG16 ve diğeri (MCAAEAAAG2) LG20 üzerinde yer almaktadır. Markırların fenotipik varyasyonu açıklama oranı ise % 7,82 ile % 11,93 arasındadır. Literatürde, çalışmamızda olduğu gibi pamuk bitkisinde lif rengi değerlerine ilişkin ayrıntılı bir QTL çalışması bulunmamakla birlikte, Paterson ve ark. (2003), pamukta çevre ve genotip etkileşiminin lif kalitesi ile ilgili QTL'leri belirlemedeki etkisi ile ilgili yaptıkları çalışmada +b değeri ile ilgili 5 QTL saptamışlar, Lacape ve ark. (2005) ise *G. hirsutum* x *G. barbadense* BC generasyonlarında lif kalitesi ile ilgili yaptıkları QTL çalışmalarında inceledikleri 2 renk indeksinde (Rd: reflektans, +b) 16 QTL belirlemişlerdir.

6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bugün Dünya’da pamukta hem verim hem de lif kalitesi özelliklerinin genetik olarak iyileştirilmesi çalışmaları hızla devam etmektedir. Çünkü Dünya genelinde pamuğa artan taleple birlikte pazardaki rekabetin de artması, pamuk yetiştiricilerini birim alandan elde edilen pamuk miktarını artırma ve daha yüksek fiyattan satılabilecek kalitede pamuk üretme çabası içine itmiştir. Diğer yandan, son yıllarda çevre bilincinin artış göstermesiyle birlikte doğal ve çevreye dost üretimleri tercih eden bireylerin sayısında da artış görülmektedir. Bu nedenle, herhangi bir kimyasal işleme gerek kalmadan, doğal olarak renkli pamukların tekstilde kullanımının da yaygınlaşması, bunun içinde renkli pamukların tekstil için yetersiz olan lif kalite özelliklerinin iyileştirilmesi gereklidir. Ancak lif kalitesi iyi olan doğal renkli pamukların ıslahı için moleküler genetik çalışmaların yapılması gereklidir. Çünkü yapılan araştırmaların çoğu lif kalitesi özelliklerinin birbirleriyle negatif ilişkili olduklarını ve çevreden etkilenen kantitatif genler tarafından kontrol edildiklerini göstermiştir. Doğal pigmentasyon ile verim ve lif kalitesi arasındaki negatif korelasyonun geleneksel melezleme ve seleksiyon ile kırılması ise oldukça zordur (Zhao et al., 2009). Bu nedenle son yıllarda ıslah süresi uzun olan klasik ıslah yöntemleri ile yapılan çalışmalar yerine moleküler markırlar ile yapılan araştırmalar hız kazanmıştır.

Çalışma ile doğal yeşil renkli pamuğa ait ilk genetik bağlantı haritası oluşturulmuş ve renkli liflere ait QTL’ler haritalanmıştır. Bununla birlikte, kantitatif olan lif renginin renk ölçer cihazı ile kantitatif değerlere dönüştürülerek analizlerde kullanılması da çalışmayı özgün ve orijinal kılmaktadır. Diğer yandan, çalışmada istenilen lif özelliklerine sahip bitkiler (örneğin; uzun, yüksek düzgünlükte ve elastikiyette liflere sahip yeşil renkli bireyler) elde edilmiştir. Bu hatlardan ileriki generasyonlarda homozigotlaşmaların sağlanması ile yeni çeşitler geliştirmesi mümkündür. Çalışmada 123 AFLP markırı ile elde edilen genetik bağlantı haritası 27 LG’den oluşmakta olup 2068,5 cM uzunluğundadır. Haritada iki markır arasındaki ortalama uzaklık 16,8 cM’dir. Çalışma ile lif uzunluğu, uniformitesi, elastikiyeti ile ilgili 8, 7 adet lif renk değeri ile ilgili 35 olmak üzere toplam 43 QTL belirlenmiştir. Belirlenen bu QTL’lerle ilişkili markırların ileride markır yardımcı seleksiyonda kullanılarak ıslah sürecinin kısaltılması söz konusu

olabilir. Bunun yanında, elde edilen markırlara ilave markırların kazandırılması ile haritanın zenginleştirilerek markırlar arasındaki uzaklıkların azaltılması ve bağlantı gruplarının yeniden düzenlenerek lif özellikleri ile ilgili yeni QTL'lerin belirlenmesi mümkün olabilecektir. Çünkü yaklaşık 3 Gb'lık büyük bir genoma sahip olan pamukta markır yardımcı seleksiyona geçilebilmesi için daha fazla sayıda ve çeşitte markır kullanılarak hazırlanan ve tüm genomu kavrayan bağlantı haritalarına ve istenilen özelliklerle yakın ilişkili QTL'lerin belirlenmesine gereksinim vardır. Diğer yandan, tetraploid pamukta günümüze kadar yapılmış olan moleküler genetik haritaların birleştirilerek daha kapsamlı referans haritalarının hazırlanması yoluyla da markır yardımcı seleksiyon için önemli adımlar atılabilir.

EK AÇIKLAMALAR**EK AÇIKLAMALAR-A****Mikrorep Tampon Çözeltisi (yaklaşık 50-60 örnek için):**

25 ml DNA ekstraksiyonu tampon çözeltisi

25 ml çekirdek lisiz tampon çözeltisi

10 ml % 5 sarkosil

0,1 g sodyum bisüfit (ekstraksiyon tampon çözeltisinin içine ilave edilir.)

DNA Ekstraksiyonu Tampon Çözeltisi (100 ml için):

6,37 g sorbitol

1,21 g Tris

0,186 g EDTA

Çekirdek Lisiz Tampon Çözeltisi (100 ml için):

2 g CTAB

1,861 g EDTA

11,688 g NaCl

20 ml 1 M Tris pH: 8,0

% 5 Sarkosil (100 ml için):

5 g tartılarak 100 ml'ye tamamlanır.

EK AÇIKLAMALAR-B**0,2 M NaAc - % 70'lik Etanol (100ml için):**

3 M NaAc stok çözeltisi hazırlanır.

0,2 M NaAc için bu stok çözeltiden 6,6 ml alınır.

23,4 ml ultra saf su üzerine 70 ml % 100 etanol ilave edilir.

EK AÇIKLAMALAR-C**1X TAE (Tris-Asetik Asit-EDTA) Tampon Çözeltisi:**

50X TAE (1 l için):

242 g Tris

57,1 ml Glacial Asetik Asit

100 ml 0,5 M EDTA

Ultra saf su ile 1 litreye tamamlanır.

50X TAE çözeltisinin 50 kat seyreltilmesi ile 1X TAE elde edilir.

EK AÇIKLAMALAR-D**% 8'lik Poliakrilamid Jel:**

12,6 g Üre

6 ml 5X TBE

6 ml % 40 Akrlamid

Ultra saf su ile 30 ml'ye tamamlanır. Kullanırken üzerine;

225 µl % 10 APS

22,5 µl TEMED eklenir.

% 10 APS (Amonyum Persülfat):

0,1 g APS 1 ml ultra saf su içinde çözülür.

EK AÇIKLAMALAR-E**1X TBE (Tris-Borik Asit-EDTA) Tampon Çözeltisi:**

5X TBE (1 l için):

54 g Tris

27,5 g Borik Asit

20 ml 0,5 M EDTA

Ultra saf su ile 1 litreye tamamlanır.

5X TBE çözeltisinin 5 kat seyreltilmesi ile 1X TBE elde edilir.

KAYNAKLAR DİZİNİ

- Abdel-Salam, M.E.**, 1994, Fiber Characteristics in Relation to Processing and Yarn Quality, 53rd Plenary Meeting of International Cotton Advisory Commitee, ICAC, 31-36p.
- Abdurakhmonov, I.Y., Buriev, Z.T., Saha, S., Pepper, A.E., Musaev, J.A., Almatov, A., Shermatov, S.E., Kushanov, F.N., Mavlonov, G.T., Reddy, U.K., Yu, J.Z., Jenkins, J.N., Kohel, R.J. and Abdulkarimov, A.**, 2007, Microsatellite markers associated with lint percentage trait in cotton, *Gossypium hirsutum*, *Euphytica*, 156: 141-156.
- Ahuja, S.L., Dhayal, L.S. and Monga, D.**, 2009, Performance of Upland coloured cotton germplasm lines in line x tester crosses, *Euphytica*, 169: 303-312.
- Al-Rawi, K.M. and Kohel, R.J.**, 1969, Diallel analysis of yield and agronomic characters in *G. hirsutum* L., *Crop Science*, 9: 779-782.
- Altaf, M.K., Stewart, J.M., Wajahatullah, M.K., Zhang, J. and Cantrell, R.G.**, 1997, Molecular and morphological genetics of a trispecies F₂ population of cotton, Proc. Beltwide Cotton Conference, Jan 6-10, New Orleans, LA, USA, 448-452p.
- An, C., Jenkins, J.N., Wu, J., Guo, Y. and McCarty, J.C.**, 2010, Use of fiber and fuzz mutants to detect QTL for yield components, seed and fiber traits of upland cotton, *Euphytica*, 172: 21-34.
- Bölükbaşı, K.** “Pamuk Lif Uzunluğunun Önemi”, <http://kadirbolukbasi.wordpress.com/2008/09/15/pamuk-lif-uzunlugunun-onemi/> (2008) (Erişim tarihi: 04.01.2011)

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Bölükbaşı, K.** “*Pamuk Alımında Sınıflandırma*”, <http://kadirbolukbasi.wordpress.com/2009/09/24/k-pamukbalya-tasnif-siniflandirilmasiyeni/> (2009) (Erişim tarihi: 04.01.2011)
- Brubaker, C.L., Paterson, A.H. and Wendel, J.F.**, 1999, Comparative genetic mapping of allotetraploid cotton and its diploid progenitors, *Genome*, 42: 184-203.
- Brubaker, C. and Brown, A.H.D.**, 2003, The use of multiple alien chromosome addition aneuploids facilitates genetic linkage mapping of the G genome, *Genome*, 46: 774-791.
- Chaudhary, B., Singh, J., Chopra, S.K., Sharma, A.K., Sharma, M.K. and Singh, R.**, 2010, Genetic analysis for seed cotton yield and fibre quality traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 23 (3), Abstract No. 0976-1926.
- Collard, B.C.Y., Jahufer, M.Z.Z., Brouwer, J.B. and Pang, E.C.K.**, 2005, An introduction to markers, Quantitative Trait Loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts, *Euphytica*, 142: 169-196.
- Creatham, C.L., Jenkins J.N., McCarty, C., Watson, C.E. and Wu, J.**, 2003, Genetic variances and combining ability of crosses of American cultivars, Australian cultivars and wilt cottons, *Journal of Cotton Science*, 7:16-22.
- Dickerson, D. K., Lane, E. F. and Rodriguez, D. F.**, 1999, Naturally colored cotton: Resistance to changes in color and durability when refurbished with selected laundry aids, California Agricultural Technology Institute, October.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Doyle, J.J. and Doyle, J.L.**, 1987, A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue, *Phytochem. Bull.*, 19: 11-15.
- Dutt, Y., Wang, X.D., Zhu, Y.G. and Li, Y.Y.**, 2004, Breeding for high yield and fibre quality in coloured cotton, *Plant Breeding*, 123: 145-151.
- Frelichowski, J.E., Palmer, M.B., Main, D., Tomkins, J.P., Canrell, R.G., Stelly, D.M., Yu, J., Kohel, R.J. and Ulloa, M.**, 2006, Cotton genome mapping with new microsatellites from Acala 'Maxxa' BAC-ends, *Mol. Gen. Genomics*, 275: 479-491.
- Gerald, O.M. and Akash, M.**, 2004, Gene mapping fiber traits in cotton, *Louisiana Agriculture Online Magazine*, 46: 4.
- Guo, W., Zhang, T., Shen, X., John, Z. and Kohel, R.J.**, 2003, Development of SCAR marker linked to a major QTL for high fiber strength and its usage in molecular-marker assisted selection in upland cotton, *Crop Science*, 43: 2252-2256.
- Guo, W.Z., Shang, Z.Q., Zhou, B.L. and Zhang, T.Z.**, 2007, Genetic relationships of D-genome species based on two types of EST-SSR markers derived from *G. arboreum* and *G. ramindooii*, *Plant Science*, 172(4): 808-814.
- Gürel, A., Akdemir, H., Emiroğlu, S.H., Karadayı, H.B., Levi, N. and Yemisci, T.**, 1999, Cultivation possibilities of natural-coloured cotton lines in the Ege Region of Turkey. 6th Symposium "Deutch-Türkischer Agrarforschung", 27 September-2 October, Giessen, 153-158.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Gürel, A., Akdemir, H., Emiroğlu, Ş.H., Kadoğlu, H. ve Karadayı, H.B.,** 2000, Türkiye Lif Bitkileri Pamuk Tarımı, Teknolojisine Genel Bakış ve Diğer Lif Bitkileri. 5. Türkiye Ziraat Mühendisliği Teknik Kongresi, 17-21 Ocak.
- Han, Z.G., Guo, W.Z., Song, X.L. and Zhang, T.Z.,** 2004, Genetic mapping of EST-derived microsatellites from the diploid *Gossypium arboreum* in allotetraploid cotton, *Molecular Genetics and Genomics*, 272(3): 308-327.
- Han, Z., Wang, C., Song, X., Guo, W.Z., Gou, J., Li, C., Chen, X., Zhang, T.Z.,** 2006, Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSR in allotetraploid cotton, *Theoretical and Applied Genetics*, 112: 430-439.
- He, D.H., Lin, Z.X., Zhang, X.L., Nie, Y.C., Guo, X.P., Zhang, Y.X. and Li, W.,** 2007, QTL mapping for economic traits based on dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the interspecific cross of *Gossypium hirsutum* vs *Gossypium barbadense*, *Euphytica*, 153(1-2): 181-197.
- Hussein, E.H.A., Osman, M.H.A., Hussein, M.H., Adawy, S.S.,** 2007, Molecular characterization of cotton genotypes using PCR-based markers, *Journal of Applied Sciences Research*, 3(10): 1156-1169.
- Jambhale, N.D., Paralkar, R.M., Yadav, N.V., Darade, R.S., Yadav, M.D. and Mehetre, S.S.,** 1998, Genetics and Improvement of Lint Characters in Naturally Colored Cotton (*G. hirsutum* L.), World Cotton Research Conference-2, New Frontiers in Cotton Research, 6-12, September, 66p.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Jiang, C.X., Wright R.J., El-Zik, K.M. and Paterson, A.H.**, 1998, Polyploid formation created unique avenues for response to selection in *Gossypium* (Cotton), *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 95: 4419-4424.
- Jiang, C., Wright, R.J., Woo, S.S., DelMonte, T.A. and Paterson, A.H.**, 2000, QTL analysis of leaf morphology in tetraploid *Gossypium* (cotton), *Theoretical and Applied Genetics*, 100: 409-418.
- Jones, B.N., Ougham, H. and Thomas, H.**, 1997, Markers and mapping: We are all genetics now, *New Phytol.*, 137: 165-177.
- Joshi, K.A. and Chirde, S.S.**, 1998, Color Cotton Research in Mahyco India. World Cotton Research Conference 2, Athens, Greece, 6-12 September.
- Kanoktip, K.**, 1987, Study on the interitance of certain agronomic characteristics in cotton, *Field Crops*, Abstract No: 92-073564.
- Kaykıoğlu, G. and Debik, E.**, 2006, Color removal from textile wastewater with anaerobic treatment processes. *Journal of Engineering and Natural Sciences*, 4: 59-68.
- Khan, I.A., Khan, I.F.A. and Ahmad, M.**, 1981, Study of gene action and combining ability in various characters of cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Cotton and Trop. Fib.*, Abstract No. 6-9: 1117.
- Kohel, R.J. and Lewis, C.F.**, 1984, Cotton, R.J. Kohel and C.F. Lewis (Eds.), American Society of Agronomy, Inc., Madison, Wisconsin.
- Kohel, R.J., Yu, J., Park, Y.-H. and Lazo, G.R.**, 2001, Molecular mapping and characterization of traits controlling fiber quality in cotton, *Euphytica*, 121: 163-172.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Lacape, J.M., Nguyen, T.B., Thibivilliers, S., Bojinov, B., Courtois, B., Cantrell, R.G., Burr, B. and Hau, B.**, 2003, A combined RFLP-SSR-AFLP map of tetraploid cotton based on a *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross population, *Genome*, 46: 612–626.
- Lacape, J.-M., Nguyen, T.-B., Courtois, B., Belot, J.-L., Giband, M., Gourlot, J.-P., Gawrysiak, G., Roques, S. and Hau, B.**, 2005, QTL analysis of cotton fiber quality using multiple *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross generations, *Crop Science*, 45(1): 123-140.
- Lacape, J.-M., Jacobs, J., Arioli, T., Dericker, R., Forestier-Chiron, N., Llewellyn, D., Jean, J., Thomas, E. and Viot, C.**, 2009, A new interspecific, *Gossypium hirsutum* x *G. barbadense*, RIL population: towards a unified consensus linkage map of tetraploid cotton, *Theoretical and Applied Genetics*, 119: 281-292.
- Lacape, J.-M., Llewellyn, D., Jacobs, J., Arioli, T., Becker, D., Calhoun, S., Al-Ghazi, Y., Liu, S., Palaï, O., Georges, S., Giband, M., de Assunção, H., Barroso, P.A.V., Claverie, M., Gawryziak, G., Jean, J., Vialle, M. and Viot, C.**, 2010, Meta-analysis of cotton fiber quality QTLs across diverse environments in a *Gossypium hirsutum* x *G. barbadense* RIL population, *BMC Plant Biology*, 10: 132-142.
- Lin, Z.X., Zhang, X.L., Nie, Y.C., He, D.H. and Wu, M.Q.**, 2003, Construction of a genetic linkage map for cotton based on SRAP, *Chinese Sci. Bull.*, 48: 2063-2067.
- Lin, Z., He, D., Zhang, X., Nie, Y., Guo, X., Feng, C. and Stewart, J.M.C.D.**, 2005, Linkage map construction and mapping QTL for cotton fibre quality using SRAP, SSR and RAPD, *Plant Breeding*, 124: 180-187.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Luan, M., Guo, X., Zhang, Y., Yao, J. and Chen, W.**, 2009, QTL mapping for agronomic and fiber traits using two interspecific chromosome substitution lines of Upland cotton, *Plant Breeding*, 128: 671-679.
- Luckett, D.J.**, 1989, Diallel analysis of yield components, fibre quality and bacterial blight resistance using spaced plants of cotton, *Euphytica*, 44: 11-21.
- Mei, M., Syed, N.H., Gao, W., Thaxton, P.M., Smith, C.W., Stelly, D.M. and Chen, Z.J.**, 2004, Genetic mapping and QTL analysis of fiber related traits in cotton (*Gossypium*), *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 280-291.
- Meredith, W.R.**, 1990, Yield and fiber-quality potential for second generation cotton hybrids, *Crop Science*, 30: 1045-1048.
- Myers, G.O., Jiang, B., Akash, M.W., Badigannavar, A. and Saha, S.**, 2009, Chromosomal assignment of AFLP markers in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Euphytica*, 165: 391-399.
- Nyugen, T.B., Gibve, M., Brottier, P., Misterucci, A. and Lacape, J.M.**, 2004, Wide coverage of the tetraploid cotton genome using newly developed microsatellite markers, *Theoretical Applied Genetics*, 108: 122-131.
- Park, Y.-H., Alabady, M.S., Ulloa, M., Sickler, B., Wilkins, T.A., Yu, J., Stelly, D.M., Kohel, R.J., El-Shihy, O.M. and Cantrell, R.G.**, 2005, Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population, *Mol. Gen. Genomics*, 274: 428-441.
- Paterson, A.H., Saranga, Y., Menz, M., Jiang, C. and Wright, R.J.**, 2003, QTL analysis of genotype x environmental interactions affecting cotton fiber quality, *Theor. Appl. Genet.*, 106: 384-396.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Price, J.B., Cui, X. and Calamari, T.A.**, 2001, Assessing the quality of four naturally colored cottons, *Textile Res. J.*, 71(11): 993-999.
- Qin, H., Guo, W., Zhang, Y.-M. and Zhang, T.**, 2008, QTL mapping of yield and fiber traits based on a four-way cross population in *Gossypium hirsutum* L., *Theoretical Applied Genetics*, 117: 883-894.
- Reinish, A.J., Dong, J.M., Brubaker, C.L., Wendel, J.F. and Paterson, A.H.**, 1994, A detailed map of cotton, *G. hirsutum* x *G. barbadense*: Chromosome organization and evolution in a disomic polyploid genome, *Genetics*, 138: 829-847.
- Rong, J.-K., Abbey, C., Bowers, J.E., Brubaker, C.L., Chang, C., Chee, P.W., Delmonte, T.A., Ding, X.L., Garza, J.J., Marler, B.S., Park, C.-H., Pierce, G.J., Rainey, K.M., Rastogi, V.K., Schulze, S.R., Trolinder, N.L., Wendel, J.F., Wilkins, T.A., Williams-Coplin, T.D., Wing, R.A., Wright, R.J., Zhao, X., Zhu, L. and Paterson, A.H.**, 2004, A 3347-locus genetic recombination map of sequence-tagged sites reveals features of genome organization, transmission and evolution of cotton (*Gossypium*), *Genetics*, 166: 389-417.
- Rong, J., Feltus, F.A., Waghmare, V.N., Pierce, G.J., Chee, P.W., Draye X., Saranga Y., Wright, R.J., Wilkins, T.A., May, O.L., Smith, C.W., Gannaway, J.R., Wendel, J.F. and Paterson, A.H.**, 2007, Meta-analysis of polyploid cotton QTL shows unequal contributions of subgenomes to a complex network of genes and gene clusters implicated in lint fiber development, *Genetics*, 176: 2577-2588.
- Rungis, D., Llewellyn, D., Dennis, E.S. and Lyon, B.R.**, 2005, Simple Sequence Repeat (SSR) markers reveal low levels of polymorphism between cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivars, *Australian J. Agri. Res.*, 56: 301-307.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Saranga, Y., Menz, M., Jiang, C., Wright, R.J., Yakir, D. and Paterson, A.H.,** 2001, Genomic dissection of genotype x environment interactions conferring adaptation of cotton to arid conditions, *Genome Res.*, 11: 1988-1995.
- Shappley, Z.W., Jenkins, J.N. and Meredith Carty J.C.M.C.,** 1998a, An RFLP linkage map of Upland cotton, *Theoretical and Applied Genetics*, 97: 756-761.
- Shappley, Z.W., Jenkins, J.N., Zhu, J. and Meredith Carty, J.C.M.C.,** 1998b, Quantitative trait loci associated with agronomic and fiber traits of Upland cotton, *Journal of Cotton Science*, 4: 153-163.
- Shen, X., Guo, W., Zhu, X., Yuan, Y., Yu, J.Z., Kohel, R.J. and Zhang, T.,** 2005, Molecular mapping of QTLs for qualities in three diverse lines in Upland cotton using SSR markers, *Molecular Breeding*, 15: 169-181.
- Shen, X., Becelaere, G.V., Kumar, P., Davis, R.F., May, O.L. and Chee, P.,** 2006, QTL mapping for resistance to root-knot nematodes in the M-120 RNR Upland cotton line (*Gossypium hirsutum* L.) of the Auburn 623 RNR source, *Theoretical and Applied Genetics*, 113(8): 1539-1549.
- Shen, X., Guo, W., Lu, Q., Zhu, X., Yuan, Y. and Zhang, T.,** 2007, Genetic mapping of quantitative trait loci for fiber quality and yield trait by RIL approach in Upland cotton, *Euphytica*, 155: 371-380.
- Song, X., Wang, K., Guo, W., Zhang, J. and Zhang, T.,** 2005, A comparison of genetic maps constructed from haploid and BC1 mapping populations from the same crossing between *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L., *Genome*, 48(3): 378-390.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Subhan, M., Qasim, M., Ahmad, D.R., Khan, M.U., Khan, M.A. and Amin, M.A.**, 2003, Combining ability for yield and its component in upland cotton, *Asian Journal of Plant Sciences*, 2(7): 519-522.
- Tanksley, S.D. and Hewit, J.**, 1998, Use of molecular markers in breeding for soluble solids content in tomato-a reexamination, *Theoretical Applied Genetics*, 75: 811-823.
- Ulloa, M. and Meredith W.R. Jr.**, 2000, Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population, *Journal of Cotton Science*, 4: 161–170.
- Ulloa, M., Cantrell, R.G., Percy, R., Lu, Z. and Zeiger, E.**, 2000, QTL Analysis of stomatal conductance and relationship to lint yield in an interspecific cotton, *Journal of Cotton Sci.*, 4: 10-18.
- Ulloa, M., Meredith, W.R. Jr., Shappley, Z.W. and Kahler, A.L.**, 2002, RFLP genetic linkage maps from four F2.3 populations and a joinmap of *Gossypium hirsutum* L., *Theor. Appl. Genet.*, 104: 200-208.
- Ulloa, M., Saha, S., Jenkins, J.N., Meredith Jr., W.R., McCarty Jr., J.C. and Stelly, D.M.**, 2005, Chromosomal assignment of RFLP linkage groups harboring important QTLs on an intraspecific cotton (*Gossypium hirsutum* L.) joinmap, *Journal of Heredity*, 96(2): 132-144.
- Ulloa, M., Brubaker, C. and Chee, P.**, 2007, Cotton (Chapter 1), Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants, Vol. 6: Technical Crops, C. Kole (Ed.), Springer-Verlag Berlin, Heidelberg, 1-49p.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Varshney, R.K., Mahendar, T., Aggarwal, R.K. and Börner, A.,** 2007, Genic Molecular Markers in Plants: Development and Applications (Chapter 2), Genomics-Assisted Crop Improvement, Vol. 1: Genomics Approaches and Platforms, R.K. Varshney and R. Tuberosa (Eds.), Springer, 13-29p.
- Vreeland Jr., J.M.,** 1996, Organic and naturally colored native cotton from Peru, New Research in Organic Agriculture, 11th International Scientific IFOAM Conference, August 11-15, Copenhagen.
- Waghmare, V.N., Rong, J., Rogers, C.J., Pierce, G.J., Wendel, J.F. and Paterson, A.H.,** 2005, Genetic mapping of a cross between *Gossypium hirsutum* (cotton) and the Hawaiian endemic, *Gossypium tomentosum*, *Theoretical and Applied Genetics*, 111: 665-676.
- Wang, B., Guo, W., Zhu, X., Wu, Y., Huang, N. and Zhang, T.,** 2006, QTL mapping of fiber quality in an elite hybrid derived-RIL population of upland cotton, *Euphytica*, 152: 367-378.
- Wu, J., Gutierrez, O.A., Jenkins, J.N., McCarty, J.C. and Zhu, J.,** 2009, Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of Upland cotton, *Euphytica*, 165: 231-245.
- Yıldırım, A. ve Kandemir, N.,** 2001, Genetik Markörler ve Analiz Metodları. Bitki Biyoteknolojisi II, Bölüm 23, Özcan, S., Gürel, E. ve Babaoğlu, M. (Derl.), Konya, 334-363s.
- Yuan, Y., Yu, J., Guo, W. and Kohel, R.J.,** 2002, Molecular tagging of a major QTL for fiber strength in Upland cotton and its marker-assisted selection, *Theor. Appl. Genet.*, 106: 1101-1103.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Yu, J., Kohel, J.K., and Smith, C.W.**, 2010, The construction of a tetraploid cotton genome wide comprehensive reference map, *Genomics*, 95: 230-240.
- Yüce, S.**, 2005, Bitki Islahı ve Moleküler Biyoteknoloji Uygulamaları, Workshop on Genomics and Marker Assisted Selection (MAS) in Plant Breeding, İzmir, 03-07 Ekim, 23-32s.
- Zhang, J., Guo, W. and Zhang, T.**, 2002, Molecular linkage map of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. x *Gossypium barbadense* L.) with a haploid population, *Theoretical and Applied Genetics*, 105: 1166-1177.
- Zhang, T., Yuan, Y., Yu, J., Guo, W. and 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.
- Zhang, J., Lu, Y., Cantrell, R.G. and Hughs, E.**, 2005a, Molecular marker diversity and field performance in commercial cotton cultivars evaluated in the southwestern USA, *Crop Sci.*, 45: 1483-1490.
- Zhang, Z.-S., Xiao, Y.-H., Luo, M.-H., Li, X.-B., Luo, X.-Y., Hou, L., Li, D.-M. and Pei, Y.**, 2005b, Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of fiber-related traits in Upland cotton (*Gossypium hirsutum*), *Euphytica*, 144: 91-99.
- Zhang, H.-B., Li, Y., Wang, B. and Chee, P.W.**, 2008, Recent advances in cotton genomics, *International Journal of Plant Genomics*, 1-20p.
- Zhang, L., He, J. and Wang, S.-Y.**, 2009, Structure and thermal properties of natural colored cottons and bombax cotton, *Journal of Thermal Analysis and Calorimetry*, 95(2): 653-659.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Zhang, Z.-S., Hu, M.-C., Zhang, J., Liu, D.-J., Zheng, J., Zhang, K., Wang, W. and Wan, Q.**, 2009, Construction of a comprehensive PCR-based marker linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Mol. Breeding*, 24: 49-61.
- Zhao, L., Cai, C.P., Zhang, T.Z. and Guo, W.Z.**, 2009, Fine mapping of the red plant gene *R1* in Upland cotton (*Gossypium hirsutum*), *Chinese Science Bulletin*, 54(9): 1529-1533.
- Zheng, J., Zhang, Z.-S., Chen, L., Wan, Q., Hu, M.-C., Wang, W., Zhang, K., Liu, D.-J., Chen, X. and Wie, X.-Q.**, 2008, Intron-targeted intron-exon splice conjunction (IT-ISJ) marker and its application in construction of upland cotton linkage map, *Agricultural Sciences in China*, 7(10): 1172-1180.
- Zhu, S.-W., Gao, P., Sun, J.-S., Wang, H.-H., Luo, X.-M., Jiao, M.-Y., Wang, Z.-Y. and Xia, G.-X.**, 2006, Genetic transformation of green-colored cotton, *In vitro cell. Dev. Biol.-Plant*, 42: 439-444.

ÖZGEÇMİŞ

1977 Karabük doğumlu olan T.C. vatandaşı Devrim Semizer Cuming, ilk, orta ve lise eğitimini Ankara’da tamamladı. 1999 yılında Ortadoğu Teknik Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümünden mezun oldu. Aynı yıl Çevre Bakanlığı’nda Biyolog olarak meslek hayatına başladı. 2002-2004 yılları arasında E.Ü. Biyomühendislik ABD’de yüksek lisans eğitimini “pUC 119 Vektörü ile Random Nohut (*Cicer arietinum* L.) Genom Kütüphanesinin Hazırlanması” konulu tez çalışması ile tamamlamasının ardından 2005 yılında doktora eğitimine başladı. Halen Ege Ormancılık Araştırma Müdürlüğü’nde görevine devam eden Semizer Cuming, çok iyi derecede İngilizce bilmektedir.

Yayımları

Tanyolaç, B., Nemli, S., Yılmaz-Temel, H., Akkale, C., **Semizer-Cuming, D.**, Kaya, H.B., Uzan, İ. ve Altan, F., 2010, Metabolomik, 9. Bölüm: Metabolomiğin Tarımdaki Uygulamaları, A. Telefoncu ve A. Kılınç (Derl.), E.Ü. Basımevi, Bornova, İzmir, 187-235s.

Semizer-Cuming, D., Kahraman, A. and Tanyolac, B., 2009, New RFLP clones for genome mapping in Chickpea, *International Journal of Natural and Engineering Sciences*, 3(3): 176-181.

Sarikaya, D., Chiba, I., Bilgen, C., Kamataki, T., and Topcu, Z., 2007, RT-PCR-based cytochrome P450 expression profile of oral tissue samples, *Journal of Clinical Pharmacy and Therapeutics*, 32(5): 445-8.

Sarikaya, D., Bilgen, C., Kamataki, T. and Topcu, Z., 2006, Comparative Cytochrome P450 -1A1, -2A6, -2B6, -2C, -2D6, -2E1, -3A5 and -4B1 expressions in human larynx tissue, *Biopharmaceutics and Drug Disposition*, 27(8): 353-9.

Gündoğdu, V., Torusdağ, E., **Sarikaya, D.**, 2005, İzmir Kuş Cenneti sulak alanının ekolojik yapısı ve su kirliliği izleme çalışması, *Ekoloji*, 14(54): 31-36.

Gündoğdu, V., **Sarikaya, D.**, Özcan, N.H., 2004, Deniz bitkileri eylem planı: İzmir ili örneği, *E.Ü. Su Ürünleri Dergisi*, 21(1-2): 53-58.