



Pamukta Lif Verimi ve Kalite Karakterleri İin Kantitatif Karakter Lokus Analizleri

Program Kodu: 1002

Proje No: 1190677

Proje Yürütücüsü:
Prof. Dr. Sami DOĞANLAR

Arařtırmacı(lar):

Danışman(lar):

Bursiyer(ler):

TEMMUZ 2020
İZMİR



Önsöz

Pamuk tetraploid yapıda olması nedeniyle moleküler genetik analizler için zor bir bitki türüdür. Ancak, son zamanlarda, pamukta çok sayıda moleküler markör geliştirilmiş, türlerarası ve türleriçi melezlemeler sonucu geliştirilen değişik populasyonlar için genom haritaları oluşturulmuş ve biyotik/abiyotik streslere dayanıklılık, bitki yapısı, lif verimi ve kalitesi gibi çok sayıda agronomik ve teknolojik karakter için kantitatif karakter lokusları (QTL) belirlenmiştir. Dünya genelinde yapılan bu çalışmalar sonucunda, pamuk bitkisinde moleküler markör teknolojilerin kullanımı rutin ıslah uygulamaları haline gelmiştir.

Yürütülen bu proje kapsamında moleküler markör teknolojilerinin klasik pamuk ıslah çalışmalarına entegre edilmesi esas olarak hedeflenmiştir. Moleküler markör teknolojileri uygulanarak pamuk genotipleri arasındaki genetik çeşitlilik düzeyi ve populasyon yapısı belirlenmiş ve yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip olan bireyler melezleme programlarına ebeveyn olarak seçilmiştir. Fenotipik ve genotipik olarak karakterize edilen populasyonda ilişkilendirme analizlerinin yapılmasıyla lif verimi ve kalitesi karakterleriyle ilişkili genom bölgeleri (QTL) ve karakterlerle ilişkili SSR markörleri tespit edilmiştir. İlişkili bulunan genom bölgelerinin intronik veya ekzonik bölgeler olduğu belirlenmiştir ve muhtemel gen fonksiyonu anotasyonları gerçekleştirilmiştir.

Bu proje TÜBİTAK tarafından Prof. Dr. Sami DOĞANLAR'a 1002 Hızlı Destek Programı kapsamında sağlanan destekle yürütülmüştür.



İçindekiler

Önsöz	ii
İçindekiler	iii
Tablo listeleri	iv
Şekil Listeleri	v
Özet	vi
Abstract	vii
1. Giriş	1
2. Literatür özeti	2
3. Gereç ve yöntem	5
3.1. Bitkisel materyal	5
3.2. Tarla Denemeleri ve Fenotipik Veri Toplanması	8
3.3. DNA İzolasyonu ve SSR Analizleri	8
3.4. Genetik çeşitlilik ve populasyon yapısı	10
3.5. İlişkilendirme analizleri	11
3.6. Biyoinformatik Analizleri	12
4. Bulgular ve Tartışma	12
4.1. Fenotipik Karakterizasyon	12
4.1.1. Kütlü verimi	13
4.1.2. Randıman	14
4.1.3. Lif uzunluğu	15
4.1.4. Lif mukavemeti	16
4.1.5. Lif inceliği	17
4.2. SSR analizleri	29
4.3. Populasyon yapı ve genetik çeşitlilik analizleri	31
4.3.1. Populasyon analizi	31
4.3.2. Genetik çeşitlilik analizleri	37
4.4. İlişkilendirme analizleri ve bağlantı dengesizliği	41
4.4.1. Lif-kalite karakterlerinin SSR markörleri ile ilişkilendirme analizleri	41
4.4.2. Bağlantı dengesizliği (Linkage disequilibrium, LD) analizleri	51
4.5. Literatürde QTL Karşılaştırmaları	52
4.6. QTL'lerin doğrulanması	56
4.7. Biyoinformatik Analizleri	58
5. Sonuç	60
Kaynaklar	63



Tablo listeleri

Tablo 1. Çalışmada kullanılan RIL-Panelini oluşturan pamuk genotiplerin listesi	6
Tablo 2. RIL populasyonunu genotiplemede kullanılan 52 SSR markörün listesi	9
Tablo 3. Rekombinant safhatların lif özellikleri ortalamaları	13
Tablo 4. Lif karakterleri arasındaki ikili ilişkiler	13
Tablo 5. 2012 yılında RIL-Paneli kullanılarak yapılan tarla denemeleri sonuçları	18
Tablo 6. 2013 yılında RIL-Paneli kullanılarak yapılan tarla denemeleri sonuçları	22
Tablo 7 Melez kombinasyonları arasında ANOVA analiz sonuçları	27
Tablo 8 Melez kombinasyon gruplarının ortalama değerleri	27
Tablo 9. Melez kombinasyonları arasında istatistiksel olarak çoklu kıyaslamalar	28
Tablo 10. Popülasyonun ANOVA analiz sonuçları	28
Tablo 11. 2012 ve 2013 yılları yetiştirme sezonunda Aydın'da iklim şartları	29
Tablo 12. Her bir grup için standart sapma ve ΔK değerleri	33
Tablo 13. Populasyondaki bireylerin NJ analizine göre gruplara ayrılması	33
Tablo 14. RIL populasyonundaki genetik farklılık değerleri	40
Tablo 15. Darwin6 ile yapılan çeşitlilik analizi sonuçları	40
Tablo 16 AMOVA analizi sonuçları	40
Tablo 17. STRUCTURE analizi ile hesaplanan Q matriks değerleri	41
Tablo 18. İlişkilendirme analizinde kullanılan fenotip ölçümlerinin BLUP değerleri	45
Tablo 19 İlişkilendirme analizleri için uygulanacak test modelleri	49
Tablo 20. İncelenen karakterler ile ilişkili bulunan SSR lokusları ($p < 0.005$)	50
Tablo 21. QTL lokuslarının literatür ile kıyaslanması	53
Tablo 22. İlişkilendirme analizleri ile komşu markörlerin ve QTL'lerin belirlenmesi	54
Tablo 23. QTL-karakter ilişkilerinin doğrulanması istatistiksel olarak analiz sonuçları	57
Table 24. İlişkilendirme analizi ile önemli bulunan markörlerin çevresindeki genler	59



Şekil Listeleri

Şekil 1. DPL571 markörün bireyler arasında band profili	30
Şekil 2. DPL571 markörün örnek görüntüsü	30
Şekil 3. DPL071 markörünün bir örnek üzerinde profil sonucu	30
Şekil 4. DPL570 markörüne örnek sonucu	31
Şekil 5. Populasyon yapısının üç kümeye ayrıldığını gösteren diyagram (K=3)	32
Şekil 6. Popülasyon yapısını gösteren farklı küme sayılarının Delta K değerleri	32
Şekil 7. Ln ve Standart sapma L(K)değerilerin	33
Şekil 8. Çeşitlilik analizi sonucunda elde edilen dendrogram	39
Şekil 9 Yapı analizi ve çeşitlilik analizi sonuçlarının ile elde edilen dendrogram	41
Şekil 10. 2012 yılı lif karakterleri için histogram	42
Şekil 11: 2013 yılı lif karakterleri için	42
Şekil 12. LD nin bozunma grafiği ($p < 0.05$ ve $r^2 > 0.03$)	52



Özet

Pamuk ıslahı çalışmalarında rutin olarak pedigrisi belli ebevenylerin melezlenmesi, açılım popülasyonlarının oluşturulması ve fenotipe dayalı seleksiyon işlemleri ile yürütülen çalışmalar pamuk gen havuzunu fark edilir bir şekilde daraltmış ve bunun neticesinde, günümüzdeki pamuk çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin çok düşük düzeylerde kalmasına neden olmuştur. Pamuk ıslah çalışmalarında yıllardır aynı ıslah metodunun kullanılması, aynı ebevenylerin sürekli olarak ıslah çalışmalarında donör anaç olarak kullanımı ve pamuk ıslahçılarınin adapte olmamış germplazmaları kullanmak istememeleri yıllar süren klasik ıslahın sonucu olarak pamuk genomunda çeşitliliğin azalmasına neden olmuştur. Bu durumda, yapılan melezlemelerde rekombinantların ortaya çıkarılma şansını azaltmıştır. Dolayısıyla, pamuk ıslah çalışmalarında fenotipik ve genotipik olarak karakterize edilmiş germplazmaların oluşturulması; hem lif verimi ve kalitesi bakımından önemli karakterlerin genetik kontrollerinin anlaşılması ve marköre dayalı seleksiyon çalışmalarının başlatılması ve hemde oluşturulacak kombinasyon ıslahı çalışmalarında kullanılacak anaçların seçilmesi açısından önemlidir. Önerilen projede lif karakterleri bakımından iki yıl süreyle incelenmiş değişik kademelerdeki RIL popülasyonlarında moleküler markör analizleri yapılmıştır. Böylece, fenotipik ve genotipik olarak yüksek düzeyde çeşitliliğe sahip olan pamuk genotipleri belirlenmiş ve ayrıca ilişkilendirme analizleri ile agronomik karakterler bakımından ilişkili genom bölgeleri (markörler) tespit edilmiştir.



Abstract

Cotton breeding routinely uses methods, such as hybridization of pedigreed parents to develop segregating populations and phenotype-based selection, which have significantly narrowed the cotton gene pool, resulting in very low levels of genetic diversity among today's cotton varieties. Years of using the same breeding method and the same parents as donors combined with breeders' unwillingness to use un-adapted germplasm have further reduced genetic diversity in cotton. As a result, the chance of producing novel recombinants from hybridization has diminished. Selection of new parents for pedigree breeding can be improved by phenotypic and genotypic characterization of germplasm. This, combined with marker-based selection studies will provide a greater understanding of the genetic control of important characters such as fiber yield and quality. In the proposed project, molecular marker analyses was performed in RIL populations at various stages of breeding. The population was also examined for fiber quality over two years. In this way, cotton genotypes that are most genetically and phenotypically varied were determined and the genomic regions (markers) associated with agronomic characters were identified.



1. Giriş

Dünya, toplam pamuk üretiminin tamamına yakın kısmını allotetraploid iki yakın akraba türden (*Gossypium hirsutum* ve *G. barbadense*) sağlamaktadır. Üretilen pamukların %90 ise *Gossypium hirsutum* türü upland pamuklarından oluşmaktadır. Geçmişten bu zamana kadar yapılan yoğun seleksiyon çalışmaları pamuk gen havuzunda farkedilir derecede daraltmıştır. Bu durum günümüz pamuk çeşitleri arasındaki genetik varyasyonun çok düşük düzeylerde kalmasına sebep olmuştur (Wendel 1989; Brubacker ve Wendel 1994; Multani ve Lyon 1995; Tatineni vd., 1996). Genetik varyasyon düzeyinin az olması da bitki ıslahçısının özellikle pamuk üreticisinin, tekstil ve konfeksiyon sanayicisinin ortaya çıkan ihtiyaçlarına ve taleplerine cevap verebilecek özgün allel kombinasyonlarının oluşturulmasında ve dolayısıyla yeni pamuk çeşitleri geliştirmesinde zorluklara neden olmaktadır.

Günümüzde, genetik varyasyonun farklı tür/çeşitler içerisinde ve arasında belirlenmesi, ayrıca bilinçli bir şekilde artırılması sürdürülebilir pamuk ıslah çalışmalarının esasını oluşturmaktadır. Son yıllarda, moleküler biyoloji alanındaki gelişmeler hızla artmış ve bu yöntemlerin (moleküler markör teknolojisi, DNA analizleri ve MAS yöntemi) farklı bitki tür/çeşitleri içerisinde ve arasındaki genetik varyasyon seviyesinin belirlenmesi, ıslah için uygun ve avantajlı genotiplerin belirlenmesi, gen havuzu yüksek çeşitliliğe sahip çekirdek popülasyonların tespit edilmesi; ve tüm bu avantajların bitki ıslahında yaygın olarak kullanılmasına imkan sağlamıştır.

Önerilen bu proje kapsamında klasik pamuk ıslahına moleküler markör tekniklerinin entegre edilmesi hedeflenmiştir. Bu amaçla, moleküler markör teknolojisi (SSR) pamuk materyalleri arasındaki genetik çeşitlilik düzeyi ve populasyon yapısının araştırılmasında ve ilişkilendirme analizlerinde kullanılmıştır. Bu çalışmalar sonucunda, genetik çeşitliliğe sahip genotipler belirlenmiş ve ilişkilendirme analizleri ile agronomik karakterler bakımından ilişkili genom bölgeleri (QTL) ve moleküler ıslah çalışmalarında kullanılacak SSR markörleri tespit edilmiştir.

Yürütülen projede, değişik kademelerde (F6-F8) 157 rekombinant safhattan oluşan (RIL) popülasyonu (RIL-Paneli), 2012 ve 2013 yıllarında iki sezon tarla denemelerine tabi tutulmuş ve lif verimi ve kalite özellikleri bakımından analiz edilmiştir. Paralel yürütülen bir çalışmada, RIL-Paneli'nde genom analizlerine başlanmış ve toplamda hedeflenen 105 SSR markörün 52 tanesi tüm popülasyona uygulanmıştır. Tamamlanan SSR markörleri için polimorfik genotip datası elde edilmiştir. Yürütülen bu proje kapsamında ise, geri kalan 52 SSR markörün RIL-Paneli'ne uygulanma işlemi gerçekleştirilmiştir. Bu çalışma sonucunda, lif özellikleri ve 120 adet SSR analizinden elde edilen genotip verisinin ilişkilendirilmesiyle lif karakterleri üzerinde etkili olan DNA bölgeleri (QTL) tespit edilmiş ve bu QTL bölgelerinin *in silico* analizleri yapılarak olası fonksiyonları incelenmiştir.



2. Literatür özeti

Pamuk, ülkemiz ekonomisinin lokomotif sektörü olan tekstil başta olmak üzere birçok farklı sanayii kolunun en önemli hammaddesidir. Ülkemizde, yaklaşık 100 bin çiftçi ailesi pamuk üretimi gerçekleştirmekte, 500 bin daimi işçi, 1,5 milyon geçici işçinin istihdamı pamuktan sağlanmaktadır. Gayri safi milli hasıla (GSMH)'nın yaklaşık %5-6'sını oluşturmaktadır. Sanayi üretiminin %40'ını, GSMH'nin %14'ünü, genel ihracat gelirlerinin %33'ünü oluşturan tekstil ve konfeksiyon sanayinin temel hammaddesidir. Dünya tekstil piyasasında Türkiye'nin rekabet gücünün artırılması için ilk hedef; kaliteli ham madde üretiminin yurtiçinden sağlanmasıdır. Kaliteli hammadde kaliteli ürüne, kaliteli ürün de markaya dönüştürülmesi durumunda, ülkemiz dünya tekstil sektöründe rekabetçi ülkeler arasında üst sıralardaki yerini alacaktır. Pamuk lifi değişik kullanım alanlarıyla, hem ekonomik hem de sosyal açıdan büyük önem arz eden bir kültür bitkisidir. Öncelikle lifi için üretilen pamuğun, çırçırılma sonrası tohumunun bitkisel yağ, çığit ununun insan için protein ve çığit küspesinin de hayvan yemi olarak değerlendirilmesi mümkündür. Tohumunun üstünde kalan ve linter olarak adlandırılan kısa elyaflar da ekonomik olarak önem arz etmekte ve kağıt para, barut ve mobilya yapımı gibi bir çok alanda kullanılmaktadır. Artan nüfus, doğal elyafa olan ilginin giderek artması ve yaşam standardının yükselmesi, pamuk lifine olan talebi de artırmaktadır.

Tarımın küresel ekonomiye entegrasyonu ile birlikte, dünya tarım piyasalarında sürdürülebilir rekabet gücüne sahip olmak büyük önem kazanmıştır. Birçok ülke kendi pamuk ıslah programlarını oluşturarak yeni pamuk çeşitlerinin geliştirilmesini stratejik bir gelişme olarak ortaya çıkarmıştır. Pamuk Türk ekonomisi için stratejik öneme sahip olan bir üründür. Ülkemizde ve dünyada pamuk tarımındaki rekabet gücümüzün artırılabilmesi ve endüstrinin taleplerinin karşılanabilmesi için ilk olarak ülkemizde güçlü bir yerli pamuk ıslahı sektörüne ve bunun sonucunda oluşacak rekabet gücü yüksek, üstün özellikler içeren yerli pamuk çeşitlerine ihtiyaç vardır.

Pamuk tarımına, sınırlı sayıda ülkenin ekolojisi imkân sağlamaktadır. Dünya pamuk üretiminin yaklaşık %86'sı, Türkiye'nin de içinde olduğu sekiz ülke tarafından gerçekleştirilmektedir. 1990'lı yıllara kadar yerli pamuk çeşitlerimizin ekim oranı %98 olmasına karşın, 2002 yılı ve sonrasında özel firmaların yurtdışından introduksiyon yoluyla ülkemize getirdikleri yabancı pamuk çeşitlerinin ekim oranları hızlı bir şekilde artmıştır. Bu durum ülkemizdeki yerli pamuk çeşidi üretim oranını hızla düşürmüştür. Pamuk ekim bölgelerinde yerli pamuk çeşitlerinin ekim alanı oranının artırılması ve uzun dönemde pamuk tohumculuğunda dışarıya bağımlılığın asgari düzeye indirilmesi beklenmektedir.

Günümüz koşullarında klasik bitki ıslahı ile yeni çeşit geliştirmek oldukça uzun zaman, maliyet ve yoğun işgücü ve çaba gerektirmektedir. Islah süresini kısaltmak, verimli, kaliteli, besin içeriği ve kullanılabilirliği yüksek, biyotik ve abiyotik stres koşullarına, hastalık ve zararlılara dayanıklı çeşit geliştirmek, mevcut ticari çeşitlerin saflığını, üretim ve satış



potansiyelini korumak klasik bitki ıslahında yeni teknolojilerden yararlanmayı gerektirmektedir. Bu amaçla son yıllarda moleküler teknikler ya da teknolojiler denilen; bitki biyoteknoloji, genetik mühendisliği, markörlere dayalı seleksiyon, DNA analizi gibi teknolojiler yaygın bir şekilde klasik bitki ıslahı ile entegre edilerek önemli avantajlar ve yenilikler elde edilmiştir.

Dünyada büyük boyutta pamuk tohumculuğu yapan firmalar incelendiğinde bu firmaların sayısının fazla olmadığı ve her geçen gün küçük firmaların dünya devi bu büyük firmalar tarafından satın alındıkları ve giderek artan ve kaygı veren ölçüde bir tekelleşmeye doğru gidildiği gözlenmektedir. Bu tür firmalar ürün geliştirme süreçlerinde her türlü ileri teknolojileri kullanabilme yeteneğine sahip olup bu teknolojiler sayesinde çok kısa sürede, fazla sayıda ve sıklıkta ve değişik taleplere yönelik yüksek kalitede ürünler geliştirebilmektedirler. Diğer ülkelerde olduğu gibi ülkemizde de pamuk tohumculuğu ile ilgilenen firmaların ve Üniversiteler ve Araştırma Enstitü'leri gibi kamu ıslah programlarının benzer teknolojileri ürün geliştirme süreçlerinde kullanabilmeleri gereklidir. Aksi takdirde uluslararası büyük firmalarla rekabet edemeyecekleri ve erime sürecine girecekleri bilinen bir gerçektir. Piyasa ihtiyaçlarını karşılamakta zorlanan kamu ıslah çalışmaları (üniversiteler ve araştırma enstitüleri) mevcut durumda rekabet etme gücünü kaybetmiştir. Bu durumun başlıca sebebi kamu ıslah çalışmalarında moleküler teknolojilerinde etkin olarak kullanıldığı AR-GE çalışmalarına gerekli yatırımların yeterince yapılmamasıdır. Dolayısıyla, kamu ıslah programlarının bir an önce moleküler teknolojileri pamuk ıslah programlarında etkin bir şekilde kullanması gerekmektedir. Klasik yöntemlerle yapılan ıslah çalışmalarından sınırlı düzeylerde başarılar elde edilebilmektedir.

Dünya üzerinde yapılan pamuk üretiminin tamamına yakını allotetraploid olan iki türden sağlanmaktadır. Üretilen pamukların yaklaşık %90 ise upland türü (*Gossypium hirsutum*) pamuklardan oluşmaktadır (USDA, 2020). Yoğun seleksiyon çalışmaları pamuk gen havuzunu farkedilir bir şekilde daraltmış ve bu durum günümüz pamuk çeşitleri arasındaki genetik varyasyonun çok düşük düzeylerde kalmasına sebep olmuştur (Wendel 1989; Brubacker ve Wendel 1994; Multani ve Lyon 1995; Tatineni ve ark. 1996). Genetik varyasyon düzeyinin az olması da bitki ıslahçısının özellikle pamuk üreticisinin ve tekstil sanayicisinin ortaya çıkan ihtiyaçlarına ve taleplerine cevap verebilecek özgün allel kombinasyonlarının oluşturulmasında ve dolayısıyla yeni pamuk çeşitlerinin geliştirmesinde zorluklara neden olmaktadır.

Genetik çeşitlilik biyolojik çeşitliliğin esasını oluşturmaktadır ve biyolojik polimorfizm ve tür çeşitliliğinin ise tabanını oluşturmaktadır (Guang ve Ming 2006) ve genetik çeşitlilik seviyesinin artırılması sürdürülebilir ıslah çalışmaları için gereklidir (Meredith 1991). Genetik çeşitlilik ve germplazmlar pamuk ıslah çalışmalarında önemli rol oynamaktadır. Kaliteli germplazmların içerisindeki genetik çeşitliliğin doğru tespit edilmesi, ıslah amaçlarının



gerçekleştirilmesinde gerekli olan kombinasyon melezleme çalışmalarında ebevenlerin seçilmesi, kalıtım derecesi ve varyasyonun derecesinin doğru tahmini ve heterozis seviyesinin tespit edilmesinde yardımcı olacaktır (Guang ve Ming 2006). Pamukta genetik varyasyonun alarm verecek düzeyde giderek azaldığı değişik çalışmalarda gösterilmiştir (van Esbroeck vd., 1998, Wendel vd., 1992). Genetik varyasyondaki azalmanın; pamuk ıslah çalışmalarında yıllardır aynı ıslah metodunun ve donör anaçların kullanımı (Bowman vd., 1996), pamuk ıslahçılarının adapte olmamış germplazmaları kullanmak istememeleri (van Esbroeck vd., 1997) gibi bir çok sebebi bulunmaktadır.

Günümüzde, genetik varyasyonun (DNA polimorfizmi) değişik tür/çeşitler içerisinde ve arasında belirlenmesi ve bilinçli bir şekilde artırılması sürdürülebilir pamuk ıslah çalışmalarının esasını oluşturmaktadır. Son yıllardaki bitki moleküler genetiği alanındaki gelişmeler bu yöntemlerin (moleküler markörler, DNA analizleri ve MAS seleksiyonları) değişik bitki tür ve çeşitleri içerisinde ve arasındaki genetik varyasyonun seviyesinin belirlenmesi ve bitki ıslahında yaygın olarak kullanılmasına imkan sağlamıştır.

Hemen hemen bütün bitki türlerinde moleküler markörler kullanılarak genom haritaları çıkarılmış ve moleküler ıslah çalışmaları başlatılmış olmasına rağmen, pamuk bitkisinde genom haritalama ve moleküler ıslah çalışmaları bitkinin genomunun nisbi olarak kompleks yapıda olması, ürün için geliştirilen DNA işaretleyicileri sayısının yeterli olmaması ve üretilen pamukların tetraploid yapıda olması gibi nedenlerle sınırlı düzeyde kalmıştır. Ancak son zamanlarda, pamuk için bir çok moleküler markör sistemleri geliştirilmiştir ve başta genetik çeşitlilik analizleri olmak üzere allotetraploid ve diploid pamuklar için genetik bağlantı haritalarının oluşturulması gibi bir çok moleküler çalışmada kullanılmıştır. Oluşturulan bu haritalar agronomik karakterleri kontrol eden çok sayıda kantitatif karakter lokusunun (QTL) pamuk genomunda haritalanmasında uygulanmıştır (Ljaz vd., 2019; Diouf vd., 2018; Tan vd., 2018; Wang vd., 2016; Wang vd., 2015; Tang vd., 2015).

Bu klasik QTL haritalama tekniklerinin yanısıra son zamanlarda bir çok bitki türünde popüler olan ve rutin halde kullanılmaya başlanan ilişkilendirme haritalama tekniği pamuk bitkisinde de kantitatif karakter lokuslarının haritalanması işlemlerinde uygulanmaya başlanmıştır. Bu çalışmaların çoğunda, yürütülen bu projede de olduğu gibi SSR markörleri kullanılmıştır. Pamukta SSR markörleri uygulanarak yapılan bir çok çalışmada lif verim ve kalite karakterleri (Shermotov vd., 2010; Baytar vd., 2018; Zeng vd., 2009; Li vd., 2017; Baytar vd., 2018a; Jia vd., 2014, Mei vd., 2013; Abdurakhmonov vd., 2008; 2009; 2010; Cai vd., 2014; Nie vd., 2016; Ademe vd., 2017; Iqbal ve Rahman, 2017; Dong vd., 2018) üzerinde yoğunlaşmıştır.

Pamuk bitkisinin moleküler genetik haritasını yüksek çözünürlüğe getirmek ve ekonomik önemi olan bazı karakterlerle harita üzerine yerleştirilen işaretleyiciler arasındaki bağlantıları ortaya çıkarmak ve bu bilgilerin pamuk genom araştırmalarında ve ıslah çalışmalarında



kullanılabilirliğini sağlamak halen bir çok ülkede yapılan çalışmaların en büyük hedefidir (Jiang vd., 1998; Yu vd., 2012; Kohel vd., 2001).

Yürütülen bu projede de pamuk ıslah çalışmalarında moleküler markör tekniklerinin entegre edilmesi hedeflenmiştir. Bu hedefe ulaşmak için; (1) çoklu ebevenyler arasında melezlemeler sonucu geliştirilen ve lif karakterleri bakımından F6-F8 generasyonlarına kadar seleksiyona tabi tutulan 157 adet RIL popülasyonu, markör – karakter ilişkilerini ortaya çıkarmak için, pamuk genomunu kapsayacak şekilde seçilen toplam 102 SSR markörü ile taranmıştır. (2) ıslah çalışmalarında kullanılmak üzere genetik olarak üstün nitelikli bireyleri saptamak için RIL popülasyonunu oluşturan bireyler arasındaki genetik çeşitlilik düzeyi, atasal geçmişi ve popülasyon yapısı incelenmiştir. (3) pamuk ıslah çalışmalarında ihtiyaç duyulan maksimum düzeyde lif verim ve kalite karakterlerinin kazanımını sağlayacak allellerin seçimi için önemli ve stabil moleküler markör grupları belirlenmiştir.

3. Gereç ve yöntem

3.1. Bitkisel materyal

Bu projede Aydın, Koçarlı'da kurulu bulunan Özaltın Tarım İşletmeleri San. ve Tic. A.Ş. Firması tarafından yürütülmekte olan 13 yıllık ıslah çalışmaları sonucu geliştirilen ve F6-F8 gibi değişik kademelerdeki 157 adet rekombinant safhattan (RIL) oluşan bir panel (RIL-Panel) kullanılmıştır. RIL-Panelinin geliştirilmesi için Ege Bölgesinde yoğun bir şekilde tarımı yapılan 3 adet çeşit (Candia, Carmen, Nazilli 84S) ana (♀) ebeveyn olarak seçilmiştir. Candia Avusturalya'da melezleme ve seleksiyon yöntemi ile geliştirilmiştir. Candia, 29.8 g/teks lif dayanıklılığı, 27.9 mm lif uzunluğu, 4.5 mic lif inceliği ve 43.9% randıman ile iyi lif kalite özelliklerine sahiptir (Harem, 2014). Carmen, diğer bir Avustralya çeşidi olup Candia'dan daha iyi lif kalite özelliklerine sahip olduğu rapor edilmiştir: 30.9-36.6 g/teks lif dayanıklılığı, 30.3-32.0 mm lif uzunluğu, 4.4-5.1 micronaire lif inceliği ve 41.8% randıman. N84-S (Nazilli 84-S) Türkiye'de Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü tarafından geliştirilen bir çeşit olup iyi lif kalite özelliklerine sahiptir: 78-84 (1000 Lb/inch²) dayanıklılık, 28.5-29.5 mm uzunluk, 4.3-4.8 mic ve yüksek randıman özelliği 44-45% (Harem, 2014). Bu ebeveyn çeşitler USDA Gen Bankasından temin edilen yaklaşık 200 civarında donör (♂) pamuk çeşiti ile melezlenmiştir. İleri hatlar her generasyonda lif verim ve kalite karakterleri için incelenmiştir. Çalışma sonucunda, çok ebevenyeli F6-F8 kademelerine ilerletilerek rekombinant safhatlar geliştirilmiş ve bu çalışmada materyal olarak kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan RIL-Paneli'ni oluşturan genotiplerin listesi Tablo 1'de verilmiştir. Tablo 1'de listelenen RIL-Paneli moleküler markör teknolojileri ile genom seviyesinde incelenerek genetik çeşitlilik düzeyi belirlenmiş ve polimorfik bölgelerin belirlenmesinin ardından genom düzeyinde yüksek çeşitliliğe sahip olan pamuk genotipleri, ıslah çalışmalarında anaç olarak kullanılmak üzere, tespit edilmiştir.



Tablo 1. Çalışmada kullanılan RIL-Panelini oluşturan pamuk genotiplerin listesi

Pedigri no	Ebeveyn	Pedigri no	Ebeveyn
13OZ142	N84-S X 06OZ662	13OZ050	N84-S X 06OZ704
13OZ137	CARMEN X 06OZ731	13OZ119	CARMEN X 06OZ682
13OZ095	CARMEN X 06OZ653	13OZ143	CARMEN X 06OZ653
13OZ111	CANDİA X 06OZ770-4	13OZ130	N84-S X 06OZ601
13OZ078	CARMEN X 06OZ731	13OZ116	CANDİA X 06OZ770-4
13OZ055	CANDİA X 06OZ720	13OZ005	CANDİA X 06OZ770-3
13OZ118	CARMEN X 06OZ569	13OZ017	N84-S X 06OZ577
13OZ101	N84-S X 06OZ601	13OZ091	N84-S X 06OZ753
13OZ033	N84-S X 06OZ753	13OZ009	CARMEN X 06OZ662
13OZ049	N84-S X 06OZ630	13OZ092	N84-S X 06OZ630
13OZ072	CANDİA X 06OZ602	13OZ037	CANDİA X 06OZ686
13OZ082	N84-S X 06OZ704	13OZ028	CANDİA X 06OZ654
13OZ103	CANDİA X 06OZ602	13OZ045	CARMEN X 06OZ686
13OZ020	CANDİA X 06OZ654	13OZ043	CARMEN X 06OZ686
13OZ098	CANDİA X 06OZ770-5	13OZ108	CANDİA X 06OZ770-4
13OZ026	N84-S X 06OZ577	13OZ109	CANDİA X 06OZ770-4
13OZ117	CANDİA X 06OZ653	13OZ083	N84-S X 06OZ704
13OZ124	CARMEN X 06OZ662	13OZ036	CARMEN X 06OZ662
13OZ006	CANDİA X 06OZ581	13OZ040	CANDİA X 06OZ720
13OZ133	N84-S X 06OZ601	13OZ122	CARMEN X 06OZ653
13OZ126	CANDİA X 06OZ704	13OZ001	N84-S X 06OZ654
13OZ129	CARMEN X 06OZ653	13OZ018	CANDİA X 06OZ654
13OZ148	N84-S X 06OZ704	13OZ131	N84-S X 06OZ601
13OZ141	CARMEN X 06OZ731	13OZ132	N84-S X 06OZ601
13OZ151	CANDİA X 06OZ653	13OZ135	CARMEN X 06OZ731
13OZ061	N84-S X 06OZ713	13OZ137	CARMEN X 06OZ731
13OZ070	CARMEN X 06OZ693	13OZ007	CANDİA X 06OZ630
13OZ066	CANDİA X 06OZ630	13OZ077	CARMEN X 06OZ731
13OZ024	N84-S X 06OZ577	13OZ069	CANDİA X 06OZ731
13OZ106	N84-S X 06OZ720	13OZ035	CARMEN X 06OZ662
13OZ079	CARMEN X 06OZ731	13OZ120	CARMEN X 06OZ569
13OZ071	CARMEN X 06OZ693	13OZ114	CANDİA X 06OZ653
13OZ089	CANDİA X 06OZ770-3	13OZ128	CARMEN X 06OZ653
13OZ044	CARMEN X 06OZ686	13OZ138	N84-S X 06OZ662
13OZ121	CANDİA X 06OZ704	13OZ155	N84-S X 06OZ753
13OZ047	N84-S X 06OZ630	13OZ086	CANDİA X 06OZ720
13OZ147	N84-S X 06OZ704	13OZ104	CANDİA X 06OZ653
13OZ144	CARMEN X 06OZ653	13OZ023	N84-S X 06OZ577
13OZ142	N84-S X 06OZ662	13OZ015	N84-S X 06OZ706-2
13OZ137	CARMEN X 06OZ731	13OZ123	CANDİA X 06OZ654
13OZ153	N84-S X 06OZ704	13OZ113	CARMEN X 06OZ653
13OZ112	CANDİA X 06OZ713	13OZ096	CANDİA X 06OZ770-5
13OZ080	N84-S X 06OZ662	13OZ146	CARMEN X 06OZ653
13OZ085	CANDİA X 06OZ720	13OZ125	CARMEN X 06OZ662
13OZ025	N84-S X 06OZ577	13OZ136	N84-S X 06OZ662
13OZ086	CANDİA X 06OZ720	13OZ094	CARMEN X 06OZ653



13OZ081	CANDÍA X 06OZ728	13OZ029	CANDÍA X 06OZ654
13OZ051	N84-S X 06OZ704	13OZ046	CARMEN X 06OZ686
13OZ021	CANDÍA X 06OZ654	13OZ073	CANDÍA X 06OZ578
13OZ054	CANDÍA X 06OZ720	13OZ090	CANDÍA X 06OZ686
13OZ110	CANDÍA X 06OZ770-4	13OZ014	CARMEN X 06OZ686
13OZ097	CANDÍA X 06OZ770-5	13OZ059	CANDÍA X 06OZ770-2
13OZ064	CANDÍA X 06OZ630	13OZ058	CANDÍA X 06OZ585
13OZ068	CANDÍA X 06OZ630	13OZ116	CANDÍA X 06OZ770-4
13OZ053	CANDÍA X 06OZ720	13OZ005	CANDÍA X 06OZ770-3
13OZ034	CARMEN X 06OZ686	13OZ011	CARMEN X 06OZ662
13OZ030	CARMEN X 06OZ682	13OZ152	CANDÍA X 06OZ653
13OZ157	CARMEN X 06OZ686	13OZ145	CARMEN X 06OZ653
13OZ127	CANDÍA X 06OZ704	13OZ154	N84-S X 06OZ704
13OZ149	CANDÍA X 06OZ653	13OZ033	N84-S X 06OZ753
13OZ063	CANDÍA X 06OZ630	13OZ062	N84-S X 06OZ753
13OZ067	CANDÍA X 06OZ630	13OZ060	CANDÍA X 06OZ720
13OZ076	N84-S X 06OZ671	13OZ027	CANDÍA X 06OZ654
13OZ099	CANDÍA X 06OZ770-5	13OZ115	CANDÍA X 06OZ770-4
13OZ016	N84-S X 06OZ706-2	13OZ107	CANDÍA X 06OZ770-4
13OZ105	CANDÍA X 06OZ686	13OZ102	CANDÍA X 06OZ602
13OZ084	CANDÍA X 06OZ720	13OZ088	CANDÍA X 06OZ770-3
13OZ019	CANDÍA X 06OZ654	13OZ134	N84-S X 06OZ601
13OZ075	N84-S X 06OZ671	13OZ150	CANDÍA X 06OZ653
13OZ065	CANDÍA X 06OZ630	13OZ063	CANDÍA X 06OZ630
13OZ032	CARMEN X 06OZ682	13OZ013	N84-S X 06OZ685
13OZ094	CARMEN X 06OZ653	13OZ093	CARMEN X 06OZ653
13OZ029	CANDÍA X 06OZ654	13OZ001	N84-S X 06OZ654
13OZ046	CARMEN X 06OZ686	13OZ008	CANDÍA X 06OZ728
13OZ004	CANDÍA X 06OZ770-2	13OZ002	N84-S X 06OZ603
13OZ039	CANDÍA X 06OZ720	13OZ010	CARMEN X 06OZ697
13OZ139	CARMEN X 06OZ731	13OZ038	CANDÍA X 06OZ770-3
13OZ014	CARMEN X 06OZ686	13OZ041	CARMEN X 06OZ686
13OZ102	CANDÍA X 06OZ602	13OZ140	N84-S X 06OZ662
13OZ055	CANDÍA X 06OZ720	13OZ115	CANDÍA X 06OZ770-4
13OZ031	CARMEN X 06OZ682	13OZ107	CANDÍA X 06OZ770-4
13OZ056	N84-S X 06OZ169	13OZ012	CARMEN X 06OZ787
13OZ087	N84-S X 06OZ720	13OZ003	CANDÍA X 06OZ728
13OZ012	CARMEN X 06OZ787	13OZ063	CANDÍA X 06OZ630
13OZ042	CARMEN X 06OZ686	13OZ013	N84-S X 06OZ685
13OZ057	N84-S X 06OZ169	13OZ093	CARMEN X 06OZ653
13OZ022	CANDÍA X 06OZ654	13OZ112	CANDÍA X 06OZ713
13OZ100	CANDÍA X 06OZ770-5	13OZ074	CARMEN X 06OZ581
13OZ052	N84-S X 06OZ704	13OZ156	N84-S X 06OZ753
13OZ048	N84-S X 06OZ630	13OZ014	CARMEN X 06OZ686



3.2. Tarla Denemeleri ve Fenotipik Veri Toplanması

RIL-Panelli iki yetiştirme sezonu boyunca lif karakterleri bakımından incelenmiştir. Tarla denemeleri, Aydın, Koçarlı'da kurulu bulunan Özaltın Tarım İşletmeleri San. ve Tic. A.Ş. Firması tarafından sağlanan deneme arazilerinde 2012 ve 2013 yetiştirme sezonlarında yürütülmüştür. Bitkiler 2012, 2013 yılları Eylül aylarında elle hasat edilmiştir. Denemelerin kurulduğu araziler %13-14 su kapasitesi ve %4-6 solma noktası olan kumlu-tınlı toprağa sahiptir. Tarla denemelerinde 12 m uzunluğunda, 70 cm sıra aralığında ekim yapan pamuk deneme ekim mibzeri kullanılmıştır. Ekimlerin ardından çıkış gözlemleri yapılmış ve eksik parseller tekrar ekilerek, her bireye ait parselin eksiksiz olarak çıkışı sağlanmıştır. Çıkış safhasının ardından her bireye ait parsellerde önce seyreltme çapası yapılmış ve sıra üzeri 1-3 cm'ye düşürülmüştür. Seyreltme çapasını takip eden 15. gün tekleme çapası yapılmış ve sıra üzeri mesafe 20 cm olacak şekilde teklenmiştir. Böylece her bireye ait deneme parsellerinin ekim normu 70 cm x 20 cm olacak şekilde dizayn edilmiştir. Pamuk bireylerine ait 12 m uzunluğundaki parsellerde (-1,+1) 60 adet bitki yetiştirilmiştir. Parsellerin başındaki ve sonundaki kenar tesiri etkilerini azaltmak için 1'er m kenar tesiri bitkileri kabul edilerek, değerlendirilmeye alınmamış ve her parselde 2 m değerlendirilmeye alınmamıştır. Böylece 10 m parselde 50 adet bitki ile çalışılmıştır. Arazi koşullarında alınan lif verimi ve kalitesine ait fenotipik veriler parsel içerisindeki 10 bitki üzerinden gerçekleştirilmiştir. Çalışmada her bireye ait parselin 50 adet bitkisi içerisinde ardışık 10 adet bitki belirlenerek tüm gözlemler bu bitkiler incelenerek elde edilmiştir. Tüm pamuk bitkileri; sıra üzeri ve sıra arası bakımından aynı koşullar altında incelenmiştir. Tarla denemeleri üç tekerrürlü (blok) augmented deneme desenine göre kurulmuştur. Denemelerde 3'ü kontrol (Nazilli 84S, Candia, Carmen) olmak üzere toplam 157 birey kullanılmıştır. Her bir tekerürde 51 genotip + 3 kontrol olmak üzere toplam 54 birey yer almıştır.

Pamuk tohum verimi çırçırılama öncesi 1 hektar araziden elde edilen 1 kg. tohumun ağırlığı olarak kg/ha cinsinden hesaplanmıştır. Tohumlardan lifleri çıkarmak için silindir çırçır makinesi kullanılmıştır. Lif oranı = gr lif / (gr. lif t gr. tohum) * 100 formülü ile hesaplanmıştır. Lif karakterlerinin belirlenmesi için lifler 21 °C'de %65 bağıl nemde 48 saat boyunca imkübe edilmiştir. Lif uzunluğu, lif mukavemeti ve lif inceliği HVI pamuk standartlarına dayalı bir USTER-HVI cihazı ile ölçülmüştür.

En iyi doğrusal tarafsız tahminleri (BLUPs) Wen vd., (2014) tarafından tanımlanan yöntemeye dayalı olarak iki yıllık morfolojik verileri modellemek için JMP yazılımı uygulanarak



hesaplanmıştır. BLUP'lar kalıtım derecesi analizlerinde, iki değişkenli korelasyonların belirlenmesinde ve ilişkilendirme analizlerinde kullanılmıştır.

Geniş anlamda kalıtım derecesi: $H^2 = V_g/V_p * 100$, $V_g = MS(G) - MS(E) / r$ formülü ile tahmin edilmiştir. Burada; $V_g (\sigma^2g)$ = genotipik varyans; $V_e (\sigma^2e)$ = hata varyansı, yani MS (E); ve $V_p (\sigma^2p)$ = fenotipik varyans = $\sigma^2g + \sigma^2e$ (r = tekrar sayısı) ifade etmektedir (Bhagasara vd., 2017; Kruijer vd., 2014). MS(G) ve MS(E), ANOVA analizi ile hesaplanan genotip ve artık kalan hata için ortalama karelerdir. İki değişkenli korelasyon katsayıları, iki kuyruklu yöntem olan Pearson Korelasyonu ile tahmin edilmiştir. Tüm istatistiksel analizler PAWS istatistik yazılımı (SPSS Inc. Yayınlanan 2009) kullanılarak yapılmıştır.

3.3. DNA İzolasyonu ve SSR Analizleri

Moleküler markör çalışmaları için kullanılacak bitki materyallerinden Doyle ve Doyle (1987) tarafından tanıtılan yöntemle göre DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. DNA örneklerinin kantitatif ve kalitatif analizi Nanodrop ND-1000 spektrometre ile ölçülmüştür. Mevcut durumda, 157 RIL paneline ait bireylerin genomik DNA izolasyonu gerçekleştirilmiş ve stok DNA'lar ve seyreltilerek DNA'lar (50 ng/ul) -80 °C'de muhafaza edilmiştir.

Moleküler haritalama çalışmalarında pamuk genomuna spesifik SSR (basit dizi tekrarları) markörleri kullanılmıştır. SSR analizleri için pamuk genomunu kapsayacak şekilde 105 adet markör belirlenmiştir (Yu vd., 2012). Yu vd. (2012) tarafından yapılan çalışmada *Gossypium* (upland pamuğu) genomunun karakterize edilmesinde kullanılmak üzere bütün pamuk genomunu kapsayacak şekilde 105 adet SSR marköründen oluşan çekirdek/temel (core set) bir markör seti tanımlanmıştır. Bu markörler 26 tetraploid pamuk kromozomu için kromozom başına eşit şekilde dağıtılmış ve her bir kromozom en az 4 adet markör gelecek şekilde seçilmiştir. Çekirdek SSR markörleri koleksiyonu oluşturulurken dünyada pamukta markör geliştirme çalışması yapan 12 adet grubun çalışmaları ve verileri dikkate alınmıştır. Yapılan bu çalışma sonucunda, oluşturulan çekirdek SSR markör seti pamukta türlerarası ve türleriçi DNA polimorfiziminin ortaya çıkarılmasında, genetik çeşitliliğin karakterizasyonunda ve karakter haritalama çalışmalarında çok güçlü bir imkan sağlamıştır. Yürütülen bu projede de ilgili pamuk SSR çekirdek seti içerisinde yer alan 52 adet SSR markörü kullanılmıştır. SSR primerlerine ait bilgiler Cotton Database Resources (www.cottongen.org) adresinde mevcut bulunmaktadır.

SSR analizleri Lacape vd., (2003) tarafından tanıtılan ve Baytar vd., (2017) tarafından değiştirilerek uygulanan yöntemle göre yapılmıştır. SSR PCR amplifikasyonu için hazırlanan PCR karışımı içerisinde: 0.5 µl ileri (0.8 µM stok solüsyonu) ile 0.5 µl geri (3.2 µM stok solüsyonu) primerleri ile birlikte 2.5 µl 10X PCR tampon çözeltisi, 0.5 µl dNTP (10mM), 0.25 µl Taq DNA polimeraz enzimi, 18.75 µl ddH₂O ve yaklaşık olarak 50 ile 100 ng lık 2 µl kalıp DNA yer almıştır. PCR amplifikasyon protokolü: 94 °C de 5 dakika ön denatürasyon, 94 °C de 30 saniye denatürasyon, tavlama (annealing) 50 °C de 1 dakika ve uzama 72 °C de 1



dakika (35 döngü), son uzama 72 °C de 5 dakika olarak ve 4 °C' de tutmayı içermiştir. Bu proje kapsamında kullanılan pamuk SSR primerleri polimorfiz testlemeleri için öncelikle PCR sonrası agaroz jelde testlenmiştir. Bu işlem için, elde edilen PCR ürünleri 2 µl mavi boya ile karıştırıldıktan sonra her bir örnek TAE tampon çözeltisi ile hazırlanmış %3 agaroz jelde 100 mA de en az 5 saat süreyle yürütülmüştür. Ethidium bromide eklenen jeller elektroforez işleminde sonra jel dokümantasyon sisteminde görüntülenmiştir. Bu metodla ayrıştırılmayan primerler daha sonra kapillar elektroforez sistemi ile yüksek çözünürlükte ayrıştırılmıştır. Bu şekilde taranan bölgelerde var olan polimorfizmler daha hassas ve doğru bir şekilde belirlenmiştir. Bu çalışmalar için Fragment Analyzer™ Automated CE Sistemi kullanılmıştır. Kapillar fragment analizleri sonucu elde edilen markör verileri PROSize 2.0 analitik yazılımı ile DNF-900-55-DNA-35-500 bp ayırma metodu kullanılarak işlenmiştir. Elde edilen fragmentler ±2 bp mesafesinde skorlanmıştır ve polimorfik SSR markörleri belirlenmiştir. Bu şekilde 52 adet SSR markörü belirlenmiştir. Tablo 2'de RIL-Panelinin markör analizlerinde kullanılan SSR markörlerinin listesi verilmiştir.

Tablo 2. RIL popülasyonunu genotiplemede kullanılan 52 SSR markörün listesi

No	Markör	Kromozom	Kromozom pozisyon	No	Markör	Kromozom	Kromozom pozisyon
1	BNL0530	chr.04	61.95	25	DOW061	chr.20	66.19
2	BNL1151	chr.11	51.22	26	DOW069	chr.04	51.01
3	BNL1495	chr.13	53.37	27	DOW070	chr.22	61.81
4	BNL1531a	chr.07	96.41	28	DOW071	chr.04	35.48
	BNL1531b	chr.16	87.4	29	DOW074	chr.14	48.12
5	BNL2443	chr.17	0.0	30	DOW076	chr.09	39.86
6	BNL2495	chr.26	73.26	31	DOW077	chr.16	69.78
7	BNL2496	chr.17	91.76	32	DOW080	chr.11	45.83
8	BNL2570	chr.20	82.9	33	DOW084	chr.05	150.21
9	BNL2572	chr.04	83.69	34	DPL159	bilinmiyor	bilinmiyor
10	BNL3594a	chr.06	12.27	35	DPL181	chr.21	58.39
	BNL3594b	chr.25	8.91	36	DPL196	chr.22	56.1
11	CIR165a	chr.05	180.62	37	DPL220	chr.08	62.37
	CIR165b	chr.19	160.44	38	DPL223	chr.16	45.32
12	CIR218	chr.22	106.92	39	DPL228	chr.24	29.42
13	CIR286	chr.23	5.32	40	DPL231	chr.24	27.24
14	CIR320	chr.07	117.08	41	DPL241	chr.05	152.22
15	CIR347a	chr.03	20.87	42	DPL247	chr.19	174.42
	CIR347b	chr.17	84.82	43	DPL249	chr.18	33.57
16	DOW024	bilinmiyor	bilinmiyor	44	DPL264	chr.15	59.29
17	DOW038	chr.04	42.53	45	DPL299	chr.04	44.3
18	DOW043	chr.11	96.68	46	DPL307	chr.23	95.03
19	DOW050	bilinmiyor	bilinmiyor	47	DPL322	chr.15	51.39



20	DOW051	chr.21	61.26	48	DPL338	chr.11	115.44
21	DOW056	bilinmiyor	bilinmiyor	49	DPL354	chr.14	80.4
22	DOW057	chr.08	91.66	50	DPL457	chr.08	67.25
23	DOW058	chr.01	85.94	51	DPL541	chr.09	127.55
24	DOW059	chr.20	124.83	52	DPL717	chr.21	9.92

Daha sonra bu markörlerin bütün popülasyonda PCR'ları yapılmış ve kapiller jel elektroforezde yüksek çözünürlükte ayrıştırılması tamamlanmıştır. Kullanılan 52 markörün de ± 2 bp mesafesinde popülasyon içinde polimorfik olduğu gözlenmiştir.

3.4. Genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısı

SSR markörleri kullanılarak elde edilen genotipik veriler Matsuoka vd., (2002) tarafından tanımlanan metoda göre farklı allelleri temsil eden "bin"lere bölünmüştür. Her bir markör için polimorfizm bilgi içeriği (PIC-Polymorphism information content) değeri Saal ve Wricke, (1999) tarafından tanımlanan formüle göre hesaplanmıştır.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

p_i i'inci allelin sıklığını (frequency) ve k ise her lokus için farklı allellerin toplam sayısını vermektedir. SSR markörleri dominant olarak skorlanmıştır. Bütün genotiplerin özgün bir lokus için markör değerleri: var için "1", yok için "0" ve heterozigot bireyler için "0.5" ve kayıp veri için "9" gibi değerlerle skorlanmıştır. Bu veriler Nei'nin genetik benzerlik indeksinin (The Nei index of genetic similarity) hesaplanmasında kullanılmıştır (Nei ve Li 1979). DARwin6 (Dissimilarity Analysis and Representation for Windows) yazılımı kullanılarak Dice katsayısı ve ağırlıksız komşu birleştirme algoritması olan çeşitler arasındaki ikili mesafeleri hesaplanmıştır (Perrier ve Jacquemoud-Collet, 2006). F_{st} 'ye benzer ikili Φ_{PT} değerleri, genAEx 6.503 uygulanarak moleküler varyans analizi ile popülasyondaki kümeler arasında hesaplanmıştır (Peakall ve Smouse, 2006; 2012). STRUCTURE yazılımı bir Bayesyen iteratif algoritması uygulayarak popülasyondaki genetik yapıyı değerlendirmek için kullanılmıştır (Pritchard vd., 2000). Tüm popülasyonun alt kümeleri, verilerdeki farklı allel frekanslarına dayalı olarak tahmin edilmiştir. Bireylerin alt kümelere atanması olasılıkların analizi ile yapılmıştır. 2'den 10'a kadar olan alt küme numaraları (K) her biri 20 yineleme ile test edilmiştir. Karışım modeli, doğru tahmin için 50.000 iterasyon ve 300.000 MCMC (Markov Zinciri Monte Carlo) replikasyonunun yanmasıyla kullanılmıştır. En iyi temsilci K'ye Evanno yöntemini uygulayarak (Evanno vd., 2005) Structure Harvester web tabanlı programdan (Earl ve vonHoldt, 2012) elde edilen verilerle en yüksek ΔK 'ye göre karar verilmiştir. Bireyler, atalara ait benzerlik modeline göre alt kümelere %60 kesme değeri ile atanmıştır.



3.5. İlişkilendirme analizleri

İlişkilendirme haritalaması (Ersoz vd., 2008) için elde edilen fenotipik ve genotipik veriler Tassel v. 2.0.1 (Bradbury vd., 2007) ve STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard vd., 2000) bilgisayar programları ile analiz edilmiştir. İlişkilendirme analizlerinin yapılması için gerekli iş akışı ayrıntılı bir şekilde aşağıda verilmiştir:

(1) Oluşturulan panel içerisinde yeralan pamuk genotipleri arasındaki ailesel ilişkiler 26 ($2n = 52$) pamuk kromozomuna yayılan 105 SSR markörü kullanılarak hesaplanmıştır ve LD (Linkage Disequilibrium) değeri belirlenmiştir.

(2) LD bir çift lokus arasındaki tesadüfü olmayan ilişkilerin derecesini veya iki lokustaki allellerin birlikte bulunma seviyelerini açıklayan R^2 istatistiği kullanılarak hesaplanmıştır (Hill ve Robertson, 1968).

(3) SSR markörleri kullanılarak elde edilen genotipik veriler, akrabalık (kinship) katsayısı (K matriks) değerleri TASSEL programı ile elde edilmiştir.

(4) Analiz edilen bireylerin ve tanımlanan populasyonların sayıları dikkate alınarak Q matriksi STRUCTURE programı (Pritchard vd., 2000) ile elde edilmiştir. STRUCTURE programı ile elde edilen verilerin TASSEL programı tarafından okunması için text dosyası olarak oluşturulmuştur.

(5) İlişki matriksi (K matriks) TASSEL programındaki “kinship” katsayısı kullanılarak elde edilmiştir.

(6) İlişkilendirme analizleri için en uygun modeli belirlemek için 7 farklı model test edilmiştir. Bu modeller: GLM (Q), GLM (PC), GLM (Q+PC), MLM (K), MLM (K+Q), MLM (K+PC), MLM (K+Q + PC)'dir. Bunlardan en uygun olan GLM (Q+PC) modeli seçilmiştir (Tablo 19). Model analizleri TASSEL programındaki “MLM (mixed linear model)” ve General Linear Model (GLM) komutu ile yapılmıştır (Yu vd., 2006). Q matriks yapı analizlerinden elde edilerek STRUCTURE programı ile hesap edilir. K matriksi bir çift birey arasındaki genetik kovaryansın derecesini tanımlamaktadır. Ayrıca TASSEL ile hesaplanan Principal Component (PC) analizi sonucundaki Eigen değerleri ile de GLM ve MLM düzelterek, ilgili model test edilmiştir. En sonunda bütün veriler TASSEL programındaki GLM (Q+PC) modeli çalıştırılarak analiz edilmiştir (Yu vd., 2006).

(7) P değerleri False discovery rate (FDR) kontrolü QVALUE programı ile $p \leq 0.005$ ve q-value < 0.1 seviyesinde gerçekleştirilmiştir (Weller vd., 1998; Benjamini ve Yekutieli, 2005).

(8) Analiz sonucunda ilgili karakterler bakımından ilişkili markör bölgeleri belirlenmiştir.

3.6. Biyoinformatik Analizleri

Pamuk (*Gossypium hirsutum*) genomunun sekanslanması tamamlanmıştır (Li vd., 2015; <https://www.cottongen.org/organism/Gossypium/hirsutum>). Markörlerin sekans bilgileri ve genom pozisyonları <https://www.cottongen.org>'un veritabanında mevcuttur. İlişkilendirme analizlerinin sonuçlarında elde edilen ilişkili markörlerin pamuk genomunda karşılık gelen genom bölgeleri belirlenmiştir. Bunun için, *Gossypium hirsutum* genomuna karşılık gelen markörlerin sekans bilgilerinin tüm *Gossypium hirsutum* genomuna Blast'lanmasıyla <https://www.cottongen.org/blast> ve/veya <https://blast.ncbi.nlm.gov/Blast.cgi> ile gerçekleştirilmiştir. Bu şekilde SSR markörlerin intronik ya da ekzonik bölgelerde bulunduğu belirlenmiştir. Annotasyon ve homoloji bilgilerinin belirlenmesinin ardından ilişkili markörlerin olası hangi gen fonksiyonlarında görev aldığı saptanmıştır.

4. Bulgular ve Tartışma

4.1. Fenotipik Karakterizasyon

157 adet pamuk genotipinden oluşan RIL-paneli iki yetiştirme sezonu boyunca beş lif karakteri (kütlü verimi, lif randımanı, lif uzunluğu, lif mukavemeti, lif inceliği) bakımından incelenmiştir. Tablo 3'te çok ebeveynli rekombinant safhatlar için lif özellikleri, ortalama, CV ve aralık değerleri her sezon için ayrı ayrı verilmiştir.

Tablo 3. Rekombinant safhatların lif özellikleri ortalamaları

Karakter	2012			2013			Kalıtım (%)
	Ortalama \pm SP	Aralık	CV%	Ortalama \pm SP	Aralık	CV%	
Kütlü verimi (kg/ha)	481.5 \pm 11.14	58.8 - 922.9	29.0	-	-	-	-
Lif randımanı (%)	41.6 \pm 0.14	36.5 - 45.6	4.2	40.7 \pm 0.12	38.0 - 47.4	3.7	44.51
Lif uzunluğu (mm)	29.9 \pm 0.10	26.1 - 33.8	4.3	30.2 \pm 0.08	27.4 - 33.6	3.5	27.04
Lif mukavemeti (g/teks)	31.3 \pm 0.17	25.0 - 37.6	7.0	36.1 \pm 0.20	29.4 - 47.6	6.9	26.35
Lif inceliği (mic)	4.65 \pm 0.03	3.58 - 5.63	7.7	4.6 \pm 0.03	3.05 - 5.52	8.1	33.17

Lif karakterleri arasındaki ikili korelasyonlar Tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 4. Lif karakterleri arasındaki ikili ilişkiler

Karakter	Tohum verimi (kg/ha)	Lif randımanı (%)	Lif uzunluğu (mm)	Lif mukavemeti (g/teks)	Lif inceliği (mic)



Kütlü verimi (kg/ha)	1				
Lif randımanı (%)	-0.045	1			
Lif uzunluğu (mm)	0.117	-0.334**	1		
Lif mukavemeti (g/teks)	0.229**	-0.212**	0.279**	1	
Lif inceliği (mic)	-0.040	0.256**	-0.194*	0.124	1

4.1.1. Kütlü verimi

157 adet genotipten oluşan RIL-panelinin kütlü verimi 58,8 kg ha⁻¹-922,9 kg ha⁻¹ arasında değişiklik göstermiştir. Ortalama kütlü verimi 482 kg ha⁻¹ olarak hesaplanmıştır (Tablo 3). Kütlü verim karakteri, populasyon içerisinde diğer lif karakterlerine kıyasla daha fazla çeşitlilik göstermiştir (CV %29). RIL-paneli populasyonun çoğunluğu (59%) populasyonun kütlü verim ortalamasından %1-92 arasında değişen oranlarda daha fazla kütlü verimi vermiştir (Tablo 5, 6). Melez kombinasyonları arasında kütlü verim bakımından 0.05 güvenilirlik derecesinde istatistiki olarak anlamlı bir farklılık belirlenmemiştir. Bu nedenle, üç ana ebeveyn den türetilen melez kombinasyonları benzer miktarlarda kütlü üretmiş olup donör ebeveynlerden kaynaklanan farklılık gözlenmemiştir (Tablo 7 ve Tablo 8).

En fazla kütlü verimine sahip dört RIL genotipi; 13OZ034, 13OZ077, 13OZ104 ve 13OZ090 pedigri nolu bireyler olup ebeveynleri Carmen ve Candia'dan %42-92 arasında değişen oranlarda daha fazla kütlü verimi vermiştir (Tablo 5, 6). Bu veriler ile RIL'lerin, ıslah programlarında yüksek kütlü verimi için materyal olarak kullanılabilceği sonucuna varılmıştır.

Kütlü pamuk verimi, lif dayanıklılığı ile istatistiki önemli ölçüde pozitif korelasyon ($r = 0.23$, $p < 0.01$) göstermiştir (Tablo 4). Bu durum, mukavemeti yüksek life sahip çeşitlerin zayıf life sahip çeşitlere göre daha yüksek kütlü verimine sahip olduklarını göstermektedir. Bu nedenle, lif mukavemeti, kütlü verimini etkileyen önemli bir özelliktir ve diğer parametrelerle birlikte bir seleksiyon kriteri olarak kullanılabilir. İstatistiksel olarak anlamlı pozitif korelasyonlar diğer çalışmalar tarafından da rapor edilmiştir ($r = 0.63$; Yaqoob vd., 2016), ($r = 0.28$; Azhar vd., 2004). Ancak, önceki çalışmalarda bu özellikler için negatif korelasyonlar da tespit edildiğinden, yürütülen projede ortaya çıkan bu durum literatür ile tutarlı değildir (Karademir vd., 2010; Mendez-Natera vd., 2012; Bing vd., 1996). Kütlü pamuk verimi; genotip, sıcaklık ve büyüme koşullarından büyük ölçüde etkilenmektedir. Örneğin, Baytar vd., (2018a), kısıntılı toprak sulama rejiminin, kütlü pamuk veriminde önemli ölçüde düşüşe neden olduğunu rapor etmiştir (27%, $p < 0.001$). Bu gibi faktörler, pamuk kalitesindeki farklılıkların sebebinin oluşturabilmektedir.



4.1.2. Randıman

Randıman, kütlü pamuktan çırçırılama sonrasında elde edilen lif yüzdesidir ve bu değerin elit çeşitler için mümkün olan en yüksek seviyede olması beklenmektedir. 157 adet genotipten oluşan RIL-panelinin randıman değeri %37-47 arasında değişiklik göstermiştir ve ortalama randıman değeri %41 olarak belirlenmiştir (Tablo 3). Projede randıman bakımından incelenen genotipler popülasyon ortalamasından %1-10 oranında daha fazla randıman göstermiştir (Tablo 5, 6). Carmen ve Candia kombinasyonlarından türetilen bireyler arasında randıman bakımından istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlenmiştir ($p < 0.0001$). Carmen ve N84-S kombinasyonlarından türetilen popülasyonlar arasında da istatistiksel olarak anlamlı farklılıklar belirlenmiştir ($p < 0.03$) (Tablo 7, Tablo 8 ve Tablo 9). Bazı RIL hatları yüksek randıman verimleri ile öne çıkmıştır. Bu hatlar arasında; 13OZ111, 13OZ118, 13OZ110 ve 13OZ109 pedigrisi nolu hatlar yer almıştır (Tablo 5, 6). Bu üç RIL hattında Candia x 06OZ70-4 melez kombinasyonundan geliştirilmiştir. Bu durum, lif verimine yönelik yapılacak ıslah çalışmalarında bu kombinasyonun faydalı olabileceğini göstermektedir. Ancak, bu üç bireyin diğer lif karakterlerine bakıldığında lif özelliklerinin ortalamadan daha düşük olduğu görülmektedir. Bu verilerin ışığında, lif randımanı ve lif uzunluğu ($r = -0.33$, $p < 0.01$) ve lif mukavemeti ($r = -0.21$, $p < 0.01$) arasında negatif korelasyonlar belirlenmiştir (Tablo 4). Bu bulgular, uzun liflerin daha düşük randımana sahip olduğuna işaret etmektedir. Benzer şekilde, ilgili karakterler için sürekli olarak negatif korelasyonlar diğer çalışmalarda da rapor edilmiştir (Karademir vd., 2010; Ulloa ve Meredith, 2000; Rakshit vd., 2010; Stroman, 1949). Bir istisna olarak Khalid vd., (2018) tarafından yapılan çalışmada, lif randımanı ile lif uzunluğu arasında pozitif korelasyon belirlenmiştir. Bütün bu veriler göz önüne alındığında, yüksek randımana (çırçırılama verimi) yönelik yapılan ıslah çalışmaları, sıklıkla istenmeyen kalitesiz lif karakterlerinde kalıtımına neden olacağı sonucuna varılmıştır. Bu durumun yanısıra, projede randıman için ortalama derecede geniş anlamda kalıtım belirlenmiştir (%44) (Tablo 3) ve ayrıca, karakter üzerine istatistiksel olarak önemli bir etkisi de tespit edilmiştir ($p = 0.00$) (Tablo 10). Düşük yada orta derecede kalıtım diğer çalışmalarda da rapor edilmiştir (30%, Jarward vd., 2018; 32%, Dhivya vd., 2013). Bu bütün sonuçlar dikkate alındığında, yapılacak ıslah çalışmalarında tek başına randıman karakterine dayalı fenotipik seleksiyonun, verimliliğin ıslahı yeterli ve etkili olamayabileceği sonucuna varılmıştır. Bu durum, Kearney'in (1912) çırçırılama verimliliğinin, çoğu zaman istenmeyen sonuçlara yol açabileceğinden, verimliliği değerlendirmek için doğrudan kullanılmaması gerektiği ifadesi ile tutarlı bulunmuştur.

4.1.3. Lif uzunluğu

157 adet genotipten oluşan RIL-paneline ait bireylerin lif uzunluğu 26,1-33,8 mm arasında değişen uzun veya orta uzunlukta liflere sahip oldukları gözlenmiştir ve iki yıllık ortalama lif



uzunluđu yaklaşık 30 mm olarak belirlenmiştir (Tablo 3). RIL'lerin çođunluđu (%87) uzun lifli bireylerden oluşmuştur (≥ 29 mm) (Tablo 5, 6). Üç donör ebeveyn kombinasyonlarının lif uzunluđu ortalamaları arasında istatistiksel olarak önemli farklılıklar bulunmuştur ($p = 0.001$) (Tablo 7, Tablo 8 ve Tablo 9). Carmen ile yapılan melezleme kombinasyonlarından türetilen RIL hatlarının Candia ile yapılan melez kombinasyonlarından türetilen RIL hatlarına kıyasla daha uzun liflere sahip olma eğiliminde oldukları gözlenmiştir. Bu durum, Carmen'in Candia'dan çok daha uzun liflere sahip olmasından dolayı beklenen bir durumdur. En uzun liflere sahip genotipler, Carmen'e benzer şekilde ortalama 32 mm lif uzunluđuna sahip olan 13OZ043, 13OZ132, 13OZ145 genotipleri olarak belirlenmiştir (Tablo 5, 6). Öyleki, bu RIL'lerden ikisi Carmen den kan almıştır. Uzun lifli olmasının yanında, RIL 13OZ043 nolu hattın güçlü liflere de sahip olduđu gözlenmiştir. Ayrıca, 13OZ132 nolu RIL'de, populasyon ortalamasından %11 daha ince liflere (4.1 mic) sahip olduđu bulunmuştur (Tablo 5, 6). Bu bulgularla tutarlı olarak, bu çalışmada, lif uzunluđu lif dayanıklılığı ile pozitif ($r = 0.28$, $p < 0.01$) olarak ve lif inceliđi ile de negatif ($r = -0.19$, $p < 0.01$) olarak ilişkili olduđu belirlenmiştir (Tablo 4). Bu durum, genel olarak uzun liflerin daha ince yarıçapına sahip olma eğiliminde oldukları için kısa liflere kıyasla mukavemetlerinin daha fazla olmasından kaynaklandıđı düşünülmektedir. Benzer şekilde, diđer bazı çalışmalarda, lif uzunluđunun lif dayanıklılığı ile pozitif ($r = 0.22-0.77$, $p < 0.01$) korelasyon (Baytar vd., 2018b; Khalid vd., 2018; Karademir vd., 2010; Wan vd., 2007; Zhang vd., 2005; Asif vd., 2008) ve lif inceliđi ile de negatif korelasyon ($-0.26--0.85$, $p < 0.01$) (Baytar vd., 2018b; Karademir vd., 2010; Khalid vd., 2018; Azhar vd., 2004; Asif vd., 2008) gösterdiđi bulunmuştur. Lif özelliklerinin eşzamanlı olarak ıslahı, pamuk ıslahçıları için oldukça arzu edilen bir hedeftir. Bu üç özellik arasında belirlenen korelasyonlar, lif özellikleri için istenmeyen bağlantı sürüklenmesine (linkage drag) neden olmadan birlikte geliştirilebileceđinin mümkün olabileceđini göstermektedir. Daha güçlü ve daha uzun lifler, işleme sırasında daha yüksek verimlilikle birbirleri etrafında bükülebildikleri için iplik olabirlikte eğirme tutarlılıđını olumlu yönde etkiler (Chee ve diđerleri, 2005; Moore, 1996). Lif büyümesinin ilk aşamaları, sıcaklık, büyüme bölgesi ve özellikle sulama rejimindeki farklılıklara karşı oldukça hassastır (Reynolds ve Killough, 1933; Gibson ve Joham 1969; Hanson ve diđerleri, 1956). Örneđin, Baytar vd., (2018b) tarafından yapılan bir çalışmada, yarı sulama rejiminin daha kısa lif oluşumuna (%5, $p < 0.001$) neden olduđunu bildirilmiştir. Ayrıca, bu çalışmada, lif uzunluđu üzerinde yıl etkisi olduđu gözlenmiştir ($p = 0,02$) (Tablo 10) ve ayrıca düşük kalıtım seviyesi (%27) belirlenmiştir (Tablo 3). Önceki çalışmalarda kıyaslandıđında, belirlenen kalıtım seviyesinin daha düşük düzeyde olduđu görülmüştür (%42, Balcı vd., 2020); %51, Azhar vd., 2008; %64, Khokhar vd., 2017). Bu sonuçlar, lif uzunluđu için doğrudan yapılacak fenotipik seleksiyonun lif uzunluđu ıslahı için etkili olamayabileceđini göstermektedir.



4.1.4. Lif mukavemeti

157 adet genotipten oluşan RIL-paneline ait bireylerin lif mukavemetleri 25.0-47.6 gr/teks arasında değişiklik göstermiştir. RIL populasyonunun lif mukavemeti iki yıl ortalaması yaklaşık 33 gr/teks olarak belirlenmiştir (Tablo 3). Lif mukavemeti bakımından genotipler arasında önemli farklılıklar gözlenmiştir ($p < 0.05$) (Tablo 10). Bununla birlikte, üç ana ebeveyn ile yapılan melezlemelerden türetilen populasyonlar arasında önemli bir farklılık belirlenmemiştir (Tablo 7). Yıl etkisi, ikinci yılda mukavemette ortalama %15'lik bir artışla, diğer lif özelliklerine kıyasla lif mukavemeti için en yüksektir ($p = 0.001$) (Tablo 3, 5, 6). İlk yıl, populasyonun %4,5'i orta ve %95,5'i ise kuvvetli liflere sahip bulunmuştur (25,0-28,0 gr/teks). Bununla birlikte, ikinci yılda tüm genotipler güçlü veya çok güçlü lif (29.4-47.6 gr/teks) üretmiştir (Tablo 5, 6). 13OZ142, 13OZ065, 13OZ043 ve 13OZ122 pedigrisi nolu RIL hatları en güçlü liflere sahip genotipler olarak belirlenmiştir (Tablo 5, 6). Bu hatların lif mukavemetleri populasyon ortalamasında %14 daha güçlü liflere sahip oldukları bulunmuştur. Bu bireylerden ikisi Carmen kombinasyonu aittir. Bununla birlikte, daha önce belirtildiği gibi, üç kombinasyondan gelen bireyler için lif mukavemeti bakımından ortalamalar arasında istatistiksel olarak önemli bir farklılık olmamıştır (Tablo 7).

Lif mukavemeti oldukça kompleks bir özelliktir ve çevresel faktörlerden lif inceliğine ve lif uzunluğuna nazaran daha çok etkilendiği bildirilmiştir (Pope ve Ware, 1945; Hanson vd., 1956). Bu durum ile benzer şekilde, yürütülen bu çalışmada da lif dayanıklılığı için anlamlı bir yıl etkisi ve düşük kalıtım seviyesi (%26) tespit edilmiştir (Tablo 3, 10). Sıcaklık farklılıkları, toprak nem seviyesi ve özellikle güneş ışığı yoğunluğunun lif dayanıklılığı üzerinde büyük etkileri vardır (Hanson vd., 1956). Bu çevre koşullarının olumsuz etkilerini destekler nitelikte, daha önce yürütülen bir çalışmada Baytar vd., (2018b) yetersiz toprak neminin lif mukavemetini önemli ölçüde azalttığını rapor etmişlerdir. Yürütülen bu çalışmada ise, ikinci sezonda (2013 yılı), Aydın için yetiştirme dönemi olan Nisan-Eylül aylarında ortalama yağışta %13,5 azalma olmuştur (Tablo 11). Ayrıca, ortalama sıcaklığın her iki yılın büyüme dönemleri için benzer kalmasına rağmen, bu yılın ilkbahar-yaz aylarında ortalama güneşli gün sayısı bir önceki yıla göre %17 daha fazla olmuştur (WWO, 2013). Hanson vd., (1956) güneş ışığının diğer iklim faktörlerine kıyasla lif mukavemetine en büyük katkıyı yapabileceğini bildirmiştir. Bu nedenle, ikinci yıldaki yüksek lif mukavemeti, o yıl boyunca daha fazla sayıda güneşli gün ve bir önceki büyüme mevsimi boyunca beklenmeyen yağışlarla ilişkili olabileceği düşünülmektedir.

4.1.5. Lif inceliği

157 adet genotipten oluşan RIL-paneline ait bireylerin lif incelikleri 3.05-5.63 mic arasında değişiklik göstermiştir. RIL populasyonunun lif inceliği iki yıl ortalaması yaklaşık 4.6 mic olarak belirlenmiştir (Tablo 3). Lif inceliği karakteri bakımından genotipler arasında önemli



ölçüde farklılıklar bulunmuştur ($p < 0.05$) (Tablo 10). RIL'lerin toplam %11,5'i premium incelikte liflere (3,7-4,2 mic, USDA) sahip bulunmuştur ve bu değerler daha yüksek bir piyasa değeri ve daha fazla iplik olabirlikte verimliliği sağlayan önemli bir ıslah hedefi olarak kabul edilmektedir. RIL'lerin %8,3 ise iplik için işlenebilirlik bakımından kabul edilebilir nitelikte liflere (4,3-4,9) sahip bulunmuştur. Bununla birlikte, RIL'lerin %10,2'si ise elyaf kalitesi için kabul edilebilir aralığın (> 5.0 mic) oldukça dışında olan kaba elyaflara sahip oldukları bulunmuşlardır. Birinci (premium) sınıf incelikte life sahip olan RIL'ler, 13OZ086, 13OZ087, 13OZ146 ve 13OZ028 pedigri nolu genotipler olup bu genotiplerin lif incelikleri bakımında popülasyonun ortalamasından %14,8 daha iyi bir performans göstermişlerdir. Bu RIL'lerden ikisi Candia melezleme kombinasyonundan türetilmiştir. Ancak üç melez kombinasyonu arasında lif inceliği bakımında istatistiksel olarak önemli farklılık belirlenmemiştir ($p > 0.05$) (Tablo 7).

İplik endüstrisinde, birinci sınıf lifler tercih edilir çünkü daha ince lifler, kesit başına daha fazla lif bulundurması nedeniyle daha güçlü iplik üretirler. Dahası, daha ince lifler daha yumuşak ve parlaktır ve daha değerli ve zarif son ürünler meydana getirirler. Ancak, lif kaybını azaltmak için daha ince liflerin daha yavaş işlenmesi gerekir. Daha kalın lifler ise, lif hasarı azaldığından çirçirleme verimini hafifçe artırır (Dever, 1986). Bu durum, hem mevcut çalışmada (0.26, $p < 0.01$) hem de diğer çalışmalarda (0.53, Yaqoob vd., 2016; %0.32, Karademir vd., 2010, $p < 0.01$) lif inceliği ve randıman arasındaki pozitif korelasyon ile tutarlı bulunmuştur. Buna karşılık, Khalid vd., (2018), incelik ve çirçir verimliliği arasında zayıf bir negatif korelasyon bulmuştur (-0.19, $p < 0.05$). Lif inceliği, çevresel koşullardan büyük ölçüde etkilenen diğer lif karakterlerinden daha fazla genotip çeşitliliğine bağlı olduğu genel kabul görmektedir (Dever, 1986). Bu durumla uyumlu olarak, yürütülen bu çalışmada da lif inceliği üzerinde yıl etkisi tespit edilmemiştir ($p = 0.12$) (Tablo 10). Lif inceliği, yürütülen çalışmada orta derecede kalıtım sergilemiştir (%33) ve bu durum, önceki çalışmalarla tutarlılık göstermektedir (%41, Azhar vd., 2004; %42, Balcı vd., 2020; %69, Ali vd., 2008). Buna karşılık, lif inceliğinin oldukça kalıtsal bir özellik olduğunu rapor eden çalışmalarda mevcuttur (%90, Percy, 2006; %96, Farooq vd., 2014). İncelik, genotipe göre farklılık göstermesine ve dominant gen etkisiyle kontrol edilmesine rağmen; nem seviyesi, sıcaklık, güneş ışığı ve döllenme yönetimi gibi çevresel faktörlerden etkilendiği bildirilmiştir (Shakeel vd., 2012; Hanson vd., 1956). İlginç bir şekilde, Baytar vd., (2018b) tarafından yürütülen bir çalışmada su stresi ile daha yüksek lif çapı geliştiği gözlenmiştir. Bu nedenle, farklı çalışmalarda, ortaya çıkan fenotipik düzeydeki önemli farklılıkların temel neden çalışmalarda kullanılan farklı genetik materyallerden ve iklim koşullarından kaynaklandığı düşünülmektedir.

Tablo 5. 2012 yılında RIL-Paneli kullanılarak yapılan tarla denemeleri sonucu elde edilen lif karakterleri sonuçları



Pedigri	Ebeveynler	Randıman	Lif Uzunluğu	Lif Mukavemeti	Lif İnceliği
13OZ095	CARMEN X DELTAPINE 90	39.61	30.43	36.50	4.38
13OZ111	CANDİA X PIMA S4	45.45	27.44	29.40	4.86
13OZ078	CARMEN X DELTAPINE 41	40.83	31.34	39.20	5.04
13OZ055	CANDİA X STONEVILLE 112	42.11	30.10	36.50	5.37
13OZ118	CARMEN X STONEVILLE 20	47.40	29.65	36.00	4.67
13OZ101	N84-S X DELCOT 2775	40.63	31.10	34.90	4.48
13OZ033	N84-S X GIZA 31	40.00	29.01	34.50	4.91
13OZ049	N84-S X DELTAPINE 20	41.67	30.38	33.70	4.23
13OZ072	CANDİA X DELTAPINE 45	40.79	30.90	34.10	4.47
13OZ082	N84-S X STONEVILLE 508	39.80	28.59	34.30	4.63
13OZ103	CANDİA X DELTAPINE 45	40.67	32.07	37.90	5.04
13OZ020	CANDİA X DELTAPINE 80	39.77	28.80	34.20	3.67
13OZ098	CANDİA X PIMA S4	42.71	29.92	36.10	5.03
13OZ026	N84-S X DELTAPINE 15	41.28	30.68	38.40	4.68
13OZ117	CANDİA X DELTAPINE 90	41.18	30.42	36.60	4.69
13OZ124	CARMEN X DELTAPINE 980	39.68	29.34	36.40	4.91
13OZ006	CANDİA X DELTAPINE 12	40.45	29.67	38.80	4.83
13OZ133	N84-S X DELCOT 2775	42.08	30.04	34.20	4.28
13OZ126	CANDİA X STONEVILLE 508	40.78	30.35	33.00	4.20
13OZ129	CARMEN X DELTAPINE 90	39.57	30.10	35.50	4.73
13OZ148	N84-S X STONEVILLE 508	41.00	32.40	33.10	4.45
13OZ141	CARMEN X DELTAPINE 41	43.00	30.58	37.00	4.98
13OZ151	CANDİA X DELTAPINE 90	39.31	31.33	40.00	4.72
13OZ061	N84-S X DELTAPINE SR2	41.32	28.77	35.50	4.10
13OZ070	CARMEN X DELTAPINE 45A	39.66	29.86	34.90	4.52
13OZ066	CANDİA X DELTAPINE 20	40.23	30.21	39.10	4.83
13OZ024	N84-S X DELTAPINE 15	39.33	31.09	42.10	4.71
13OZ106	N84-S X STONEVILLE 112	39.69	29.88	36.60	4.36
13OZ079	CARMEN X DELTAPINE 41	39.39	30.66	38.30	4.38
13OZ071	CARMEN X DELTAPINE 45A	39.68	30.58	34.80	4.76
13OZ089	CANDİA X PIMA S-4-3	40.22	28.64	32.50	4.49
13OZ044	CARMEN X STONEVILLE 603	39.60	30.68	35.60	4.42
13OZ121	CANDİA X STONEVILLE 508	41.09	31.03	34.50	4.57
13OZ047	N84-S X DELTAPINE 20	40.78	30.35	33.00	4.20
13OZ147	N84-S X STONEVILLE 508	41.86	30.11	34.50	4.29
13OZ144	CARMEN X DELTAPINE 90	39.88	31.04	38.00	4.78
13OZ142	N84-S X DELTAPINE 980	39.87	31.09	40.40	4.65



13OZ137	CARMEN X DELTAPINE 41	39.55	30.98	35.60	4.56
13OZ153	N84-S X STONEVILLE 508	39.09	31.25	39.40	4.39
13OZ080	N84-S X DELTAPINE 980	39.33	29.96	38.50	4.62
13OZ085	CANDÍA X STONEVILLE 112	40.68	30.19	34.20	4.67
13OZ025	N84-S X DELTAPINE 15	40.85	29.13	34.50	4.57
13OZ086	CANDÍA X STONEVILLE 112	39.24	29.96	33.10	3.61
13OZ081	CANDÍA X DELTAPINE 915	42.56	30.85	32.00	4.86
13OZ051	N84-S X STONEVILLE 508	40.98	29.51	35.50	4.48
13OZ021	CANDÍA X DELTAPINE 80	38.96	29.17	38.50	3.05
13OZ054	CANDÍA X STONEVILLE 112	40.54	29.15	35.10	4.92
13OZ110	CANDÍA X PIMA S4	46.34	28.82	31.70	5.21
13OZ097	CANDÍA X PIMA S4	41.94	30.05	36.70	4.80
13OZ064	CANDÍA X DELTAPINE 20	39.02	28.98	36.20	4.98
13OZ068	CANDÍA X DELTAPINE 20	42.17	29.38	34.50	4.81
13OZ053	CANDÍA X STONEVILLE 112	42.22	28.98	35.70	4.90
13OZ034	CARMEN X STONEVILLE 603	38.18	31.83	39.20	4.74
13OZ030	CARMEN X STONEVILLE 506	40.23	29.88	33.40	4.62
13OZ157	CARMEN X STONEVILLE 603	39.32	30.33	33.50	3.77
13OZ127	CANDÍA X STONEVILLE 508	41.88	28.30	33.50	4.61
13OZ149	CANDÍA X DELTAPINE 90	40.59	30.54	35.00	4.74
13OZ067	CANDÍA X DELTAPINE 20	43.24	30.53	34.80	4.46
13OZ076	N84-S X STONEVILLE 83612	42.66	29.17	33.60	4.80
13OZ099	CANDÍA X PIMA S-4-5	42.16	28.32	36.60	4.75
13OZ016	N84-S X DELTAPINE 25	40.11	31.86	36.20	4.23
13OZ105	CANDÍA X STONEVILLE 603	39.06	29.07	34.10	4.65
13OZ084	CANDÍA X STONEVILLE 112	40.00	30.14	36.10	5.36
13OZ019	CANDÍA X DELTAPINE 80	40.85	29.35	35.50	3.90
13OZ075	N84-S X STONEVILLE 83612	42.34	29.25	38.50	4.69
13OZ065	CANDÍA X DELTAPINE 20	39.06	30.48	42.20	4.67
13OZ032	CARMEN X STONEVILLE 506	39.02	29.20	33.10	4.53
13OZ094	CARMEN X DELTAPINE 90	41.18	31.61	37.30	4.79
13OZ029	CANDÍA X DELTAPINE 80	40.38	30.29	33.30	4.12
13OZ046	CARMEN X STONEVILLE 603	41.38	31.41	40.10	5.03
13OZ004	CANDÍA X PIMA S4	41.90	30.15	42.30	4.13
13OZ039	CANDÍA X STONEVILLE 112	41.63	30.67	37.50	5.04
13OZ139	CARMEN X DELTAPINE 41	38.69	33.59	39.00	4.05
13OZ031	CARMEN X STONEVILLE 506	39.36	30.14	33.50	4.85
13OZ056	N84-S X STONEVILLE 112	41.56	29.06	35.90	4.29
13OZ087	N84-S X STONEVILLE 112	38.49	32.37	41.40	3.96



13OZ012	CARMEN X 06OZ787	40.73	30.75	38.30	4.54
13OZ042	CARMEN X STONEVILLE 603	40.63	29.16	36.00	4.77
13OZ057	N84-S X STONEVILLE 112	40.66	29.20	37.40	3.98
13OZ022	CANDÍA X DELTAPINE 80	39.37	29.74	35.50	4.55
13OZ100	CANDÍA X PIMA S4	41.67	30.66	38.10	4.34
13OZ052	N84-S X STONEVILLE 508	40.38	29.43	33.60	4.18
13OZ048	N84-S X DELTAPINE 20	40.79	30.61	35.80	4.07
13OZ050	N84-S X STONEVILLE 508	40.40	29.43	33.90	4.92
13OZ119	CARMEN X STONEVILLE 506	39.06	30.06	34.50	4.29
13OZ143	CARMEN X DELTAPINE 90	38.05	31.18	37.90	4.63
13OZ130	N84-S X DELCOT 2775	40.77	32.02	34.00	4.72
13OZ017	N84-S X DELTAPINE 15	40.49	29.01	34.70	4.32
13OZ091	N84-S X GIZA 31	41.62	30.99	38.00	4.92
13OZ009	CARMEN X DELTAPINE 980	39.81	29.50	38.80	4.76
13OZ092	N84-S X DELTAPINE 20	39.36	30.12	35.30	4.10
13OZ037	CANDÍA X STONEVILLE 603	40.03	29.68	33.50	4.87
13OZ028	CANDÍA X DELTAPINE 80	38.30	32.02	33.30	3.94
13OZ045	CARMEN X STONEVILLE 603	40.48	29.65	35.90	4.90
13OZ043	CARMEN X STONEVILLE 603	38.61	31.95	41.00	4.57
13OZ108	CANDÍA X PIMA S4	40.00	28.26	31.00	3.93
13OZ109	CANDÍA X PIMA S4	45.45	28.17	30.50	4.91
13OZ083	N84-S X STONEVILLE 508	40.40	30.15	33.40	4.44
13OZ036	CARMEN X DELTAPINE 980	38.57	29.51	35.00	4.46
13OZ040	CANDÍA X STONEVILLE 112	40.35	32.07	36.80	4.96
13OZ122	CARMEN X DELTAPINE 90	39.91	30.85	47.60	5.25
13OZ001	N84-S X DELTAPINE 80	41.23	28.66	35.10	4.45
13OZ018	CANDÍA X DELTAPINE 80	39.11	28.57	37.30	4.51
13OZ131	N84-S X DELCOT 2775	42.07	31.17	35.00	4.84
13OZ132	N84-S X DELCOT 2775	38.75	32.54	35.00	4.24
13OZ135	CARMEN X DELTAPINE 41	39.83	30.09	36.00	4.22
13OZ007	CANDÍA X DELTAPINE 20	40.25	29.30	34.30	4.93
13OZ077	CARMEN X DELTAPINE 41	41.15	31.20	36.00	4.89
13OZ069	CANDÍA X DELTAPINE 41	40.60	30.12	34.40	4.57
13OZ035	CARMEN X DELTAPINE 980	39.92	29.07	35.00	4.92
13OZ120	CARMEN X STONEVILLE 20	39.34	30.57	36.80	4.73
13OZ114	CANDÍA X DELTAPINE 90	42.88	30.26	36.80	4.20
13OZ128	CARMEN X DELTAPINE 90	42.62	28.50	35.00	5.42
13OZ138	N84-S X DELTAPINE 980	39.19	30.33	35.50	4.41
13OZ155	N84-S X GIZA 31	41.35	29.57	35.80	4.46



13OZ104	CANDÍA X DELTAPINE 90	41.76	31.13	39.20	4.74
13OZ023	N84-S X DELTAPINE 15	43.13	29.30	36.30	4.96
13OZ015	N84-S X DELTAPINE 25	39.96	30.42	35.70	4.72
13OZ123	CANDÍA X DELTAPINE 80	40.88	29.54	37.50	4.77
13OZ113	CARMEN X DELTAPINE 90	39.29	29.39	37.50	4.55
13OZ096	CANDÍA X PIMA S4	43.30	29.27	36.60	4.84
13OZ146	CARMEN X DELTAPINE 90	39.88	30.67	36.80	3.94
13OZ125	CARMEN X DELTAPINE 980	41.60	29.68	35.30	4.66
13OZ136	N84-S X DELTAPINE 980	40.82	31.23	39.90	4.15
13OZ073	CANDÍA X FIJI SEA ISLAND	39.25	32.44	34.50	4.63
13OZ090	CANDÍA X STONEVILLE 603	39.16	31.53	36.80	4.24
13OZ014	CARMEN X STONEVILLE 603	40.64	30.34	37.00	4.47
13OZ059	CANDÍA X PIMA S4	41.39	29.16	33.40	4.62
13OZ058	CANDÍA X GIZA 59	39.20	31.10	37.00	4.39
13OZ116	CANDÍA X PIMA S4	41.56	29.45	35.90	4.27
13OZ005	CANDÍA X PIMA S4	41.58	30.48	39.50	4.67
13OZ011	CARMEN X DELTAPINE 980	40.22	29.46	40.00	4.56
13OZ152	CANDÍA X DELTAPINE 90	39.37	31.18	35.90	4.71
13OZ145	CARMEN X DELTAPINE 90	39.07	31.61	34.30	4.60
13OZ154	N84-S X STONEVILLE 508	40.43	32.03	36.60	4.51
13OZ062	N84-S X GIZA 31	43.23	30.98	40.50	5.46
13OZ060	CANDÍA X STONEVILLE 112	43.09	29.98	34.00	5.05
13OZ027	CANDÍA X DELTAPINE 80	39.12	29.24	41.50	4.04
13OZ115	CANDÍA X PIMA S4	42.21	29.15	33.00	4.53
13OZ107	CANDÍA X PIMA S4	42.76	28.44	34.40	4.29
13OZ102	CANDÍA X DELTAPINE 45	41.65	30.92	35.00	4.61
13OZ088	CANDÍA X PIMA S4	40.96	29.51	36.00	4.87
13OZ134	N84-S X DELCOT 2775	39.00	32.07	36.00	3.86
13OZ150	CANDÍA X DELTAPINE 90	39.52	31.00	36.80	4.67
13OZ008	CANDÍA X DELTAPINE 915	42.20	30.90	35.70	4.50
13OZ002	N84-S X JPM-788-1134-1	42.47	31.32	35.40	4.89
13OZ010	CARMEN X DELTAPINE 120	39.22	29.95	38.70	5.04
13OZ038	CANDÍA X PIMA S4	41.61	29.35	36.80	4.75
13OZ041	CARMEN X STONEVILLE 603	41.60	29.68	35.30	4.66
13OZ140	N84-S X DELTAPINE 980	40.24	29.93	37.60	4.90
13OZ003	CANDÍA X DELTAPINE 915	39.14	32.07	35.80	5.09
13OZ063	CANDÍA X DELTAPINE 20	39.78	28.83	37.80	4.67
13OZ013	N84-S X DELTAPINE 15A	41.88	30.23	36.30	5.52
13OZ093	CARMEN X DELTAPINE 90	40.02	30.48	34.90	4.83



13OZ112	CANDİA X DELTAPINE SR2	41.02	30.35	35.50	4.94
13OZ074	CARMEN X DELTAPINE 12	39.84	29.86	36.40	4.76
13OZ156	N84-S X GIZA 31	40.18	30.91	33.20	4.51

Tablo 6. 2013 yılında 180 RIL populasyonu kullanılarak yapılan tarla denemeleri sonucu elde edilen lif karakterleri sonuçları

Pedigri no	Ebeveynler	Verim	Randıman	Lif Uzunluğu	Lif Mukavemeti	Lif İnceliği
13OZ095	CARMEN X 06OZ653	371.90	39.72	27.96	29.70	5.14
13OZ111	CANDİA X 06OZ770-4	389.10	44.67	29.49	29.61	4.75
13OZ078	CARMEN X 06OZ731	453.81	41.71	30.27	33.94	4.86
13OZ055	CANDİA X 06OZ720	405.83	39.28	27.36	31.24	5.45
13OZ118	CARMEN X 06OZ569	499.88	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ101	N84-S X 06OZ601	648.93	40.77	31.41	31.89	4.72
13OZ033	N84-S X 06OZ753	489.76	39.26	29.43	31.32	4.77
13OZ049	N84-S X 06OZ630	239.29	40.78	29.95	30.10	4.71
13OZ072	CANDİA X 06OZ602	272.98	39.69	28.84	27.89	4.98
13OZ082	N84-S X 06OZ704	417.26	41.88	27.89	28.09	4.88
13OZ103	CANDİA X 06OZ602	375.00	43.08	30.98	34.36	4.98
13OZ020	CANDİA X 06OZ654	410.60	40.01	29.48	32.65	5.46
13OZ098	CANDİA X 06OZ770-5	204.88	43.52	27.99	33.20	5.03
13OZ026	N84-S X 06OZ577	572.86	42.75	29.01	31.08	4.86
13OZ117	CANDİA X 06OZ653	579.99	43.24	30.30	31.61	4.87
13OZ124	CARMEN X 06OZ662	295.64	42.40	29.93	34.49	4.49
13OZ006	CANDİA X 06OZ581	488.30	41.31	29.34	36.91	5.34
13OZ133	N84-S X 06OZ601	100.90	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ126	CANDİA X 06OZ704	499.91	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ129	CARMEN X 06OZ653	555.09	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ148	N84-S X 06OZ704	307.78	38.74	29.14	30.31	4.73
13OZ141	CARMEN X 06OZ731	500.09	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ151	CANDİA X 06OZ653	477.90	41.22	29.24	30.13	4.63
13OZ061	N84-S X 06OZ713	397.26	41.97	28.19	24.99	4.87
13OZ070	CARMEN X DELTAPINE 45A	397.62	41.53	26.15	30.98	4.91
13OZ066	CANDİA X 06OZ630	425.36	38.74	28.65	29.71	4.36
13OZ024	N84-S X 06OZ577	475.24	42.14	29.27	30.10	3.95
13OZ106	N84-S X 06OZ720	616.63	40.61	31.17	32.81	3.99
13OZ079	CARMEN X 06OZ731	256.55	39.86	29.05	29.53	4.17
13OZ071	CARMEN X DELTAPINE 45A	442.78	38.89	30.42	26.47	5.06
13OZ089	CANDİA X 06OZ770-3	446.79	42.65	29.33	33.12	4.19



13OZ044	CARMEN X STONEVILLE 603	578.57	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ121	CANDIA X 06OZ704	523.30	40.74	31.05	30.11	4.27
13OZ047	N84-S X 06OZ630	564.45	41.48	31.37	30.47	4.45
13OZ147	N84-S X 06OZ704	623.04	41.43	32.36	29.18	4.15
13OZ144	CARMEN X 06OZ653	494.72	40.48	32.53	37.26	4.51
13OZ142	N84-S X 06OZ662	547.86	41.16	30.50	36.86	4.56
13OZ137	CARMEN X 06OZ731	548.47	40.64	31.19	32.21	4.03
13OZ153	N84-S X 06OZ704	500.90	40.77	27.04	27.39	4.39
13OZ080	N84-S X 06OZ662	399.88	41.14	29.06	28.72	5.13
13OZ085	CANDIA X 06OZ720	600.83	40.12	29.81	29.79	4.58
13OZ025	N84-S X 06OZ577	400.71	41.13	29.83	32.37	4.19
13OZ086	CANDIA X 06OZ720	550.89	40.96	28.45	30.73	4.11
13OZ081	CANDIA X DELTAPINE 915	526.59	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ051	N84-S X 06OZ704	320.44	44.44	29.90	29.26	4.79
13OZ021	CANDIA X 06OZ654	289.88	41.01	29.65	31.69	4.19
13OZ054	CANDIA X 06OZ720	464.40	45.14	28.55	31.42	5.42
13OZ110	CANDIA X 06OZ770-4	120.83	43.37	27.84	29.69	5.00
13OZ097	CANDIA X 06OZ770-5	601.79	42.54	29.42	31.12	4.16
13OZ064	CANDIA X 06OZ630	628.57	38.52	27.50	31.51	4.78
13OZ068	CANDIA X 06OZ630	504.64	41.54	29.82	29.33	4.40
13OZ053	CANDIA X 06OZ720	300.12	43.17	28.92	35.29	5.35
13OZ034	CARMEN X STONEVILLE 603	922.92	40.67	29.89	32.21	4.02
13OZ030	CARMEN X STONEVILLE 506	563.76	38.56	30.81	27.02	4.47
13OZ157	CARMEN X STONEVILLE 603	556.08	42.64	30.75	28.74	4.72
13OZ127	CANDIA X 06OZ704	552.44	43.58	32.34	28.33	3.93
13OZ149	CANDIA X 06OZ653	540.68	42.27	30.26	33.05	4.56
13OZ067	CANDIA X 06OZ630	389.89	42.33	29.73	29.80	4.65
13OZ076	N84-S X STONEVILLE 83612	498.21	44.12	29.07	32.14	4.72
13OZ099	CANDIA X 06OZ770-5	619.52	42.55	28.73	30.90	4.50
13OZ016	N84-S X DELTAPINE 25-2	479.88	39.61	29.99	29.47	4.41
13OZ105	CANDIA X STONEVILLE 603	507.26	36.53	30.82	29.31	4.68
13OZ084	CANDIA X 06OZ720	282.50	43.60	30.64	35.45	5.00
13OZ019	CANDIA X 06OZ654	379.05	39.62	29.23	37.59	4.81
13OZ075	N84-S X STONEVILLE	528.33	44.77	29.38	29.56	4.74



	83612					
13OZ065	CANDIA X 06OZ630	437.02	38.35	28.72	34.85	4.94
13OZ032	CARMEN X STONEVILLE 506	282.26	40.42	29.06	28.03	4.58
13OZ094	CARMEN X 06OZ653	479.05	39.76	29.43	30.45	5.09
13OZ029	CANDIA X 06OZ654	271.19	42.99	30.96	32.36	4.14
13OZ046	CARMEN X STONEVILLE 603	447.26	39.14	32.24	32.30	4.71
13OZ004	CANDIA X 06OZ770-2	597.68	43.59	28.98	28.60	4.65
13OZ039	CANDIA X 06OZ720	534.84	41.91	31.66	30.92	4.67
13OZ139	CARMEN X 06OZ731	557.38	42.13	28.53	32.23	4.00
13OZ031	CARMEN X STONEVILLE 506	462.62	40.03	30.22	33.96	4.64
13OZ056	N84-S X STONEVILLE 112	443.93	43.72	27.88	30.82	5.02
13OZ087	N84-S X 06OZ720	598.33	41.32	31.53	32.88	3.95
13OZ012	CARMEN X 06OZ787	603.42	40.39	32.44	31.20	4.23
13OZ042	CARMEN X STONEVILLE 603	572.94	40.90	32.00	32.73	3.88
13OZ057	N84-S X STONEVILLE 112	340.48	44.07	27.30	29.89	4.94
13OZ022	CANDIA X 06OZ654	489.88	39.93	28.62	34.45	5.25
13OZ100	CANDIA X 06OZ770-5	637.14	44.44	27.90	30.40	4.59
13OZ052	N84-S X 06OZ704	372.14	42.55	29.38	31.01	5.08
13OZ048	N84-S X 06OZ630	400.12	42.99	28.86	29.55	4.87
13OZ050	N84-S X 06OZ704	502.74	43.18	30.97	29.47	5.01
13OZ119	CARMEN X STONEVILLE 506	561.83	38.30	30.07	29.38	4.40
13OZ143	CARMEN X 06OZ653	399.98	38.90	30.38	34.97	4.50
13OZ130	N84-S X 06OZ601	165.68	43.58	30.85	27.16	4.74
13OZ017	N84-S X 06OZ577	535.12	41.00	27.77	29.87	4.28
13OZ091	N84-S X 06OZ753	541.07	41.96	29.05	29.76	4.72
13OZ009	CARMEN X 06OZ662	605.62	42.18	31.46	30.47	4.90
13OZ092	N84-S X 06OZ630	559.81	42.60	29.54	28.93	4.50
13OZ037	CANDIA X STONEVILLE 603	322.83	42.34	30.10	30.07	3.58
13OZ028	CANDIA X 06OZ654	291.07	42.66	30.28	31.10	4.04
13OZ045	CARMEN X STONEVILLE 603	172.50	43.15	30.99	32.53	4.68
13OZ043	CARMEN X STONEVILLE 603	511.31	40.08	32.19	35.74	4.60
13OZ108	CANDIA X 06OZ770-4	202.86	44.19	28.15	25.98	4.79



13OZ109	CANDIA X 06OZ770-4	347.26	45.07	28.54	32.00	4.83
13OZ083	N84-S X 06OZ704	486.90	40.96	30.24	30.75	4.60
13OZ036	CARMEN X 06OZ662	381.55	41.14	29.23	30.56	4.59
13OZ040	CANDIA X 06OZ720	328.10	44.10	30.53	32.05	5.19
13OZ122	CARMEN X 06OZ653	643.24	41.23	31.02	30.07	4.74
13OZ001	N84-S X 06OZ654	622.47	42.54	30.74	29.79	4.39
13OZ018	CANDIA X 06OZ654	397.49	40.90	29.72	35.02	4.90
13OZ131	N84-S X 06OZ601	89.20	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ132	N84-S X 06OZ601	94.61	40.42	32.40	29.26	3.94
13OZ135	CARMEN X 06OZ731	573.17	40.56	30.62	33.33	4.41
13OZ007	CANDIA X 06OZ630	481.55	41.18	28.67	30.81	4.85
13OZ077	CARMEN X 06OZ731	857.98	39.75	31.32	30.33	4.65
13OZ069	CANDIA X 06OZ731	574.32	40.00	28.42	29.63	4.51
13OZ035	CARMEN X 06OZ662	567.92	41.52	30.81	34.71	4.42
13OZ120	CARMEN X 06OZ569	610.63	39.47	32.88	35.43	4.39
13OZ114	CANDIA X 06OZ653	628.54	41.57	29.39	31.19	4.40
13OZ128	CARMEN X 06OZ653	500.99	39.36	31.22	31.93	4.47
13OZ138	N84-S X 06OZ662	547.47	42.04	31.17	32.81	3.99
13OZ155	N84-S X 06OZ753	610.03	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ104	CANDIA X 06OZ653	708.45	42.68	32.03	35.01	4.48
13OZ023	N84-S X 06OZ577	611.67	42.43	29.13	32.47	4.67
13OZ015	N84-S X DELTAPINE 25-2	581.76	39.90	30.01	30.37	4.49
13OZ123	CANDIA X 06OZ654	564.32	42.47	29.93	30.54	5.07
13OZ113	CARMEN X 06OZ653	642.14	40.40	28.48	29.48	4.54
13OZ096	CANDIA X 06OZ770-5	571.82	44.06	29.32	31.30	4.53
13OZ146	CARMEN X 06OZ653	490.93	40.13	32.57	34.92	3.95
13OZ125	CARMEN X 06OZ662	590.16	42.92	31.22	30.85	4.38
13OZ136	N84-S X 06OZ662	465.63	42.66	29.62	32.46	4.36
13OZ073	CANDIA X FIJI SEA ISLAND	333.99	38.32	29.88	32.74	4.94
13OZ090	CANDIA X STONEVILLE 603	685.30	41.48	30.33	35.17	4.62
13OZ014	CARMEN X STONEVILLE 603	597.65	41.07	31.18	29.62	4.57
13OZ059	CANDIA X 06OZ770-2	536.70	39.94	31.44	30.85	4.37
13OZ058	CANDIA X GIZA 59	474.05	38.89	30.37	30.53	4.70
13OZ116	CANDIA X 06OZ770-4	626.40	41.96	30.10	32.11	4.59
13OZ005	CANDIA X 06OZ770-3	558.78	43.50	29.65	31.30	4.62
13OZ011	CARMEN X 06OZ662	611.61	40.82	31.20	33.39	4.62

13OZ152	CANDİA X 06OZ653	563.98	41.32	30.20	31.98	4.74
13OZ145	CARMEN X 06OZ653	524.61	38.49	33.83	32.09	4.38
13OZ154	N84-S X 06OZ704	501.23	40.71	31.70	28.42	4.38
13OZ062	N84-S X 06OZ753	442.32	40.93	29.43	32.96	5.30
13OZ060	CANDİA X 06OZ720	543.99	43.72	29.30	31.59	5.12
13OZ027	CANDİA X 06OZ654	548.93	43.54	29.23	32.79	5.10
13OZ115	CANDİA X 06OZ770-4	569.97	45.62	30.51	31.12	4.58
13OZ107	CANDİA X 06OZ770-4	596.96	45.40	28.30	29.90	4.99
13OZ102	CANDİA X 06OZ602	615.27	43.20	30.87	30.49	4.64
13OZ088	CANDİA X 06OZ770-3	575.86	45.43	29.73	32.28	4.70
13OZ134	N84-S X 06OZ601	58.78	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ150	CANDİA X 06OZ653	517.25	41.35	30.64	32.95	4.53
13OZ008	CANDİA X DELTAPINE 915	476.49	43.60	28.68	28.84	4.87
13OZ002	N84-S X JPM-788-1134-1	561.16	44.78	29.90	28.85	5.18
13OZ010	CARMEN X DELTAPINE 120	550.63	39.68	29.19	34.46	4.86
13OZ038	CANDİA X 06OZ770-3	602.86	43.80	31.26	31.49	5.35
13OZ041	CARMEN X STONEVILLE 603	464.76	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ140	N84-S X 06OZ662	299.90	37.52	33.20	31.48	4.71
13OZ003	CANDİA X DELTAPINE 915	436.88	41.53	30.00	29.97	5.08
13OZ063	CANDİA X 06OZ630	502.10	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ013	N84-S X DELTAPINE 15A	567.38	42.27	29.22	33.52	5.63
13OZ093	CARMEN X 06OZ653	571.43	41.58	29.93	31.33	4.65
13OZ112	CANDİA X 06OZ713	532.98	43.11	29.27	32.87	5.10
13OZ074	CARMEN X 06OZ581	547.62	41.10	29.06	32.27	4.60
13OZ156	N84-S X 06OZ753	599.24	40.59	29.44	32.71	4.65

Tablo 7 Melez kombinasyonları arasında ANOVA analiz sonuçları

Karakter		Kareler toplamı (SS)	Kareler ortalaması (MS)	p değeri
Kütlü verim (kg/ha)	Gruplar arası	105300.91	52650.45	0.066
	Gruplar içi	2934197.37	19053.23	
	Toplam	3039498.27		
Randıman (%)*	Gruplar arası	70.26	35.13	0.000
	Gruplar içi	825.19	2.65	
	Toplam	895.45		
Lif uzunluğu	Gruplar arası	21.14	10.57	0.001

(mm)*	Gruplar içi	422.26	1.36	
	Toplam	443.40		
Lif mukavemeti (g/teks)	Gruplar arası	41.56	20.78	0.156
	Gruplar içi	3461.50	11.13	
	Toplam	3503.07		
Lif inceliği (mic)	Gruplar arası	.52	.26	0.145
	Gruplar içi	41.59	.13	
	Toplam	42.105		
* 0.05 güvenirlilik derecesinde anlamlı				

Tablo 8 Melez kombinasyon gruplarının ortalama, standart hata (SH) ve aralık değerleri

Karakter	Melez grubu	Ortalama \pm SH	Minimum	Maksimum
Kütlü verim (kg/ha)	Carmen	518.7 \pm 20.13	172.5	922.9
	Candia	478.3 \pm 15.48	120.8	708.5
	N84-S	450.6 \pm 23.14	58.8	648.9
	Toplam	481.5 \pm 11.14	58.8	922.9
Randıman (%)	Carmen	40.4 \pm 0.15	38.0	47.4
	Candia	41.5 \pm 0.16	36.5	46.3
	N84-S	41.2 \pm 0.15	37.5	44.8
	Toplam	41.1 \pm 0.1	36.5	47.4
Lif uzunluğu (mm)	Carmen	30.4 \pm 0.13	26.1	33.8
	Candia	29.8 \pm 0.09	27.4	32.4
	N84-S	30.1 \pm 0.13	27.0	33.2
	Toplam	30.1 \pm 0.07	26.1	33.8
Lif dayanıklılığı (g/teks)	Carmen	34.3 \pm 0.37	26.5	47.6
	Candia	33.6 \pm 0.27	26.0	42.3
	N84-S	33.3 \pm 0.36	25.0	42.1
	Toplam	33.7 \pm 0.19	25.0	47.6
Lif inceliği (mic)	Carmen	4.6 \pm 0.03	3.77	5.42
	Candia	4.66 \pm 0.03	3.05	5.46
	N84-S	4.57 \pm 0.04	3.86	5.63
	Toplam	4.62 \pm 0.02	3.05	5.63

Tablo 9 Melez kombinasyonları arasında istatistiksel olarak çoklu kıyaslama (Post-hoc test)

Karakter	Post-hoc testi	(I)	(J)	Ortalama farklılık (I-J)	SH	p değeri
Randıman (%)	Scheffe	Carmen	Candia*	-1.138	.224	.000
			N84-S*	-.837	.243	.003



		Candia	Carmen*	1.138	.224	.000
			N84-s	.301	.221	.396
Lif uzunluğu (mm)	Scheffe	N84-s	Carmen*	.837	.243	.003
			Candia	-.301	.221	.396
		Carmen	Candia*	.628	.160	.001
			N84-S	.324	.174	.178
		Candia	Carmen*	-.628	.160	.001
			N84-s	-.304	.158	.157
N84-s	Carmen	-.324	.174	.178		
	Candia	.304	.158	.157		

* 0.05 güvenilirlik derecesinde anlamlı

Tablo 10 Popülasyonun ANOVA analiz sonuçları

Karakter	Genotip varyans	Fenotip varyans	Kalıtım (%)	Yıl etkisi (p değeri)	Genotip etkisi (p değeri)
Randıman (%)	1.19	2.67	44.51	8.4E-10*	0.000*
Lif uzunluğu (mm)	0.38	1.40	27.04	0.02*	0.000*
Lif uzunluğu (g/teks)	1.46	5.52	26.35	4.0E-47*	0.000*
Lif inceliği (mic)	0.04	0.13	33.17	0.12	0.000*

*0.05 güvenilirlik derecesinde anlamlı

Tablo 11. 2012 ve 2013 yılları yetiştirme sezonunda Aydın'da iklim şartları

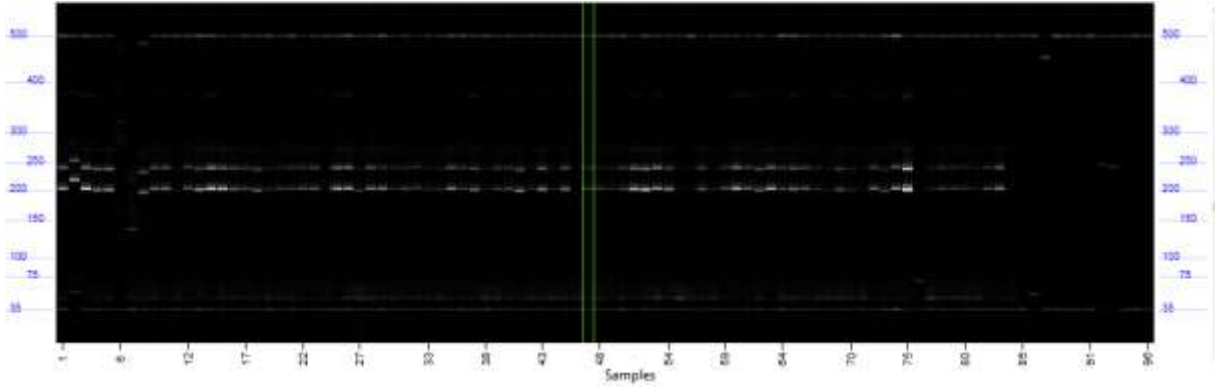
Faktör	2012							2013						
	N	M	H	T	A	E	Ort.	N	M	H	T	A	E	Ort.
Güneşli gün (d)	14	5	26	26	27	26	20,7	20	20	24	26	28	27	24,2
Yağış miktarı (mm)	43,2	52,4	3,4	1,5	3,1	2,8	17,72	42,2	30,01	13,44	3,16	1,03	2,06	15,32
Sıcaklık (aralık, ortalama °C)	9-20, 14	13-23, 18	19-32, 25	21-34, 28	19-33, 26	16-31, 16	21,2	8-20, 14	15-27, 20	17-30, 23	19-33, 26	20-34, 27	15-28, 21	21,8

Bütün bu fenotipik analizler sonucunda, birden fazla iyi düzeyde lif özelliğine sahip bireyleri belirlemek mümkün olmuştur ve ıslah çalışmalarında anaç olarak kullanılabilecek genotiplerin seleksiyonunda faydalı olmuştur. Bu tür bireyler, lif özelliklerinin aynı anda iyileştirilmesinden yararlanmak için iyi birer aday olacaktır. Örneğin, 13OZ120 (CARMEN X 06OZ569) ve 13OZ104 (CANDIA X 06OZ653) nolu genotipler kütlü pamuk verimi, lif uzunluğu ve lif mukavemeti bakımından iyi değerler göstermiştir; diğer yandan 13OZ146

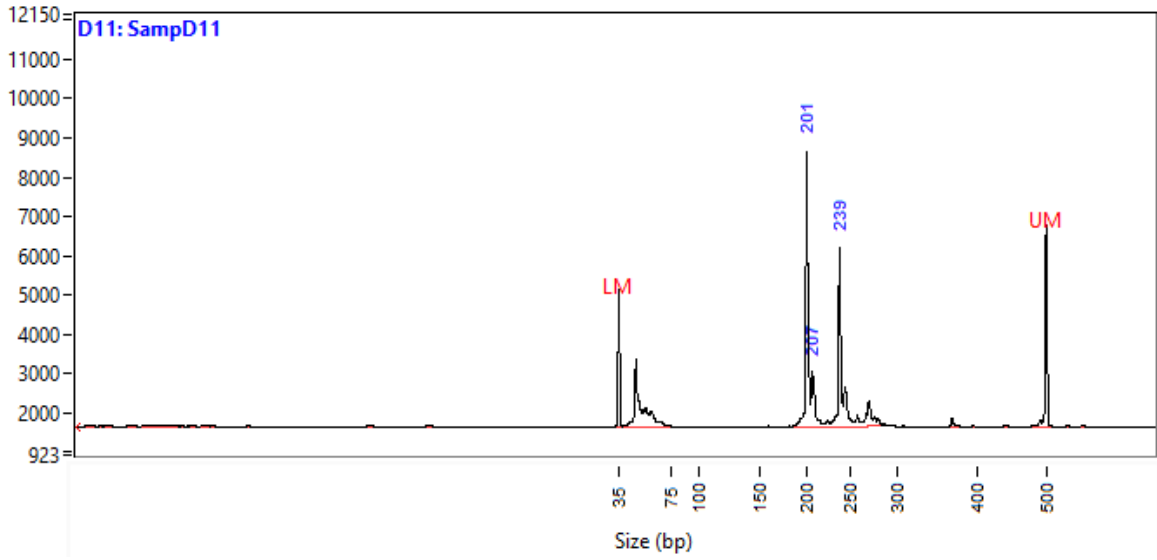
(CARMEN X 06OZ653) ve 13OZ087 (N84-S X 06OZ720) nolu genotipler ise popülasyon ortalamasından daha uzun, daha güçlü ve daha ince liflere sahip olmuşlardır.

4.2. SSR analizleri

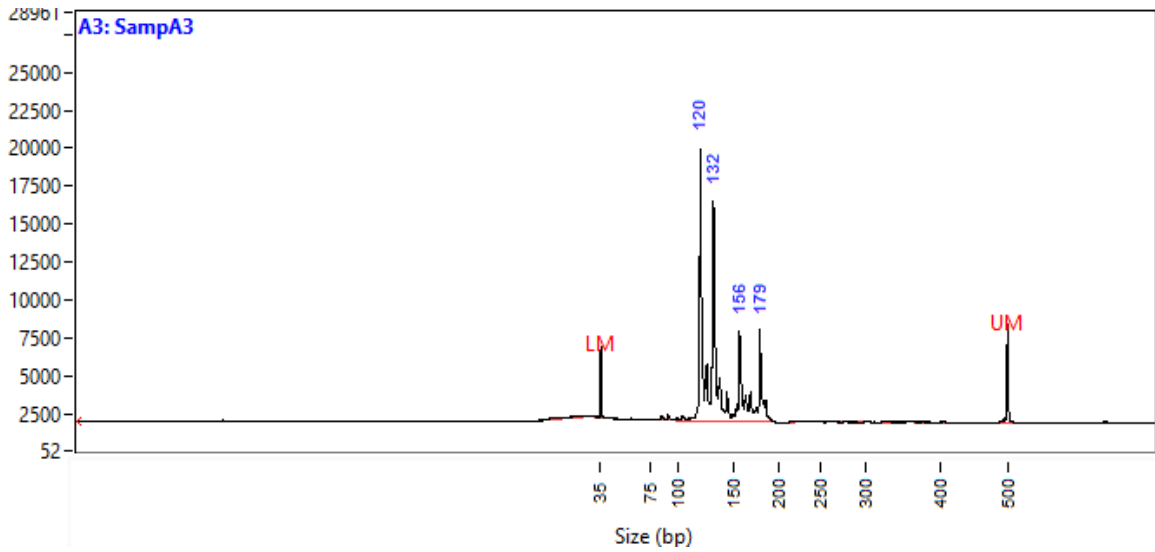
Pamuk genomunu kapsayacak şekilde seçilerek oluşturulan (Yu vd., 2012) ve toplamda 105 adet SSR marköründen oluşan “pamuk için temel SSR markör seti” 157 genotipten oluşan RIL-paneline uygulanmıştır. Bu çalışmada temel SSR setinden seçilen 52 adet markör (Tablo 2) çalışılmıştır. 52 adet SSR markörünün PCR analizlerin sonucu 379 allelik lokus üretilmiştir SSR analizleri sonucunda, markör başına ortalama 3.7 allel elde edilmiştir. En düşük genetik çeşitliliğe sahip SSR markörü 0.0065 ile DPL717, en yüksek çeşitliliğe sahip markör ise 0.49 ile DPL080 olarak belirlenmiştir. Markörlerin ortalama çeşitlilik seviyesi 0.16 olarak bulunmuştur. PCR ürünleri (amplikon) kapillar elektroforez sistemi (Fragment Analyzer) ile ayrıştırılmıştır. Bu teknoloji klasik ayrıştırma yöntemlerinden olan agaroz jel elektroforez sistemine göre çok daha güvenilir ve yüksek çözünürlükte sonuç verdiği için tercih edilmiştir. Amplikonların ayrıştırılması sonucunda elde edilen parçacıklar, PROSize 2.0 software analizinde band uzunluğu (bp) ve jel görüntüsü aşağıdaki örnek bazı şekillerde (Şekil 1, 2, 3 ve 4) verilmiştir.



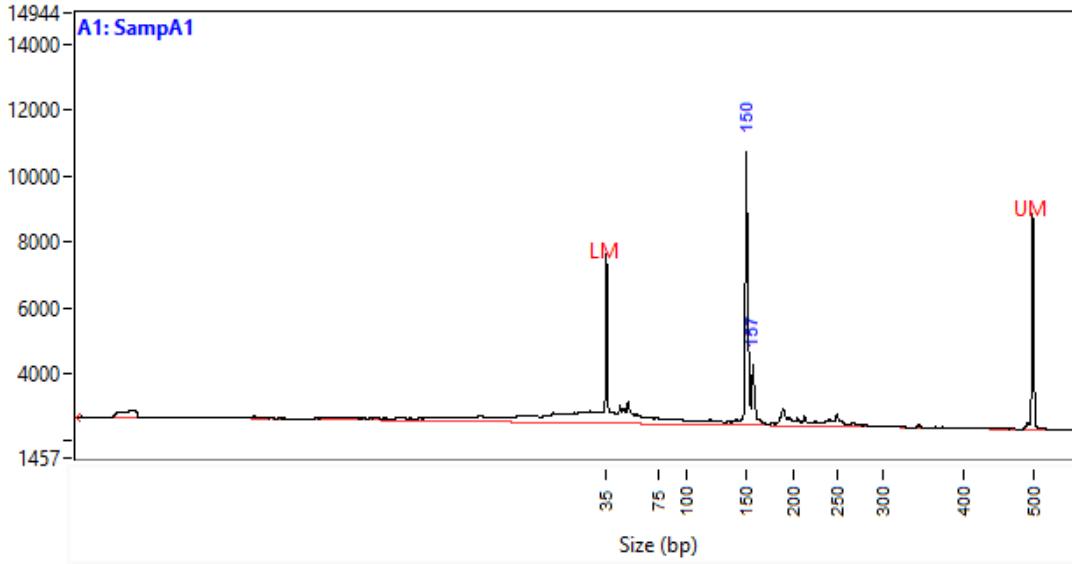
Şekil 1. DPL571 markörünün bireyler arasında band profili. Kapillar elektroforez görüntüsü.



Şekil 2. DPL571 markörün örnek görüntüsü. İki band ürünü vermektedir: bu örnekte 201 bp ve 239 bp uzunluklarındadır.



Şekil 3. DPL071 markörünün bir örnek üzerinde profil sonucu. Bu markör populasyon içinde 4 ana band vermektedir. Örnek için: 120 bp, 132 bp, 156 bp ve 180 bp olarak belirlenmiştir.



Şekil 4. DPL570 markörüne örnek sonucu. Bu markör tek band profiline sahip bu örnek için 150 bp lik ana fragment vermektedir.

4.3. Populasyon yapı ve genetik çeşitlilik analizleri

4.3.1. Populasyon analizi

Toplam 105 SSR primer çifti ile gerçekleştirilen analizler sonucunda (52 adet SSR markörü yürütülen bu proje kapsamında çalışılmıştır) 379 SSR lokusu elde edilmiştir. Genetik verinin Prosize yazılımı aracılığıyla işlenmesi ardından, allelik data skorlanarak, populasyonun yapısını en iyi yansıtan grup sayısını saptamak amacıyla STRUCTURE 2.2.3 (Pritchard vd., 2000) programı ile analiz edilmiştir. Çalışmada kullanılan pamuk populasyonunu en iyi yansıtan grup sayısını belirlemek için Evanno vd., (2005) tarafından tanıtılan hoc istatistiği kullanılmıştır. Bunun için RIL populasyonu 2 den 10'a kadar gruplar için ayrı ayrı 20 tekerrür ile değerlendirilmiş ve her bir grubun (K) olasılık değişimi ΔK olarak hesaplanmıştır. Gruplandırma için parametreler burn-in periyodu 50,000 ve MCMC (Markov Chain Monte Carlo) 300,000 olacak şekilde kurulmuştur. Her bir grup için logaritmik değeri $L(K)$ hesaplanmıştır. Bu değerler kullanılarak aşağıdaki formül ile Delta K hesaplanmıştır. En yüksek ΔK değeri populasyonun yapısını en iyi yansıtan grup sayısını göstermektedir.

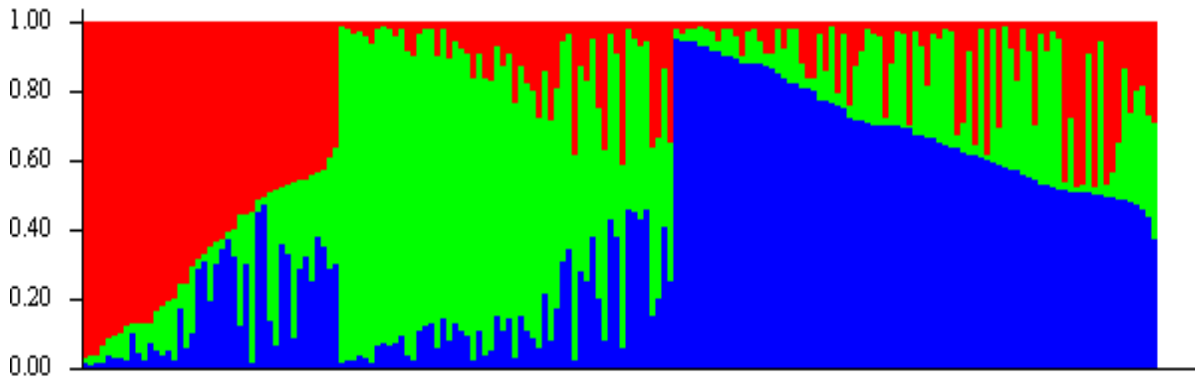
$$L'(K) = L(K)^n - L(K)^{n-1}$$

$$L''(K) = L'(K)^n - L'(K)^{n-1}$$

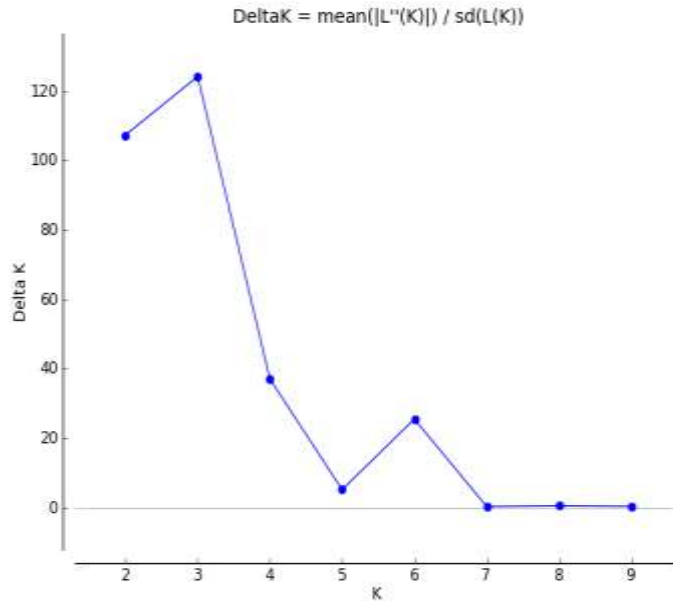
$$\Delta K = [L''(K)]/Stdev$$

En yüksek ΔK değeri $K=3$ olarak bulunmuştur (Tablo 12). Bu durum Şekil 5, Şekil 6 ve Şekil 7'de gösterilmiştir. En yüksek pik $K=3$ de bulunduğu için ilişkilendirme analizlerinde populasyon yapısını yansıtan grup sayısı 3 olarak alınmıştır. $K = 6$ 'da, populasyonun üç ana kümesinin altı küçük alt gruba ayrılabilirliğini gösteren anlamlı bir pik belirlenmiştir (Şekil 6). Bu durum NJ ağacında da ayırt edilebilen altı alt kümeye ayrılarak desteklenmiştir (Şekil 8). Daha önceki çalışmalarda, diğer kümeleme analizlerinde de benzer ince alt yapılar

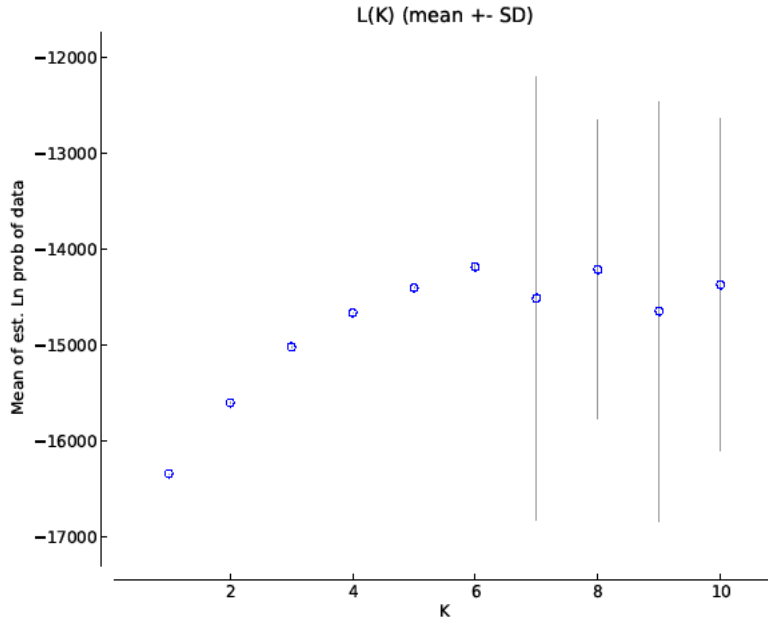
gözlenmiştir (Zhao vd., 2014; Ersoz vd., 2007; Kuzay vd., 2020). Bununla birlikte, minimum K'nin mümkün olduğu kadar çok lokus içermesi genel olarak önerildiğinden, K3 için Q matrisi ilişkilendirme analizi için kullanılmıştır. Bireyler,%60 ve üzeri olasılığa göre üç alt gruba atanmıştır (Q1, Q2 ve Q3) (Tablo 13). Alt gruplar 1, 2 ve 3 sırasıyla 23 (%14,6), 31 (%19,8) ve 39 (%24,8) bireyden oluşmuştur. Altmış dört (%40,8) birey, %60'ın altında olasılık değerleriyle “karışık” (admixed) olarak nitelendirilmiştir. “Karışık” bireyler, diğer soylardan genetik olarak daha değişken olduklarını gösteren birkaç atasal kaynağa sahip oldukları için bir gruba açıkça atanamamışlardır. Bunun en iyi örneği, “admixed” olan ve çeşitlilik analizinde en uzak değere sahip olan 13OZ103 (Candia x 06 OZ 602)'dir (Tablo 14).



Şekil 5: Populasyon yapısının üç kümeye ayrıldığını gösteren diyagram (K=3).



Şekil 6: Popülasyon yapısını gösteren farklı küme sayılarının Delta K değerleri. En yüksek pik değeri K=3'de mevcuttur. Populasyonun küme sayısını en iyi yansıtan grup numarası 3 olarak belirlenmiştir.



Şekil 7: Ln ve Standart sapma L(K)değerlerini göstermektedir.

Şekil 6'da görülen değerlere göre analizlerde kullanılmak üzere K=3, pamuk popülasyonun küme sayısı olarak alınmıştır. Standart sapma L(K) ve ΔK değerleri Tablo 12' de verilmiştir.

Tablo 12. Her bir grup için standart sapma ve ΔK değerleri.

	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	Ln''(K)	Delta K
1	-17431.355	0.252305	-	-	-
2	-16658.38	1.789031	772.975	199.935	111.756035
3	-16085.34	2.267946	573.04	262.015	115.529648
4	-15774.315	6.196542	311.025	5.405	0.872261
5	-15457.885	5.190911	316.43	104.4	20.112078
6	-15245.855	8.676494	212.03	295.18	34.020653
7	-15329.005	1077.43141	-83.15	205.87	0.191075
8	-15206.285	1005.47174	122.72	1065.015	1.059219
9	-16148.58	4650.96184	-942.295	1041.8	0.223997
10	-16049.075	2669.82424	99.505		

Tablo 13 Populasyondaki bireylerin NJ analizine göre gruplara ayrılması (küme) ve yapı analizi sonuçlarına göre gruplara ayrılması (alt-grup)

Pedigri Numarası	Ebeveyn	Alt-grup	Küme
13OZ095	CARMEN X 06OZ653	Q2	C2
13OZ111	CANDÍA X 06OZ770-4	Q2	C2
13OZ078	CARMEN X 06OZ731	Q2	C2
13OZ055	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ118	CARMEN X 06OZ569	Q2	C2

13OZ101	N84-S X 06OZ601	Q1	Katılmadı
13OZ033	N84-S X 06OZ753	Q2	C2
13OZ049	N84-S X 06OZ630	Q1	C1
13OZ072	CANDÍA X 06OZ602	Q1	C1
13OZ082	N84-S X 06OZ704	Q1	C1
13OZ103	CANDÍA X 06OZ602	Karışık	C1
13OZ020	CANDÍA X 06OZ654	Karışık	C2
13OZ098	CANDÍA X 06OZ770-5	Q2	C2
13OZ026	N84-S X 06OZ577	Q2	C2
13OZ117	CANDÍA X 06OZ653	Q2	C2
13OZ124	CARMEN X 06OZ662	Q2	C2
13OZ006	CANDÍA X 06OZ581	Karışık	C2
13OZ133	N84-S X 06OZ601	Karışık	C2
13OZ126	CANDÍA X 06OZ704	Karışık	C2
13OZ129	CARMEN X 06OZ653	Q1	C1
13OZ148	N84-S X 06OZ704	Karışık	C2
13OZ141	CARMEN X 06OZ731	Q1	C1
13OZ151	CANDÍA X 06OZ653	Q1	C1
13OZ061	N84-S X 06OZ713	Q1	
13OZ070	CARMEN X 06OZ693	Karışık	C3
13OZ066	CANDÍA X 06OZ630	Karışık	C1
13OZ024	N84-S X 06OZ577	Q2	C2
13OZ106	N84-S X 06OZ720	Q2	C1
13OZ079	CARMEN X 06OZ731	Q2	C2
13OZ071	CARMEN X 06OZ693	Q2	C2
13OZ089	CANDÍA X 06OZ770-3	Q2	C2
13OZ044	CARMEN X 06OZ686	Karışık	Katılmadı
13OZ121	CANDÍA X 06OZ704	Karışık	C2
13OZ047	N84-S X 06OZ630	Karışık	C1
13OZ147	N84-S X 06OZ704	Q1	C1
13OZ144	CARMEN X 06OZ653	Karışık	C1
13OZ142	N84-S X 06OZ662	Karışık	C1
13OZ137	CARMEN X 06OZ731	Karışık	C1
13OZ153	N84-S X 06OZ704	Karışık	C1
13OZ080	N84-S X 06OZ662	Q1	C1
13OZ085	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ025	N84-S X 06OZ577	Q2	C2
13OZ086	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ081	CANDÍA X 06OZ728	Karışık	C3



13OZ051	N84-S X 06OZ704	Q1	C1
13OZ021	CANDÍA X 06OZ654	Q2	C2
13OZ054	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ110	CANDÍA X 06OZ770-4	Q2	C2
13OZ097	CANDÍA X 06OZ770-5	Q2	C2
13OZ064	CANDÍA X 06OZ630	Karışık	C1
13OZ068	CANDÍA X 06OZ630	Karışık	C2
13OZ053	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ034	CARMEN X 06OZ686	Karışık	C2
13OZ030	CARMEN X 06OZ682	Q2	C2
13OZ157	CARMEN X 06OZ686	Karışık	C1
13OZ127	CANDÍA X 06OZ704	Karışık	C2
13OZ149	CANDÍA X 06OZ653	Q1	C1
13OZ067	CANDÍA X 06OZ630	Q2	C2
13OZ076	N84-S X 06OZ671	Karışık	Katılmadı
13OZ099	CANDÍA X 06OZ770-5	Q2	C2
13OZ016	N84-S X 06OZ706-2	Karışık	C3
13OZ105	CANDÍA X 06OZ686	Karışık	C2
13OZ084	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ019	CANDÍA X 06OZ654	Q2	C2
13OZ075	N84-S X 06OZ671	Q1	C1
13OZ065	CANDÍA X 06OZ630	Karışık	C1
13OZ032	CARMEN X 06OZ682	Q2	C2
13OZ094	CARMEN X 06OZ653	Q2	C2
13OZ029	CANDÍA X 06OZ654	Q1	C1
13OZ046	CARMEN X 06OZ686	Q2	C2
13OZ004	CANDÍA X 06OZ770-2	Q2	C2
13OZ039	CANDÍA X 06OZ720	Karışık	C1
13OZ139	CARMEN X 06OZ731	Karışık	Katılmadı
13OZ031	CARMEN X 06OZ682	Q2	C2
13OZ056	N84-S X 06OZ169	Q1	C1
13OZ 087	N84-S X 06OZ720	Q1	C1
13OZ012	CARMEN X 06OZ787	Karışık	C1
13OZ042	CARMEN X 06OZ686	Karışık	Katılmadı
13OZ057	N84-S X 06OZ169	Q1	C1
13OZ022	CANDÍA X 06OZ654	Karışık	C2
13OZ100	CANDÍA X 06OZ770-5	Q2	C2
13OZ052	N84-S X 06OZ704	Q1	C1
13OZ048	N84-S X 06OZ630	Q1	C1

13OZ050	N84-S X 06OZ704	Q1	C1
13OZ119	CARMEN X 06OZ682	Karışık	C3
13OZ143	CARMEN X 06OZ653	Q2	C3
13OZ130	N84-S X 06OZ601	Q2	Katılmadı
13OZ017	N84-S X 06OZ577	Karışık	C3
13OZ091	N84-S X 06OZ753	Q3	C1
13OZ009	CARMEN X 06OZ662	Q3	C1
13OZ 092	N84-S X 06OZ630	Karışık	C3
13OZ037	CANDÍA X 06OZ686	Karışık	C2
13OZ028	CANDÍA X 06OZ654	Q3	C1
13OZ045	CARMEN X 06OZ686	Karışık	C2
13OZ043	CARMEN X 06OZ686	Q3	C2
13OZ108	CANDÍA X 06OZ770-4	Q3	C2
13OZ109	CANDÍA X 06OZ770-4	Q3	C2
13OZ083	N84-S X 06OZ704	Karışık	C1
13OZ036	CARMEN X 06OZ662	Q3	C3
13OZ040	CANDÍA X 06OZ720	Q3	C1
13OZ122	CARMEN X 06OZ653	Karışık	C1
13OZ001	N84-S X 06OZ654	Karışık	C2
13OZ018	CANDÍA X 06OZ654	Q1	C1
13OZ131	N84-S X 06OZ601	Q1	C1
13OZ132	N84-S X 06OZ601	Q3	C1
13OZ135	CARMEN X 06OZ731	Q3	C1
13OZ007	CANDÍA X 06OZ630	Q3	C2
13OZ077	CARMEN X 06OZ731	Karışık	C2
13OZ069	CANDÍA X 06OZ731	Q3	C1
13OZ035	CARMEN X 06OZ662	Karışık	Katılmadı
13OZ120	CARMEN X 06OZ569	Karışık	C2
13OZ114	CANDÍA X 06OZ653	Karışık	C1
13OZ128	CARMEN X 06OZ653	Karışık	C1
13OZ138	N84-S X 06OZ662	Karışık	C1
13OZ155	N84-S X 06OZ753	Q3	C1
13OZ104	CANDÍA X 06OZ653	Q3	C2
13OZ023	N84-S X 06OZ577	Q3	C1
13OZ015	N84-S X 06OZ706-2	Q3	C1
13OZ123	CANDÍA X 06OZ654	Q3	Katılmadı
13OZ113	CARMEN X 06OZ653	Q3	C1
13OZ096	CANDÍA X 06OZ770-5	Karışık	C2
13OZ146	CARMEN X 06OZ653	Karışık	C3

13OZ125	CARMEN X 06OZ662	Q3	C1
13OZ136	N84-S X 06OZ662	Karışık	C1
13OZ073	CANDÍA X 06OZ578	Karışık	C1
13OZ090	CANDÍA X 06OZ686	Q3	C2
13OZ014	CARMEN X 06OZ686	Q3	C2
13OZ059	CANDÍA X 06OZ770-2	Karışık	C1
13OZ058	CANDÍA X 06OZ585	Q3	C1
13OZ116	CANDÍA X 06OZ770-4	Q3	C1
13OZ005	CANDÍA X 06OZ770-3	Karışık	C2
13OZ011	CARMEN X 06OZ662	Q2	C1
13OZ152	CANDÍA X 06OZ653	Q3	C2
13OZ145	CARMEN X 06OZ653	Q1	C1
13OZ154	N84-S X 06OZ704	Karışık	C2
13OZ062	N84-S X 06OZ753	Q3	C1
13OZ060	CANDÍA X 06OZ720	Q3	C1
13OZ027	CANDÍA X 06OZ654	Karışık	C1
13OZ115	CANDÍA X 06OZ770-4	Q3	C1
13OZ107	CANDÍA X 06OZ770-4	Q3	C2
13OZ102	CANDÍA X 06OZ602	Karışık	C1
13OZ088	CANDÍA X 06OZ770-3	Karışık	C2
13OZ134	N84-S X 06OZ601	Karışık	C1
13OZ150	CANDÍA X 06OZ653	Q3	C1
13OZ008	CANDÍA X 06OZ728	Q3	C1
13OZ002	N84-S X 06OZ603	Q3	C2
13OZ010	CARMEN X 06OZ697	Q3	C2
13OZ038	CANDÍA X 06OZ770-3	Q3	C1
13OZ041	CARMEN X 06OZ686	Q3	C1
13OZ140	N84-S X 06OZ662	Karışık	C1
13OZ003	CANDÍA X 06OZ728	Q3	C2
13OZ063	CANDÍA X 06OZ630	Q3	C1
13OZ013	N84-S X 06OZ685	Q3	C2
13OZ093	CARMEN X 06OZ653	Q3	C2
13OZ112	CANDÍA X 06OZ713	Karışık	C2
13OZ074	CARMEN X 06OZ581	Q3	C1
13OZ156	N84-S X 06OZ753	Karışık	C1

4.3.2. Genetik çeşitlilik analizleri

Populasyonun genetik çeşitlilik analizi DARwin6 (Dissimilarity Analysis and Representation for Windows) programı ile gerçekleştirilmiştir. Dice katsayısı ve UnWeighted Neighbor Joining

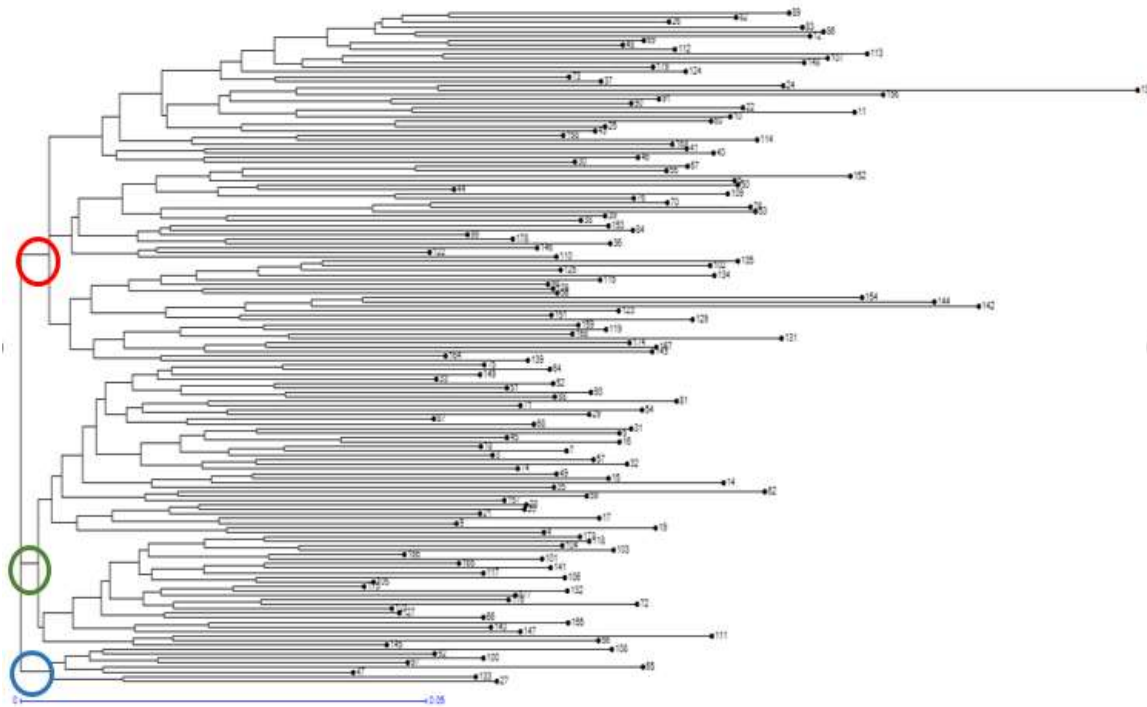


algoritması kullanılarak bireyler arasındaki çeşitlilik analiz edilmiştir. Yetersiz veri oranının yüksek olması nedeniyle (>%50) sekiz birey (13OZ035, 13OZ042, 13OZ044, 13OZ076, 13OZ101, 13OZ123, 13OZ130 ve 13OZ139) genetik analizden çıkarılmıştır (Tablo 13): Unweighted neighbor-joining (NJ) dendrogram analizi üç ana alt küme ortaya çıkarmıştır: Küme1 (C1) 78 (%52,3), Küme2 (C2) 62 (%41,6) ve Küme3 (C3) 9 (%6) bireyden oluşmaktadır (Şekil 8). Mantel testine göre Dice katsayısı genetik uzaklık matrisi ile dendrogramla gösterilen ilişkiler arasında güçlü bir korelasyon tespit edilmiştir ($r = 0.89$). Donor ebeveyn kombinasyonlarından oluşan bireyler, donör ebeveynine dayalı grup oluşturma eğilimi olmaksızın üç ana kümeye dağılmıştır (Tablo 15), bu da üç ana ebeveynin RIL'lerin genetik farklılaşmasına büyük ölçüde katkıda bulunduğunu göstermektedir.

Yürütülen bu çalışmada, türler içi çok ebeveynli ($3 \text{ ♀} \times 200 \text{ ♂}$) melezleme (600 adet) kombinasyonundan türetilmiş ve F6-8 kademelerinde rekombinant kendi içinde melezlenmiş (RIL) hatları kullanılmıştır. Türler arası melezlemelerle geliştirilen popülasyonlar kullanılarak elde edilen QTL analizinin sonuçları genellikle Upland pamuğunun ıslahı için etkili olmadığı için (Fang vd., 2014) bu çalışmada türler için popülasyonların oluşturulması tercih edilmiştir. Örneğin, elverişli aleller genellikle diğer türün genomundan gelir ve *G. hirsutum* genomuna entegre edilmesi gerekir. Bu süreç, ıslah sürecine birkaç nesil süresi ekler. Dahası, türler arası popülasyonlarda saptanan polimorfik markörler çoğunlukla *G. hirsutum*'da polimorfik olma ve bu da Upland pamuğunun seçiminde kullanılmayan markörlerin tespit edilmesine neden olur (Fang vd., 2014). Öte yandan, tür içi popülasyonlar, popülasyon içinde genellikle düşük varyasyona sahiptir. Bu çalışmada, popülasyonda daha yüksek genetik varyasyon elde etmek amacıyla üç ebeveyn temelli RIL popülasyonu kullanılmıştır. Ancak, oluşturulan RIL popülasyonunda, yalnızca %14'lük bir ortalama farklılıkla düşük genetik çeşitlilik ortaya çıkarılmıştır. Bu durum, türler içi melezlemelerle türetilen popülasyonlar için yaygın ve beklenen bir durumdur. Binlerce yıllık seleksiyon ve sınırlı genetik materyalin aşırı kültüve edilmesi (yetiştirilmesi) nedeniyle mevcut pamuk genotiplerindeki genetik darboğazın olduğu rapor edilmiştir (Noumkina vd., 2019; Chaundry vd., 2010; May Ol, 1999). Bu durumun aksine, (Baytar vd., (2017) tarafından yürütülen diğer bir çalışmada ise iki ebeveynli bir popülasyon yerine genetik paneller kullanıldığında, daha fazla genetik çeşitlilik (%38) gözlemlenmiştir. Ancak, popülasyon modeline bakılmaksızın diğer birçok çalışmada da Upland pamuğu için düşük ve orta seviyelerde genetik çeşitlilik bildirilmiştir (Tyagi vd., 2014; Abdurahkmanaov vd., 2008; Lacepe vd., 2007; Fang vd., 2013; Fang vd., 2014; Hinze vd., 2012). Bu nedenle, pamuktaki genetik darboğaz, lif kalitesi özelliklerinin iyileştirilmesinin önündeki ana engellerden birisidir. Ticari olarak yetiştirilen pamuk çeşitlerindeki varyasyonu artırmak kaçınılmaz bir hale gelmiştir. Bu nedenle, daha yüksek genetik çeşitliliğe sahip genotiplerin tanımlanması ve ıslah programlarında donör olarak kullanılması gereklidir. Moleküler genetik analizler, bireyler arasındaki mevcut çeşitliliği ve popülasyonun atalarının

geçmişini ortaya çıkarır. Bu tür bilgiler, özellikle soy bilgisi eksik olduğunda, istenen genotiplerin seçimine rehberlik etmede özellikle yararlıdır. Yürütülen bu çalışmada, Candia x 06OZ770-4 ve Candia x 06OZ602'den (%27-29) gelen hatların en yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip oldukları belirlenmiştir (Tablo 14). Ayrıca, Candia x 06OZ770-4'ten gelen bireylerde en yüksek çırçırılama verimliliğine sahip olduğu gözlenmiştir, bu durumda bu hatların ıslah için yararlı potansiyele sahip olduğunu göstermektedir. En az çeşitlilik %95 benzerlikle 13O013 ile 13OZ010 arasında belirlenmiştir. Donor ebeveyn kombinasyon grupları içinde genel olarak genetik varyasyon düşük düzeyde olduğu gözlenmiştir. Candia kombinasyonları için ortalama %14, Carmen ve N84-S kombinasyonları için ise ortalama %13 benzerlik belirlenmiştir. AMOVA analizi, RIL'lerdeki neredeyse tüm varyasyonların (%98) gruplar arası ve (%2) (PhiPT = 0.019, p = 0.001) gruplar içinde bulunduğunu ortaya çıkarmıştır (Tablo 16).

Hem popülasyon yapısı ve hem de genetik çeşitlilik analizlerinin tutarlılıklarını değerlendirmek için karşılaştırılmıştır (Şekil 9). Bu karşılaştırmalar sonucunda, popülasyonun %31,8'inin her iki kümeleme yönteminde de benzer şekilde gruplandığı gösterilmiştir (Tablo 13). Bu değer düşük olsa da, iki yöntemin genetik ilişkileri belirlemek için farklı yaklaşımlar kullandığı gerçeği göz önüne alındığında beklenmedik bir durum değildir: dendrogram, mesafeye dayalı bir yöntem kullanılarak çizilirken, popülasyon yapısı Bayesian bir yaklaşımla belirlenmektedir.



Şekil 8. RIL popülasyonun üç ana gruba ayrıldığını çeşitlilik analizi sonucunda elde edilen dendrogram. Küme 1(C1): kırmızı, Küme 2 (C2): yeşil ve Küme 3 (C3): mavi halkalar ile işaretlenmiştir.

Tablo 14. Çeşitlilik analizine göre RIL populasyonunda birbirine en iraksak belirlenen on genotip çifti ve aralarındaki genetik farklılık değerleri

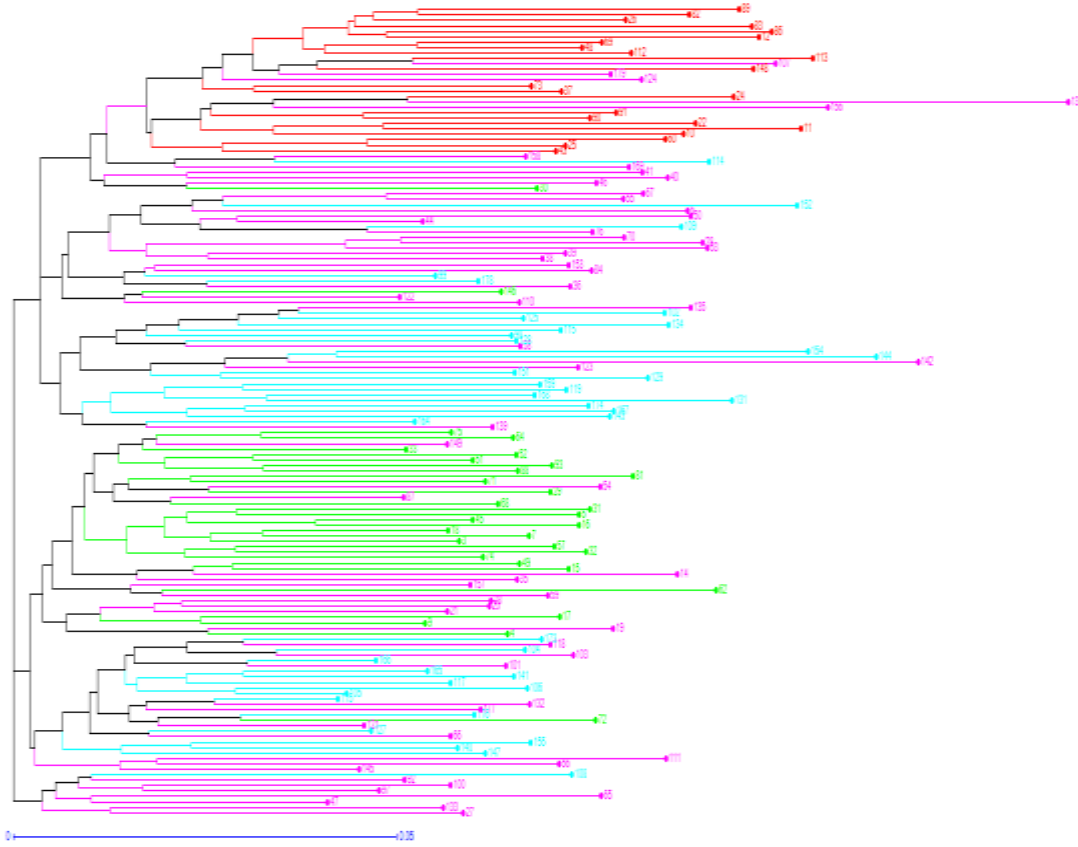
Genotip çifti	Ebeveyn1	Genotip 1	Genotip 2	Ebeveyn2	Farklılık değeri
154-13	CANDİA X 06OZ630	154	13	CANDİA X 06OZ602	0.29
144-13	CANDİA X 06OZ770-4	144	13	CANDİA X 06OZ602	0.29
106-13	CANDİA X 06OZ770-4	106	13	CANDİA X 06OZ602	0.27
108-13	CARMEN X 06OZ662	108	13	CANDİA X 06OZ602	0.27
128-13	N84-S X 06OZ577	128	13	CANDİA X 06OZ602	0.27
138-12	CARMEN X 06OZ686	138	12	N84-S X 06OZ704	0.25
167-13	CANDİA X 06OZ770-3	167	13	CANDİA X 06OZ602	0.25
107-13	N84-S X 06OZ704	107	13	CANDİA X 06OZ602	0.25
144-11	CANDİA X 06OZ770-4	144	11	CANDİA X 06OZ602	0.25
111-13	N84-S X 06OZ654	111	13	CANDİA X 06OZ602	0.25

Tablo 15 Herbir melez kombinasyon grubunun bireylerinin Darwin6 ile yapılan çeşitlilik analizi sonucuna göre belirlenen kümeler (C1, C2 ve C3) üzerine dağılımları

Melez kombinasyon grubu	# / %			Toplam #
	C1	C2	C3	
Candia	32 (48.5%)	33 (50.0%)	1 (1.5%)	66
Carmen	16 (40.0%)	19 (47.5%)	5 (12.5%)	40
N84-S	30 (69.8%)	10 (23.3%)	3 (7.0%)	43

Tablo 16 AMOVA analizi sonuçlarına göre melez grupları arasında ve içindeki varyasyon değerleri

	Serbestlik derecesi	Kare toplamı	Kare ortalaması	Hesaplanan varyans	%
Grup arası	2	246.241	123.121	1.193	2.00
Gruplar içi	154	9533.899	61.908	61.908	98.00
Toplam	156	9780.140	-	63.102	100.00
<i>PhiPT</i> *	0.019	p = 0.001			
* $PhiPT = AP / (WP + AP) = AP / TOT$					
<i>AP = melez grupları arasında hesaplanan varyans, WP = gruplar arasında hesaplanan varyans</i>					



Şekil 9. Yapı analizi ve çeşitlilik analizi sonuçlarının birleştirilmesi ile elde edilen renkli dendrogram. Fuşya: “karışık (admixed)” bireyleri, kırmızı: Q1 bireyleri, yeşil: Q2 bireyleri ve mavi: Q3 bireyleri temsil etmektedir.

4.4. İlişkilendirme analizleri ve bağlantı dengesizliği

4.4.1. İlişkilendirme haritalaması Yöntemi kullanılarak pamuk bireylerinin lif-kalite karakterlerinin SSR markörleri ile ilişkilendirme analizleri

Pamukta lif karakterleri ile ilişkili SSR lokusları Tassel 2.1 programı kullanılarak belirlenmiştir. Bu analizler için; pamuk genotiplerinin tarla denemesi fenotip sonuçları, STRUCTURE 2.2.3 programından elde edilen populasyon yapısı (Q matriksi) sonuçları (Tablo 17), çeşitlerin akrabalık ilişkilerini gösteren K matriksi (TASSEL ile hesaplanmıştır) ve polimorfik SSR lokusları kullanılmıştır.

Tablo 17. STRUCTURE analizi ile hesaplanan Q matriks değerleri

Genotip	Grup1	Grup2	Grup3	Genotip	Grup1	Grup2	Grup3
1	0.019	0.85	0.132	91	0.871	0.102	0.027
2	0.02	0.914	0.067	92	0.332	0.463	0.206
3	0.031	0.942	0.027	93	0.093	0.814	0.093
4	0.121	0.726	0.153	94	0.174	0.772	0.055



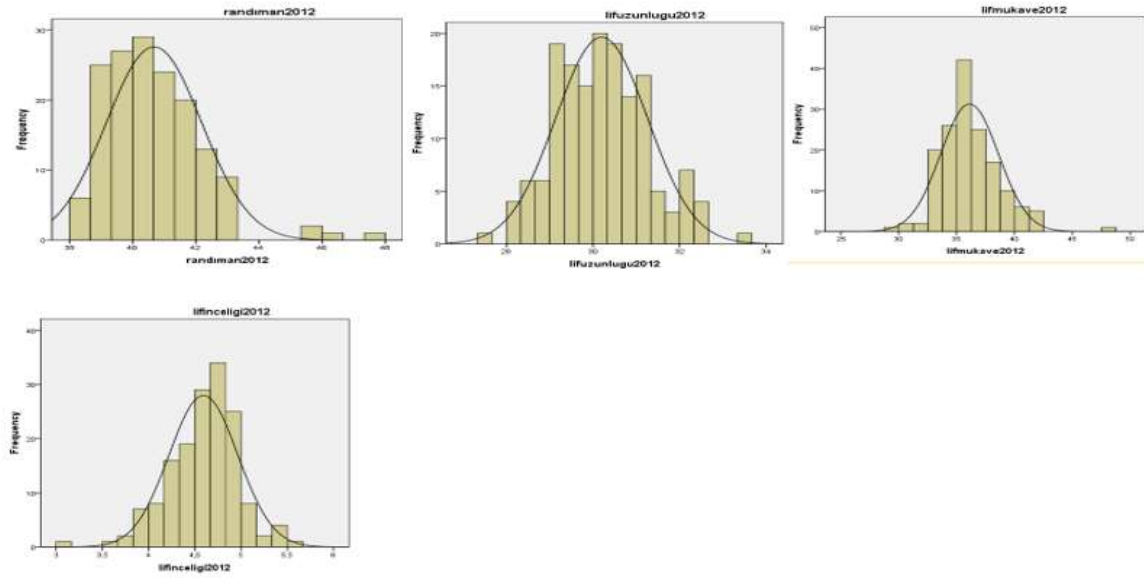
5	0.065	0.914	0.021		95	0.069	0.773	0.158
6	0.348	0.399	0.254		96	0.092	0.753	0.154
7	0.016	0.962	0.022		97	0.278	0.209	0.512
8	0.752	0.189	0.059		98	0.289	0.087	0.624
9	0.29	0.631	0.079		99	0.022	0.334	0.644
10	0.759	0.07	0.172		100	0.288	0.342	0.37
11	0.802	0.143	0.055		101	0.02	0.378	0.602
12	0.959	0.02	0.021		102	0.295	0.013	0.692
13	0.544	0.435	0.021		103	0.012	0.404	0.584
14	0.047	0.496	0.458		104	0.016	0.339	0.646
15	0.025	0.935	0.041		105	0.02	0.028	0.952
16	0.162	0.799	0.038		106	0.025	0.055	0.921
17	0.037	0.934	0.028		107	0.503	0.02	0.477
18	0.011	0.913	0.075		108	0.024	0.273	0.703
19	0.247	0.548	0.205		109	0.069	0.255	0.677
20	0.44	0.305	0.255		110	0.032	0.433	0.536
21	0.346	0.159	0.495		111	0.268	0.26	0.473
22	0.792	0.181	0.027		112	0.686	0.029	0.286
23	0.46	0.252	0.288		113	0.622	0.03	0.348
24	0.874	0.104	0.023		114	0.377	0.02	0.603
25	0.829	0.118	0.053		115	0.238	0.038	0.725
26	0.96	0.028	0.012		116	0.013	0.216	0.772
27	0.133	0.456	0.411		117	0.02	0.074	0.906
28	0.471	0.017	0.512		118	0.034	0.534	0.431
29	0.197	0.712	0.091		119	0.154	0.036	0.81
30	0.378	0.594	0.028		120	0.086	0.379	0.535
31	0.097	0.878	0.025		121	0.018	0.522	0.46
32	0.23	0.736	0.034		122	0.364	0.485	0.151
33	0.089	0.801	0.11		123	0.168	0.256	0.576
34	0.073	0.351	0.577		124	0.474	0.025	0.501
35	0.042	0.57	0.388		125	0.1	0.014	0.886
36	0.461	0.022	0.517		126	0.084	0.362	0.554
37	0.633	0.07	0.298		127	0.017	0.132	0.85
38	0.359	0.33	0.311		128	0.085	0.046	0.87
39	0.549	0.147	0.305		129	0.091	0.031	0.878
40	0.65	0.15	0.2		130	0.024	0.293	0.684
41	0.373	0.544	0.083		131	0.269	0.023	0.709
42	0.052	0.634	0.315		132	0.015	0.368	0.617
43	0.703	0.192	0.105		133	0.453	0.221	0.325
44	0.429	0.187	0.384		134	0.161	0.03	0.809



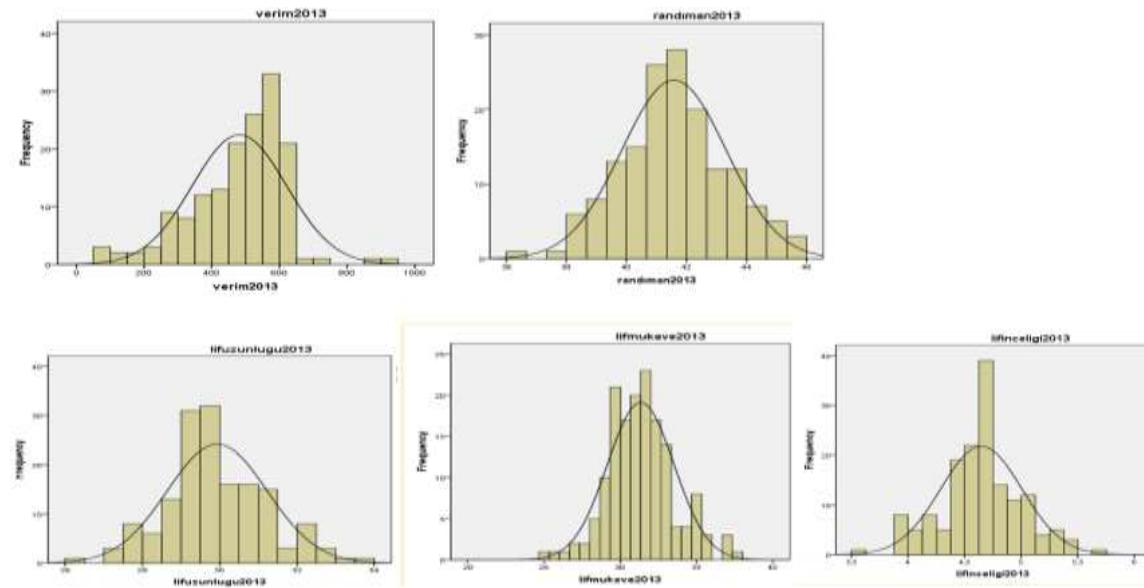
45	0.162	0.811	0.026		135	0.471	0.022	0.508
46	0.391	0.319	0.289		136	0.02	0.152	0.828
47	0.052	0.48	0.468		137	0.037	0.063	0.9
48	0.967	0.016	0.018		138	0.03	0.261	0.709
49	0.278	0.661	0.061		139	0.184	0.355	0.462
50	0.264	0.294	0.442		140	0.018	0.037	0.945
51	0.076	0.814	0.11		141	0.016	0.1	0.884
52	0.121	0.76	0.119		142	0.091	0.399	0.51
53	0.431	0.071	0.498		143	0.056	0.063	0.881
54	0.196	0.326	0.478		144	0.028	0.088	0.885
55	0.477	0.156	0.367		145	0.054	0.447	0.499
56	0.171	0.575	0.254		146	0.049	0.815	0.136
57	0.1	0.818	0.082		147	0.119	0.157	0.724
58	0.465	0.444	0.09		148	0.671	0.021	0.308
59	0.558	0.319	0.123		149	0.131	0.379	0.49
60	0.903	0.068	0.029		150	0.036	0.292	0.672
61	0.176	0.713	0.111		151	0.073	0.086	0.841
62	0.143	0.638	0.219		152	0.348	0.032	0.62
63	0.413	0.529	0.058		153	0.047	0.431	0.523
64	0.02	0.915	0.065		154	0.115	0.074	0.811
65	0.49	0.372	0.138		155	0.078	0.203	0.719
66	0.035	0.613	0.352		156	0.464	0.202	0.334
67	0.293	0.155	0.552		157	0.022	0.449	0.529
68	0.194	0.627	0.180		158	0.593	0.079	0.328
69	0.873	0.026	0.101		159	0.322	0.039	0.639
70	0.512	0.033	0.456		160	0.084	0.297	0.619
71	0.021	0.831	0.148		161	0.466	0.034	0.5
72	0.082	0.882	0.037		162	0.02	0.146	0.833
73	0.912	0.046	0.042		163	0.016	0.077	0.907
74	0.04	0.883	0.077		164	0.205	0.034	0.761
75	0.012	0.971	0.017		165	0.011	0.053	0.936
76	0.083	0.526	0.391		166	0.021	0.277	0.702
77	0.48	0.448	0.072		167	0.02	0.046	0.935
78	0.019	0.851	0.13		168	0.054	0.027	0.919
79	0.032	0.854	0.114		169	0.305	0.105	0.59
80	0.113	0.18	0.708		170	0.035	0.199	0.766
81	0.101	0.838	0.061		171	0.176	0.15	0.674
82	0.9	0.067	0.033		172	0.038	0.25	0.712
83	0.869	0.058	0.073		173	0.032	0.191	0.776
84	0.423	0.219	0.358		174	0.03	0.022	0.948

85	0.068	0.495	0.437		175	0.018	0.039	0.944
86	0.814	0.148	0.038		176	0.032	0.27	0.698
87	0.128	0.591	0.281		177	0.017	0.419	0.564
88	0.02	0.88	0.1		178	0.042	0.295	0.663
89	0.932	0.051	0.016		180	0.61	0.017	0.373
90	0.871	0.086	0.043		180	0.143	0.08	0.777

İlişkilendirme analizlerinde kullanılan karakterlerin normal dağılım histogramları Şekil 10 ve 11 de verilmiştir.



Şekil 10. 2012 yılı randıman, lif uzunluğu lif mukavemeti lif inceliği karakterleri için histogram



Şekil 11. 2013 yılı verim randıman lif uzunluğu, lif mukavemeti ve lif inceliği karakterlerin histogramları.

İki yıllık fenotip verinin hesaplamaları JMP® (Version 14. SAS Institute Inc., Cary, NC, 1989-2019) ile yapılmıştır. İlişkilendirme analizlerinde, BLUP (Best Linear Unbiased Predictions) (Wen vd., 2014) değerleri kullanılmıştır (Tablo 18). Histogramlardan da görüldüğü üzere lif karakterleri için ölçülen fenotip verileri normal dağılım göstermektedir. Bu dağılım şekli, elde edilen fenotipik verilerin ilişkilendirme analizleri için uygun olduğunu göstermektedir.

Tablo 18. İlişkilendirme analizinde kullanılan fenotip ölçümlerinin BLUP değerleri

Genotip	Randıman	Lif uzunluğu	Lif mukavemeti	Lif inceliği
3	40.228166	29.695498	33.458509	4.6902385
4	43.551917	29.384561	31.95964	4.710651
5	41.216405	30.381623	34.904725	4.7831169
6	40.859107	29.497744	33.778735	5.0131751
7	43.199101	29.94987	33.694825	4.6385444
8	40.863194	30.573349	33.581238	4.6094278
9	40.203864	29.706441	33.378534	4.7290544
10	41.185198	30.10842	32.958266	4.5447711
11	40.579395	29.9829	32.580618	4.6717774
12	40.950057	29.288799	32.664313	4.6881056
13	41.58671	30.688335	34.721375	4.8131688
14	40.366524	29.672751	33.594192	4.5911
15	42.351619	29.593851	34.105729	4.8231052
16	41.674695	29.972831	34.1429	4.6933989
17	41.794201	30.192374	33.877599	4.6988119
18	41.075005	29.883007	34.436277	4.6592059
19	40.977253	29.828152	35.441133	4.8523123
20	41.558979	30.032881	33.319459	4.5414054
21	41.157829	30.098865	33.069215	4.5214795
22	40.786683	30.045653	33.590557	4.6534888
23	40.353838	30.366857	32.875764	4.6043602
24	41.841823	30.147821	33.903362	4.7157574
25	40.597539	30.160352	34.277174	4.6469513
26	41.446632	29.391921	32.268233	4.5512707
27	40.797995	29.187974	33.391576	4.6661531
28	40.116745	29.795074	34.001727	4.6079981
29	40.883971	30.115536	34.709694	4.4764005
30	40.523164	30.262125	34.127791	4.397392
31	40.203211	29.975778	33.799024	4.4480865
32	39.992958	30.250149	32.429659	4.7631959
33	41.317334	29.606943	33.337132	4.4796374



34	40.794421	30.169106	33.61141	4.5762758
35	40.996373	30.482063	33.126838	4.5194399
36	41.129605	30.405196	32.889691	4.4730211
37	41.44828	30.563104	32.932585	4.4194353
38	40.542858	30.79839	35.348335	4.6329661
39	40.750602	30.375811	35.765351	4.6126153
40	40.489403	30.501033	33.795116	4.457250
41	40.390966	29.673767	33.582429	4.5045274
43	40.577308	29.829513	33.670255	4.7459583
44	40.678647	30.037736	32.996743	4.6230582
45	41.03989	29.816176	33.598936	4.5001081
46	40.495894	29.699791	32.964048	4.2407219
47	41.708022	30.205291	32.860678	4.6858685
48	42.104764	29.913271	33.157749	4.6269287
49	40.425209	29.787477	34.290545	4.1215124
50	42.181355	29.548903	33.525962	4.8930709
51	43.42511	29.326963	32.45561	4.8620024
52	41.81055	29.92455	33.797051	4.5493272
53	39.678049	29.289933	33.773846	4.7501297
54	41.574731	29.868083	32.964678	4.6119288
55	42.092333	29.591531	34.456849	4.8709828
56	40.077931	30.40462	34.545049	4.5010859
57	40.061398	30.184511	32.252700	4.5834195
58	41.034631	30.267468	32.631702	4.4316771
59	42.114468	30.174134	32.547818	4.4464235
60	41.313665	30.207779	33.844203	4.634632
62	42.150744	30.092869	33.123678	4.5879448
63	42.521482	29.664020	33.363129	4.6893033
64	41.884676	29.410709	33.729362	4.6222744
65	40.346014	30.431377	33.348511	4.4690785
66	39.073918	30.014227	32.877269	4.6415357
67	41.541307	30.204064	34.57331	4.898319
68	40.576216	29.736806	34.894626	4.4868493
69	42.621874	29.746257	33.845316	4.6669359
70	39.635424	29.868068	35.72180	4.7118127
71	40.260967	29.668346	32.400572	4.587096
72	40.720388	30.260709	33.78172	4.7778628
73	41.472517	30.304933	33.344726	4.3753539
74	40.591703	30.816066	34.750653	4.7437292



75	42.124107	29.852327	34.437983	4.5059233
76	41.523999	30.534566	33.922314	4.7372777
77	40.686985	30.490464	34.507725	4.3235521
81	40.244605	30.114656	33.720438	4.681194
82	42.059052	29.387141	33.566544	4.6361365
83	40.374901	30.868465	35.142517	4.2881274
84	40.776975	30.716952	34.147073	4.503765
85	40.905717	30.285368	33.986531	4.4736225
86	41.888886	29.294027	33.684748	4.5407009
87	40.218505	29.689584	34.240452	4.7599992
88	42.315143	29.731217	33.93737	4.5432226
89	41.337781	29.784721	33.126837	4.624822
90	41.597212	29.925213	33.281567	4.544527
91	41.537378	30.122549	32.869051	4.7927026
92	39.61782	30.066538	32.975235	4.4820812
93	39.492449	30.3693	34.848321	4.5911831
94	41.772556	30.649799	32.40789	4.6737857
97	40.890855	29.352085	33.117833	4.4590442
98	41.537159	30.046542	33.783481	4.7195807
99	41.046366	30.242667	34.099292	4.7246753
100	41.038223	29.966505	33.048041	4.4613817
101	41.162525	29.991754	32.910291	4.4229243
102	40.727505	30.528181	33.082656	4.306617
103	41.549679	30.173992	33.923991	4.7039487
104	40.032019	30.91896	35.655503	4.6011396
105	41.722233	29.274122	31.535523	4.4902253
106	43.674589	29.338557	32.686789	4.7452075
107	40.852282	30.121393	33.031602	4.5699473
108	40.344953	29.770902	33.325861	4.5712193
109	41.803608	30.591164	34.010272	4.8458454
110	40.784689	30.435809	35.850005	4.8054872
111	41.59394	29.910976	33.184734	4.5190373
112	40.437453	29.675167	34.733949	4.6609875
113	41.555677	30.273403	33.486288	4.680887
114	40.176889	31.090251	33.054267	4.3554242
115	40.551365	30.190467	34.11093	4.4689461
117	40.871978	29.6071	33.231888	4.7549655
118	40.708541	30.575489	33.485506	4.6932311
119	40.618544	29.727548	33.005012	4.5799263



120	40.876873	30.01301	34.191356	4.6437425
121	40.068546	30.773385	34.71524	4.590058
122	41.806	29.963806	33.831477	4.4608236
123	41.042188	29.978192	33.609734	4.7823439
124	40.81209	30.357908	33.8984	4.4098457
125	41.33418	29.932841	33.653118	4.5862388
127	41.8028	30.711356	35.129013	4.6152826
128	42.14554	29.705139	33.99509	4.7173762
129	40.387993	30.129658	33.430566	4.6113775
130	41.46573	29.925278	33.842322	4.7701123
131	40.338361	29.58435	33.621663	4.5827859
132	42.699645	29.737468	33.81309	4.6514288
133	40.437989	30.728464	34.610279	4.2830049
134	41.8259	30.229399	33.446885	4.5700441
135	41.50329	30.220277	34.742925	4.4368381
139	39.684325	30.531047	33.675292	4.7007625
140	40.631602	30.434134	34.662341	4.5249455
141	40.957377	30.361212	33.546176	4.5693643
142	40.842142	30.166342	33.051036	4.5565667
143	39.843701	30.352045	33.736723	4.5822279
144	41.515348	29.942721	33.836656	4.524777
145	41.996793	30.066607	34.418076	4.6328193
146	40.754322	30.177828	34.957297	4.6048185
147	40.646852	30.332872	33.8083	4.6715957
148	39.681319	31.195828	33.497301	4.5543578
149	40.785301	30.831826	33.212557	4.5328063
151	41.715974	30.125595	34.972737	4.9977076
152	42.528983	29.88574	33.330725	4.8521202
153	41.252033	29.712563	35.144764	4.5945944
154	42.845771	29.966266	33.024348	4.5866513
155	42.945119	29.344518	33.061699	4.629998
156	41.92573	30.420361	33.311301	4.6216733
157	42.40268	29.876487	33.892945	4.7016051
158	40.610866	30.464969	33.694825	4.4367943
159	40.700864	30.38774	34.199649	4.6103373
164	42.21893	29.94906	33.112649	4.652204
165	42.666304	30.298085	33.051005	4.8257269
166	40.095744	29.856033	34.909422	4.7829898
167	42.099177	30.168017	33.894022	4.833707

168	41.412049	29.956255	33.548849	4.6360536
169	39.743829	30.70402	34.059094	4.7125465
173	40.638957	30.478229	33.368851	4.8524645
174	40.85221	29.775332	34.070191	4.6385444
175	41.712008	29.921396	34.213084	5.0947752
176	40.925939	30.126536	33.465434	4.6783962
177	41.706449	29.957712	33.909856	4.8184336
178	40.722393	29.809374	33.972676	4.6493629
180	40.671137	30.112479	33.398513	4.6003777

Test edilen yedi model arasında en yüksek anlamlı p değeri (π_1) oranını Q ve PC tarafından düzeltilmiş GLM üretmiştir (Tablo 19).

Tablo 19. İlişkilendirme analizlerinde kullanılacak en uygun modeli belirlemek için test edilen yedi modelin π_0 ve π_1 değerleri. En yüksek π_1 değeri en uygun modeli işaret etmektedir.

Model	π_0 değeri	π_1^* değeri
GLM Q	0.88	0.12
GLM PC	0.80	0.20
GLM Q + PC	0.68	0.32
MLM K	0.90	0.10
MLM K + Q	0.86	0.14
MLM K + PC	0.82	0.18
MLM K + Q + PC	0.77	0.23
$*\pi_1 = 1 - \pi_0$		

Bu nedenle, QTL'leri $p < 0.005-0.1$ anlamlılık düzeyinde tespit etmek için GLM (Q+PC) yöntemi uygulanmıştır. Sonuç olarak, ilişkilendirme analizleri sonucunda, beş karakterle (kütlü pamuk verimi, tiftik yüzdesi (randıman), lif uzunluğu, lif mukavemeti ve lif inceliği) önemli ölçüde ilişkili 13 SSR lokusu belirlenmiştir (Tablo 20). Elde edilen bu bilgi ile, ilgili karakterlerden sorumlu genom bölgeleri (QTL, kantitatif karakter lokuslarını) gösterilmiştir. Bireysel SSR lokuslarının PVE değerleri, 0.07-0.12 arasında değişikli göstermiştir ve bu değerlerin nispeten düşük olduğu gözlenmiştir. Bu durum, fenotip üzerinde küçük etkileri olan ve çevresel faktörlere oldukça duyarlı olan çoklu genlerin kontrolü altındaki nicel özelliklerin karmaşık doğası nedeniyle beklenen bir durumdur (Mackay, 2009). BNL2495-215 lokusu, kütlü pamuk verimi ile önemli ölçüde ilişkili olan tek SSR lokusudur ($p = 1.8 \times 10^4$). Bu QTL lokusu kütlü verimi üzerine olumlu bir etkiye sahip olup kütlü verimini yaklaşık 51 kg/ha oranında arttırdığı belirlenmiştir (Tablo 20). Beş SSR markör alleli ile belirlenen QTL bölgeleri, %8-11 arasında değişen PVE değerleri ile randıman ile ilişkilendirilmiştir. BNL1495-236 lokusu istatistiksel olarak en anlamlı lokus olarak tespit edilmiştir ($p = 6,3 \times 10^5$) ve en yüksek fenotipik varyansla pozitif allelik etkiye sahip olduğu bulunmuştur. DPL322

markörünün iki alleli, DPL322-227 ve DPL322-218, sırasıyla randıman üzerinde pozitif ve negatif etkilere sahip olduğu belirlenmiştir. Bu markör için yapılacak seleksiyonlarda randıman karakterinin iyileştirilmesi için negatif etkilere sahip olan allelin de dikkate alınması (yani karşı seçilmesi) gerektiğini göstermektedir (Tablo 20). Üç SSR markörü tarafından belirlenen QTL lokusları, lif uzunluğu ile anlamlı şekilde ilişkili bulunmuştur. Bu markörlerden BNL3545-181, diğer lokuslardan daha yüksek anlamlılık ($p = 3.3 \times 10^{-5}$) ve PVE değeri (%12) ile lif uzunluğu ile ilişkilendirilmiştir. BNL3545'in allelik lokusları, lif uzunluğu üzerinde zıt ek etkilere sahiptir: BNL3545-181, artan uzunluk ile ilişkilendirilirken, BNL3545-170, azalan uzunluk ile ilişkilendirilmiştir (Tablo 20). İki QTL lokusunda, karakter üzerinde olumlu etkilerle birlikte lif mukavemeti ile de önemli ölçüde ilişkilendirilmiştir. BNL1495-242 ve BNL3545-120'nin PVE değerleri sırasıyla %8 ve %7 olarak belirlenmiştir (Tablo 20). Lif inceliği, iki allelik markör lokusuyla ilişkilendirilmiştir: JESPR274-144 ve JESPR274-120. Her iki allel de göreceli olarak yüksek öneme sahiptir ve JESPR274-144 bu çalışmada en önemli markör lokusu olarak bulunmuştur (3.15×10^{-5}). Her iki allel de ortalama miktarlarda fenotipik varyasyondan sorumlu bulunmuştur (%9). JESPR274-144, incelik için artan bir değerle ilişkilendirilirken, JESPR274-120 nin ise tam tersi bir etkiye sahip olduğu görülmüştür. Bu karakter için, pamuk endüstrisinde daha düşük mic değerleri arzu edildiğinden, lif inceliğinin iyileştirilmesinde olumsuz etkiye sahip markör lokusları dikkate alınmalıdır (Tablo 20).

Tablo 20. İncelenen karakterler ile ilişkili bulunan SSR lokusları ($p < 0.005$).

Karakter	Lokus	PVE* (r^2)	p – value ≤ 0.005	q – value < 0.1	Markör etkisi**
Kütlü verim (kg ha^{-1})	BNL2495 ₂₁₅	0.09	1.80E-04	0.02	50.69
Randıman (%)	BNL1495 ₂₃₆	0.11	6.30E-05	0.01	0.31
	DOW050 ₂₀₅	0.10	1.31E-04	0.01	-0.36
	JESPR274 ₁₆₁	0.09	5.52E-04	0.03	-0.27
	DPL322 ₂₁₈	0.08	8.58E-04	0.04	-0.40
	DPL322 ₂₂₇	0.09	2.60E-03	0.10	0.30
Lif uzunluğu (mm)	BNL3545 ₁₈₁	0.12	3.29E-05	0.01	0.16
	BNL3545 ₁₇₀	0.07	1.10E-03	0.08	-0.13
	BNL1495 ₂₃₁	0.07	1.40E-03	0.08	-0.11
Lif mukavemeti (kg teks^{-1})	BNL1495 ₂₄₂	0.08	6.46E-04	0.09	0.39
	BNL3545 ₁₂₀	0.07	1.20E-03	0.09	0.24
Lif inceliği (mic)	JESPR274 ₁₄₄	0.10	3.15E-05	0.01	0.08
	JESPR274 ₁₂₀	0.09	1.56E-04	0.01	-0.07



*PVE bireysel markörlerin karakter üzerindeki fenotip etkisi.	
**Markör etkisi ilgili markör lokusunun allel varlığında fenotip üzerinde birim etkisi.	

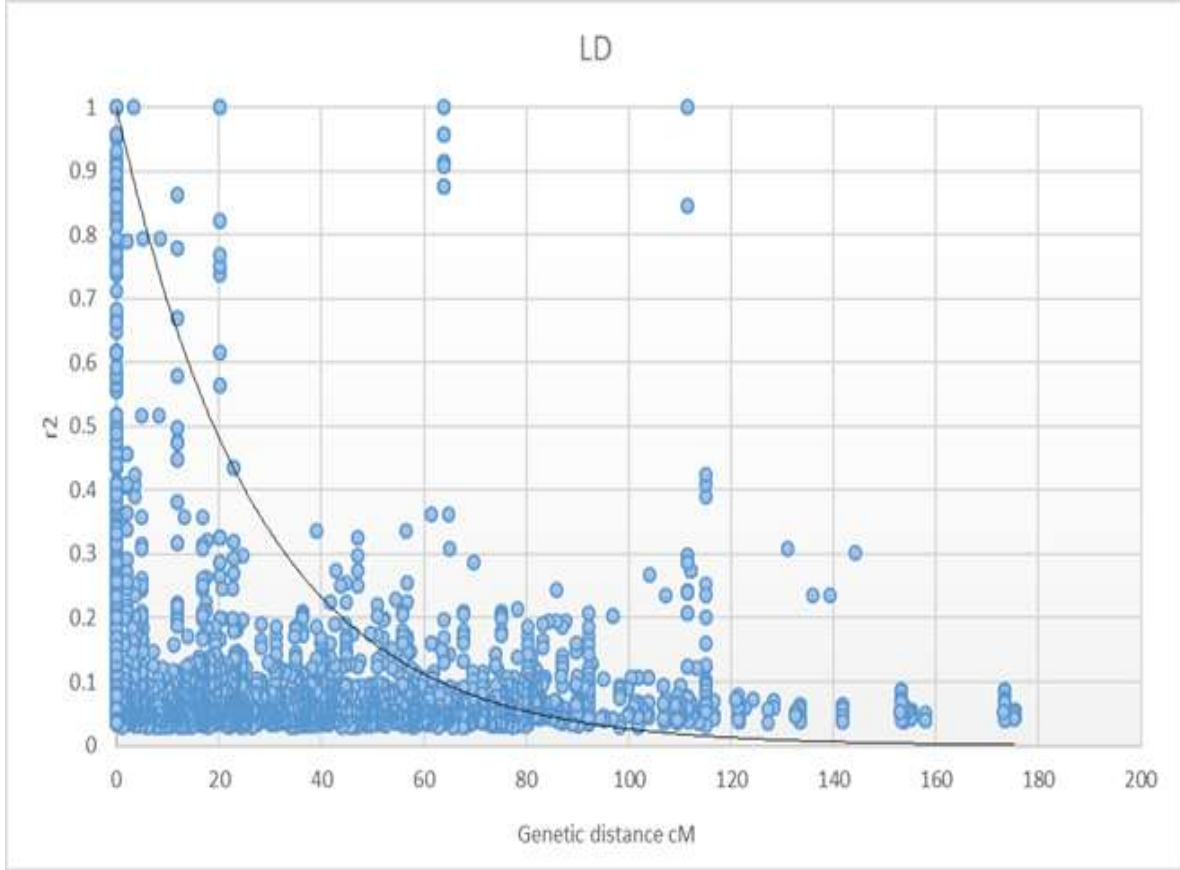
4.4.2. Bağlantı dengesizliği (Linkage disequilibrium, LD) analizleri

Bağlantı dengesizliği (LD), genom içindeki iki lokus arasında istatistiksel olarak rastgele olmayan bir ilişkiyi ifade eder. Genom çapında LD, ilişkilendirme analizlerinin kalitesini güçlendirir. LD seviyesi bilgisi başarılı bir ilişkilendirme analizi için kullanışlıdır ve genetik bileşenlerin (rekombinasyon, genetik göç, doğal seleksiyon vb.) evrimsel geçmiş boyunca popülasyondaki etkilerini ortaya çıkarır. Bu çalışmada SSR lokuslarının yaklaşık%8.4- 3.1'i, $p < 0.05$ ve $p \leq 0.01$ güvenilirlik derscesinde sırasıyla ortalama $r^2 = 0.13$ ve $r^2 = 0.18$ ile anlamlı LD içindedir. SSR lokuslarının yaklaşık% 6.4-2.5'i, ortalama sırasıyla, $r^2 = 0.16$ ve $r^2 = 0.30$ ile $r^2 \geq 0.05$ ve $r^2 \geq 0.1$ anlamlılık seviyesinde önemli bir bağlantıda kalmıştır. Bu çalışmada LD değerleri genel olarak düşük olduğu saptanmıştır. LD seviyesinin düşük düzeyde gerçekleşmesi ise genel olarak bilinen bir bulgudur. Bu durum pamuk genomu için, pamuk allopoliploid olmasından dolayı yüksek rekombinasyon oranından kaynaklanmaktadır (Abdurakhmonov vd., 2008).

Lokuslar arasında önemli derecede düşük düzeyde LD olduğunda, aynı kromozomda muhtemelen fiziksel olarak bitişik yada çok yakın olmaları nedeniyle aralarında daha az rekombinasyon oranı beklenir. Bununla birlikte, anlamlı LD ($p \leq 0.05$)'de bağlantısız lokusların %6.6'sını, r^2 'nin bağlantılı lokusların ortalama LD'sinden (0.30) daha yüksek olan ortalama 0.35 ile tespit edilmiştir. Belirli özelliklerin sürekli olarak seleksiyonu ve dolayısıyla pamuk ıslahında nesiller boyunca dolaylı seleksiyon işlemleri, popülasyonların oluşturulmasında genel olarak ortak ebeveynlerin kullanımı ve zaten varolan genetik darboğaz, bağlantısız genomik bölgeler arasındaki önemli LD'nin nedenleri olabilir. Ayrıca, protein komplekslerinin alt birimleri farklı genler tarafından kodlanabilir ve hücrede işlevsel olabilmek için nesiller boyunca birlikte kalıtılmalıdır. Dahası, farklı lokusların aynı mekanizmaya katkıda bulunduğu çok aşamalı yollar, genomdaki bağlantısız lokuslar arasında doğrudan LD üretirler (Miglani, 2002).

LD bozunması, ilişkilendirme analizleri için yapılması gereken yararlı bir parametredir. LD'nin açıkça bozulduğu mesafe, LD ile SSR lokusunun ne kadar korunduğu hakkında bilgi verir. LD bozunması ayrıca, araştırmalarda kullanılan QTL saptama yönteminin marker yoğunluğunu ve uygunluğunu teorik olarak çıkarmak için de uygulanır. Yürütülen bu çalışmada, LD bozulması, $p < 0.05$ ve $r^2 > 0.03$ anlamlılık düzeyinde genetik mesafeye göre çizilmiştir. $r^2 = 0.1$ 'de 60 cM civarında bozulmuştur (Şekil 12). Tetraploid pamuk genomu 5200 cM'dir (Paterson ve Smith, 1999) ve bu çalışmada oluşturulan LD bozunmasına bağlı olarak, popülasyonda ilişkilendirme haritalaması için 90-100 markör yeterli olduğu

belirlenmiştir. Bu sonuçlarla tutarlı olarak, yürütülen bu çalışmada anlamlı QTL bulmak için toplam olarak 105 markör kullanılmıştır.



Şekil 12. LD nin bozunma grafiği ($p < 0.05$ ve $r^2 > 0.03$).

4.5. Literatürde QTL Karşılaştırmaları

Popülasyon modeli, deneysel ortamlar, anlamlılık düzeyleri için eşik değeri, p değeri düzeltme yöntemleri ve ortak markörlerin bulunmaması gibi faktörler nedeniyle farklı çalışmalarda QTL sayısını ve etkisini karşılaştırmak kolay değildir (Fang vd., 2013). Bu faktörler, QTL çalışmalarının sonuçlarını etkileyebilmektedir. Örneğin, yürütülen bu çalışmada, tüm karakterler için $p \leq 0,05$ 'te 100 anlamlı QTL elde edilmiştir. Ancak, FDR için kontrol edildikten sonra bu sayı, $p \leq 0.001$ 'de 13 QTL'e düşmüştür. Yüksek sayıda markör-karakter ilişkisi moleküler ıslahta kullanım için çok etkili ve pratiktir değildir. Yönetilebilir sayıda markör, her karakter için güvenilir ve güçlü QTL'ler kadar önemlidir.

Farklı QTL çalışmalarında kısıtlı sayıda ortak markör kullanıldığından, elde edilen sonuçları karşılaştırmak zordur. Yürütülen bu çalışmada elde edilen sonuçlar referans bir genetik harita (Fang ve Yu, 2012) ile karşılaştırılmıştır. Bu çalışmada kullanılan benzer markörlerle değişik lif özellikleri için yaklaşık 10 cM'den daha az yakın mesafede önemli QTL'ler bulunmuştur (Tablo 21 ve 22). Bu tip QTL sonuçlarının derlenmesi yönelik bilgiler, ıslahçılar



tarafından eşzamanlı olarak geliştirilmesi istenen çok sayıda pamuk karakteri için için faydalıdır

Tablo 21. QTL lokuslarının literatür ile kıyaslanması

Markör	Kromozom ve pozisyon*	Bu çalışmada ilişkilendirilen Karakterler	Diğer çalışmalarda ilişkilendirilen karakterler
BNL2495	chr26, 73.26 cM	SCY	SCY, Yu vd., 2013
			FU, Liang vd., 2013
			FS, Wang vd.,2015
			MIC, Zhang et al., 2012
BNL1495	chr13, 53.37 cM	LP, FL, FS	2.5 SL, Lang vd., 2013
			FL, Abdullaev et al., 2017
			FE, Park vd., 2005; Frelichowski vd., 2006
			FL, FS, Frelichowski vd.,2006
			LP, Wu vd., 2009; Ma vd., 2019
JESPR274	chr09, 26.91 cM	LP, FF	FM, Qin vd., 2015
			LI, Wang vd., 2007
			1st PBR, TBN, PH, Baytar vd., 2018b
			LY, SCY, YI, STI, WUE, HM, GMP, Baytar vd.,2018a
DPL322	chr15, 51.39 cM	LP	LP, LY, Baytar vd., 2018a
BNL3545	chr02, 119 cM	FL, FS	SCW, Liu vd., 2018
	chr14, 7.55 cM		

1st PBR: 1. Pozisyon koza tutma, 2.5 SL: 2.5 Span length, FF: lif inceliği, FM: lif olgunluğu, FS: lif mukavemeti, FU: lif yeknesaklığı, GMP: geometrik verim ortalaması, HM: harmonik ortalama, InL: internod uzunluğu, LI: lif indeksi, LP: randıman, LY: lif verimi, MIC: mikroneir, PH: bitki boyu, SCW:kütlü pamuk ağırlığı, SCY: kütlü pamuk verimi, SFC: kısa lif içeriği, SI: tohum indeksi, STI: stress tolerans indeksi, TBN: Toplam koza sayısı, WUE: sulama suyu kullanım etkinliği, YI: verim indeksi

Tablo 22. İlişkilendirme analizlerinde anlamlı bulunan QTL lokuslarına bağlı markörlerin ve ilgili QTL'lerin belirlenmesi

Markör	Kromozom ve pozisyon*	Komşu markörler	Komşu markörlerle ilişkili karakterler	Kromozom ve pozisyon*
BNL2495	chr26, 73.26 cM	DPL070	FU, Liang vd., 2013	chr26, 73.83 cM
BNL1495	chr13, 53.37 cM	DPL687	2.5 SL, FS, Liang vd., 2013	chr13, 56.65 cM
		GH678	FS, Yu vd., 2013	chr13, 59.18 cM
JESPR274	chr09, 26.91 cM	DPL783	LP, Zhang vd., 2016	chr09, 26.02 cM
		MUSB958	LP, InL, Yu vd., 2014	chr09, 31.75 cM
DPL322	chr15, 51.39 cM	DPL003	SCW, Zhang vd., 2016	chr15, 50.29 cM
		MUSB1267	FF, SFC, Yu vd., 2014	chr15, 52.94 cM
		TMB931	FF, SFC, Yu vd., 2014	chr15, 53.16 cM
		BNL2496	SCW, SI, Zhang vd., 2016	chr15, 54.49 cM
			FU, Wang vd., 2017	
BNL3545	chr02, 119 cM	BNL1434	FE, Wang vd., 2016	chr02, 96.43 cM
		BNL3972	FE, Wang vd., 2016	chr02, 106.52 cM
	chr14, 7.55 cM	TMB071	SI, MIC, Shang vd., 2016	chr14, 6.29 cM
		TMB1931	SI, MIC, 2.5 SL, Shang vd., 2016	chr14, 14.49 cM
		C2-00118	FL, MIC, Huang vd., 2018	chr14, 16.40 cM

1st PBR: 1. Pozisyon koza tutma, 2.5 SL: 2.5 Span uzunluğu, FF: lif inceliği, FM: lif olgunluğu, FS: lif mukavemeti, FU: lif yeknesaklığı, GMP: geometrik verim ortalaması, HM: harmonik ortalama, InL: internod uzunluğu, LI: lif indeksi, LP: randıman, LY: lif verimi, MIC: mikroneir, PH: bitki boyu, SCW:kütlü pamuk ağırlığı, SCY: kütlü pamuk verimi, SFC: kısa lif içeriği, SI: tohum indeksi, STI: stress tolerans indeksi, TBN: Toplam koza sayısı, WUE: sulama suyu kullanım etkinliği, YI: verim indeksi

Yürütülen bu çalışmada kütlü pamuk verimi ile ilişkili bulunan BNL2495 markörü (kromozom 26 üzerinde 73.26 cM) Yu ve ark. (2013) tarafından da kütlü pamuk verimi için ilişkili bulunmuştur. Bu durumda, bu markörün, elyaf verimi için güvenilir bir QTL olduğunu göstermektedir. İlginç bir şekilde, bu QTL bölgesi, lif mukavemeti (Wang vd., 2015) ve incelik (Zhang vd., 2012) gibi diğer lif karakterleri ile de ilişkili bulunmuştur. Liang vd., (2013) hem BNL2495'te hem de yakındaki DPL070 markörü ile (0.57 cM uzakta) lif yeknesaklığı için bir QTL belirlemiştir (Tablo 21, 22).

Yürütülen bu çalışmada randıman, lif uzunluğu ve mukavemeti ile bağlantılı olan BNL1495 markörü, benzer şekilde, lif verimi ve yüzdesi (Wu vd., 2009; Ma vd., 2019), lif uzunluğu ve mukavemeti (Frelichowski vd., 2006; Liang vd., 2013; Abdullaev vd., 2017) ve ayrıca lif uzunluğu (Park vd., 2005; Frelichowski vd., 2006) ile bağlantılı bulunmuştur. Bu nedenle, bu genomik bölge, lif kalitesi için ortak, kararlı (stabil) bir QTL kümesine ev sahipliği



yapmaktadır. Bu tip QTL lokuslarının yoğunlaştığı bölgeler QTL sıcak noktaları olarak bilinmektedir. BNL1495 markörü, kromozom 13 (53.7 cM) üzerinde haritalanmıştır ve 5.8 cM aralığında lif dayanıklılığı ve uzunluğu için bir başka QTL bulunmaktadır: Yine aynı bölge içerisinde, lif dayanıklılığı ve uzunluğu ile ilişkili (DPL0687 (55.6 cM), Liang vd., 2013) ve lif dayanıklılığı ile ilişkili (GH678 (59.2 cM), Yu vd., 2013) QTL'ler bulunmuştur (Tablo 21, 22).

Kromozom 9 üzerinde lokalize olan JESPR274 markörü, bu çalışmada, randıman ve lif inceliği ile ilişkilendirilmiştir. Baytar vd., (2018a) tarafından yürütülen daha önceki bir çalışmada ise, JESPR274 markörü bitki yapısal özellikleri yanısıra lif ve kütlü pamuk verimi ile ilişkili olarak tanımlanmıştır. Aynı markör, başka araştırmacılar tarafından da randıman (Wang vd., 2007) ve elyaf olgunluğu (Qin vd., 2015) karakterleriyle de ile bağlantılı bulunmuştur. İki bitişik markör, DPL783 (Zhang vd., 2016) ve MUSB958 (Yu vd., 2014) ile birlikte, JESPR274 marköründe yer aldığı QTL bölgesi 5,7 cM aralığında randıman için bilgilendirici bir QTL olarak bulunmuştur (Tablo 21, 22). Yürütülen bu çalışmada, randıman ile ilişkilendirilen DPL322 markörü, Baytar vd., (2018a) tarafından yürütülen diğer bir çalışmada randıman ve lif verimi ile ilişkilendirilmiş ve ayrıca lif özelliklerinin iyileştirilmesi için yararlı bir markör olarak önerilmiştir (Saeed ve Elçi, 2017). DPL322 markörü, 3.1 cM içinde kümelenmiş marker-lif karakter ilişkilerinin bulunduğu kromozom 15 (51.4 cM) üzerinde lokalize olmuştur. Diğer çalışmalarda; DPL003, pamuk tohum ağırlığı ile (Zhang vd., 2016), MUSB1267 ve TMB2931, markörleri lif inceliği ve kısa lif içeriği ile ilişkili bulunmuştur (Yu vd., 2014). İlaveten, BNL2496 markörü, pamuk tohum ağırlığı, tohum indeksi (Zhang vd., 2016) ve lif yeknesaklığı (Wang vd., 2017) ile ilişkilendirilmiştir (Tablo 21, 22).

Yürütülen bu çalışmada, lif uzunluğu ve mukavemeti için tanımlanan BNL3545 (kromozom 2'de 119 cM) markörü, aynı zamanda, tohum pamuk ağırlığı ile de bağlantılı bulunmuştur (Liu vd., 2018). Ayrıca, bu bölgede lif kalitesi için belirlenen bir QTL, lif uzamasıyla ilişkili olan BNL3972 (106.5 cM'de) ve BNL1434 (96.4 cM'de) ile nispeten yakın bir şekilde haritalanmıştır (Wang vd., 2016). Bu, kromozom 2 bölgesinin yetersiz doygunluğundan dolayı BNL3545 ve onun komşu markörleri arasındaki lif özellikleri ile ilgili aralıklar 10 cM'den fazladır. Ancak, bu mesafe bu çalışma ile belirlenen anlamlı LD seviyesi aralığı içinde yer almaktadır. Ayrıca, BNL3545 markörü, kromozom 2'ye homeolog olan kromozom 14 (7.6 cM) üzerinde de haritalanmıştır. Bu markör, lif uzunluğu ve inceliği ile bağlantılı bulunan C2-00118 (16.4 cM) (Huang vd., 2018) markörüne yakın bulunmuştur. Ayrıca, lif inceliği ile ilişkili bulunan TMB1931 (11.49 cM) markörüne de yakın bölgede haritalanmıştır. Ayrıca, BNL3545 markörü, lif inceliği ve randıman ile bağlantılı olan TMB0071'e (6,3 cM) yakındır (Shang vd., 2016). Bütün bu QTL lokusları, lif kalite özellikleri için 9 cM aralığında haritalanmış ve stabil ve güvenilir bir QTL'i işaret etmektedir (Tablo 21, 22). Ortak ve stabil QTL'lerin belirlenmesi, ıslahta markör destekli seleksiyon işlemleri için önemlidir. Bu açıdan bakıldığında, bu



çalışmada, ilgili lif karakterleri için gerçek markörleri belirleme ve doğrulama çalışmaları başarılı dizayn edilmiş ve uygulanmıştır.

4.6. QTL'lerin doğrulanması

Çalışmada kullanılan RIL popülasyonu, her bir özellik için ilişkili bulunduğu SSR markör allellerinin farklı kombinasyonlarını içeren alt gruplara bölünmüştür. Bu alt kümelerin karakter ortalamaları, QTL allellerinin, moleküler ıslahı çalışmaları için uygulanacak pozitif ve hem de negatif seleksiyon işlemlerinde etkili bir şekilde kullanılması yönünde fikir edinmek için karşılaştırılmıştır. Kütlü pamuk verimi için, paneli oluşturan genotipler SSR lokusu BNL2495-215'in varlığına veya yokluğuna göre iki gruba ayrılmıştır. ANOVA analizi ile, bu alleli taşıyan bireylerin kütlü pamuk verimlerinin diğer bireylere göre daha yüksek miktarda olduğu gösterilmiştir ($p = 0.021$) (Tablo 23A). Randıman için, bireyler önce pozitif allellerin varlığına göre üç gruba ayrılmıştır (BNL1495-236 ve DPL322-227): sırasıyla, bir ve iki pozitif alleli olan 1. ve 2. gruplar ve pozitif allel içermeyen üçüncü grup (0) olarak tanımlanmıştır. ANOVA analiz ile, pozitif allel sayısı arttıkça randıman anlamlı bir artış olduğunu gösterilmiştir ($p = 0.000$) (Tablo 23B). İkinci olarak, bireyler negatif allellerin yokluğuna göre dört gruba ayrılmıştır (negatif alleler: DOW050205, JESPR274161 ve DPL322218): grup 1 ve 2, sırasıyla, bir ve iki negatif allelden yoksun bireyler grubunu oluştururken; grup 3, üç negatif allelin hepsinden yoksun olan grubu oluşturmaktadır. Sonuç olarak, negatif allel sayısı arttıkça ($p = 0.0001$) (Tablo 23C) randımanda istatistiksel olarak anlamlı bir azalma olmuştur. Bu durumda, herhangi bir negatif allel üzerinden seleksiyonun yapılması randıman üzerinde olumlu bir etkiye sahip olacaktır ve tüm olumsuz allellerin ortadan kaldırılması ile de daha yüksek verimle sonuçlanacağı beklenmektedir.

Lif uzunluğu için popülasyon iki gruba ayrılmıştır. Olumlu allele (BNL3545-181) sahip olan ve iki negatif allelden (BNL3545170 ve BNL1495231) yoksun olan bireyler aynı grupta toplanırken diğer tüm allelik kombinasyonlar ikinci grupta toplanmıştır. Sonuç olarak, birinci grup diğer gruptan önemli ölçüde daha uzun liflere sahip olduğu gözlenmiştir ($p = 0.029$) (Tablo 23D). Pozitif allel varlığı veya herhangi bir negatif allel yokluğu olan bireyler istenen grup olarak kümelenebilir. Benzer şekilde, birinci grup, diğer gruptan önemli ölçüde daha uzun liflere sahip olduğunu göstermiştir ($p = 0.000$) (Tablo 23E). BNL3545-1702 markörüne göre veya BNL1495-231 markörüne göre seleksiyon arasında istatistiksel olarak anlamlı bir farklılık belirlenmemiştir ($p > 0.05$), bu iki negatif allelden herhangi biri üzerindeki yapılacak seleksiyonun daha uzun lif uzunluğu ile sonuçlanacağı beklenmektedir. Ayrıca, lif uzunluğu karakterlerini taşıyan grup, diğer gruptan istatistiksel olarak anlamlı derecede daha ince liflere de sahip olduğu görülmüştür ($p = 0.01$) (Tablo 23F), bu durum, markör lokuslarının, lif uzunluğu ve inceliğinin birlikte seçilmesinde etkili olabileceğini göstermektedir.

Yürütülen bu çalışmada, lif mukavemeti için iki pozitif allel belirlenmiştir (BNL1495-242 ve BNL3545-120). Bu nedenle, her iki allele sahip olan bireyler bir gruba ve geri kalan bireyler

ise ikinci gruba ayrılmıştır. Beklendiği gibi, birinci grup ikinci gruba göre istatistiksel olarak daha anlamlı derecede daha güçlü liflere sahip olduğu görülmüştür ($p = 0,004$) (Tablo 23G). Ek olarak, herhangi bir pozitif alleli (BNL1495-242 veya BNL3545-120) olan bireyler gruplanmış ve geri kalan bireyler ise diğer gruba atanmıştır. Benzer şekilde, birinci grupta ($p = 0.003$) (Tablo 23H) önemli ölçüde daha yüksek düzeyde lif mukavemeti gözlenmiştir. Bu durumda, en az bir pozitif allelin varlığının daha güçlü liflere katkıda bulunmak için yeterli olacağını göstermiştir.

Tablo 23 QTL-karakter ilişkilerinin doğrulanması için yapılan istatistiksel analiz sonuçları.

(A) Kütlü pamuk verimi				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Grup 0	462.5	14.38	58.8	708.5
Grup 1	515.8	16.60	204.9	922.9
Toplam	481.5	11.14	58.8	922.9
<i>p value = 0.021</i>				

*Grup 0, pozitif allel, BNL2495₂₁₅, taşımayan bireyler grubu
Grup 1, pozitif allel BNL2495₂₁₅, taşıyanlar grubu

(B) Randıman				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Grup 0	40.4	0.17	37.5	43.7
Grup 1	41.2	0.12	36.5	47.4
Grup 2	42.1	0.27	38.3	46.3
Toplam	41.1	0.10	36.5	47.4
<i>p value = 5.8E-7</i>				

*Grup 0, herhangi bir pozitif allel taşımayanlar grubu
Grup 1 iki pozitif allelden herhangi birini, BNL1495₂₃₆ or DPL322₂₂₇, taşıyanlar grubu
Grup 2 her iki pozitif alleli birden, BNL1495₂₃₆ and DPL322₂₂₇, taşıyanlar grubu

(C) Randıman				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Grup 0	40.26	0.15	36.53	43.58
Grup 1	41.02	0.17	38.05	47.40
Grup 2	41.47	0.15	37.52	45.62
Grup 3	42.16	0.37	38.96	46.34
Toplam	41.13	0.10	36.53	47.40
<i>p value = 1.17E-7</i>				

*Grup 0, üç negatif alleli birden (DOW050₂₀₅, JESPR274₁₆₁ and DPL322₂₁₈) taşıyanlar grubu
Grup 1, herhangi bir negatif alleli içermeyenler grubu (DOW050₂₀₅ veya JESPR274₁₆₁ veya DPL322₂₁₈)
Grup 2, herhangi iki negatif alleli içermeyenler grubu (DOW050₂₀₅ ve JESPR274₁₆₁ ya da DOW050₂₀₅ ve DPL322₂₁₈ ya da JESPR274₁₆₁ ve DPL322₂₁₈).

Grup 3, üç negatif alleli de içermeyenler grubu

(D) Lif uzunluğu				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Grup 0	30.0	0.07	26.1	33.8
Grup 1	30.6	0.31	27.0	33.2
Toplam	30.1	0.07	26.1	33.8
$p = 0.029$				

*Grup 0, arzu edilen herhangi bir allel kombinasyonu içermeyenler grubu.

Grup 1, bir pozitif alleli içeren (BNL3545₁₈₁) ve aynı zamanda iki negatif alleli (BNL3545₁₇₀ ve BNL1495₂₃₁) de içermeyenler grubu.

(E) Lif uzunluğu				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Group 0	29.7	0.09	26.1	33.6
Group 1	30.3	0.09	27.0	33.8
Toplam	30.1	0.07	26.1	33.8
$p \text{ value} = 3.5E-6$				

*Grup 0 arzu edilen herhangi bir allel kombinasyonu içermeyenler grubu.

Grup 1, iki negatif allelden (BNL3545₁₇₀ and BNL1495₂₃₁) herhangi birini içermeyen veya bir pozitif alleli (BNL3545₁₈₁) içeren bireyler grubu

(F) Lif inceliği (Lif uzunluğuna ait pozitif alleler bazında)				
Grup*	Ortalama	SH	Minimum	Maksimum
Grup 0	4.68	0.03	3.1	5.6
Grup 1	4.57	0.03	3.6	5.4
Toplam	4.62	0.02	3.1	5.6
$p \text{ value} = 0.01$				

*Grup 0, lif uzunluğu için arzu edilen herhangi bir allel kombinasyonu içermeyenler grubu.

*Grup 1, lif uzunluğu için arzu edilen herhangi bir allel kombinasyonu içerenler grubu. Bu bireyler aynı zaman daha ince liflere sahip olması istatistiksel olarak anlamlı bulundu.

4.7. Biyoinformatik Analizleri

SSR markörlerin sekans bilgisi “ CMD - Cotton Marker Database” <http://cottonmarker.org/> sitesinden indirilmiştir. Tablo 24’de ilgili karakterlerle ilişkili bulunan SSR markörlerinin DNA sekans bilgileri NCBI veritabanında bulunan *Gossypium hirsutum*’a ait referans genom sekans (genome assembly) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome?term=Gossypium+hirsutum%5Borgn%5D&cmd=DetailsSearch>) (G. hirsutum (assembly ASM98774v1) bilgisine karşı “BLAST” edilmiştir. Bu analizler sonucunda, ilgili markör pozisyonlarının 100-200 kb arasındaki genlerin mevcudiyetine bakılmıştır. Analiz sonucunda BNL3545 karakterize edilmemiş bir genin içerisinde olduğu bulunmuştur. Bu markör çevresinde sayıca fazla karakterize edilmemiş genin de mevcut olduğu görülmüştür.

Table 24 İlişkilendirme analizi sonucunda önemli bulunan markörlerin çevresindeki genler

Markör Lokus Adı	chr	Başlangıç	Bitiş	Gen ID	Gen	Lokasyon Aralığı
BNL14 95	15	85,886,66 8	85,886,75 7	LOC10789 4187	Karakterize edilmemiş	
	15			LOC10789 4190	dehydrodolichyl diphosphate syntase complex subunit nus1-like	85849206..858529 47
	15			LOC10789 4191	deSI-like protein At4g17486	85855966..858582 57
	15			LOC10789 4188	BURP domain- containing protein 13-like	85834537..858356 78
	15			LOC10789 4192	dolichyl- diphosphooligosacch aride--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit-like	85859833..858635 12
	15			LOC10789 4952	putative lipid-transfer protein DIR1	
DPL32 2	25	18,824,62 8	18,825,20 0	LOC10792 1588	lipase-like	18848733..188505 42
	25			LOC10792 1002	DEAD-box ATP- dependent RNA helicase 56-like	18719278..187235 24
	25			LOC10792 1108	F-box protein At1g70590-like	19000419..190021 93
	23	52,198,24 9	52,229,31 2	LOC10791 7465	coilin-like	52198249..522293 12
	23			LOC10791 6597	protein-tyrosine- phosphatase MKP1- like	52193628..521979 40
JESPR 274	13	24,191,73 8	24,191,87 6	LOC10788 8795	cyclin-dependent kinase D-3-like	24181059..241864 92
				LOC10788 8797	histidine biosynthesis bifunctional protein hisIE, chloroplastic- like	24261203..242642 13
				LOC10788 8798	peroxisome biogenesis protein 3- 2-like	24272202..242809 63
BNL24 95	5	45,762,60 7	45,763,14 6	LOC10794 6467	phosphoenolpyruvat e carboxylase 4-like	45737220..457491 44



	5			LOC10994 6468	G-type lectin S- receptor-like serine/threonine- protein kinase SD2-5	40167935..401722 43
	5			LOC10794 6464	protein MIZU- KUSSEI 1-like	45718066..457191 60
BNL35 45	2	105,960,9 17	105,961,2 76	LOC10790 2825	Karakterize edilmemiş	105938144..10596 1767
	2			LOC10790 2872	Karakterize edilmemiş	105963993..10596 6370
	2			LOC10790 2881	Karakterize edilmemiş	105969376..10597 1559
	2			LOC10790 2856	NAC domain- containing protein 86-like	105953963..10595 6098
	2			LOC10790 2846	Karakterize edilmemiş	105949026..10595 1335
	2			LOC10790 2802	protein NLP9-like	105932784..10593 8042
	2			LOC10790 6109	Karakterize edilmemiş	105979196..10598 0112

5. Sonuç

Yürütülen bu çalışmada pamuk genomu için tanımlanmış olan 105 adet SSR marköründen oluşan temel SSR markör seti kullanılmıştır. Bu çalışmada temel markör seti içerisinde seçilen 52 adet SSR markörü 157 adet RIL bireyinden oluşan popülasyona uygulanmıştır. Toplamda 105 SSR markörü 379 lokus üretmiştir. Pamuk, özellikle Upland pamuğu, binlerce yıldır arzu edilen karakterler bakımından doğrudan seleksiyon ile ıslaha tabi tutulmaktadır. Uzun süredir uygulanan tarım ve ıslah, pamuk genomunda dramatik bir şekilde genetik daralmaya yol açmıştır. Bu genel bilgiye uygun olarak, yürütülen bu çalışmada da yapılan genetik analizler sonucunda, RIL popülasyonun, ortalama %14 oranı gibi oldukça düşük düzeyde genetik çeşitliliğe sahip olduğu gösterilmiştir. Bu durumda, pamukta genetik darboğazın varlığına diğer bir kanıt oluşturmuştur. Bu sonuçlara rağmen, bu çalışma sonucunda hangi bireylerin daha fazla/az düzeyde genetik çeşitliliğe sahip oldukları ortaya çıkarılmıştır. Bu bilgilerin, ileriki ıslah çalışmalarında RIL popülasyonu içerisinde seçilen bireyler ile, modern pamuk çeşitlerinin geliştirilmesinde kullanılacak gen havuzundaki genetik çeşitlilik düzeyinin artırılmasında faydalı olacağı beklenmektedir. Genetik düzeyde birbirine yakın ve uzak bireylerin kimliklerinin belirlenmiş olması ıslah programları için materyal seçiminde doğru ve etkili kararlar verilmesine yardımcı olacaktır.

İlişkilendirme analizleri sonucunda lif kalite karakterleri ile $p < 0.005$ güvenilirlik derecesinde anlamlı olarak ilişkili bulunan 13 kantitatif karakter lokusu (QTL) tanımlanmıştır. Anlamlı olarak tanımlanan lokuslar, modern pamuk çeşitlerinin lif kalite karakterleri bakımından



ıslahında yardımcı olacağı beklenmektedir. Klasik ıslaha moleküler markör yöntemlerinin entegre edilmesi ile ıslah çalışmaları daha etkin ve nispeten daha hızlı olarak gerçekleştirilebilmektedir. Islah programlarına ilgili karakterler ile ilişkili olarak belirlenen SSR lokuslarını hedef alan çalışmalar dahil edildiğinde faydalı sonuçlar alınabilmektedir.

Klasik ıslah çalışmalarında, yakın akrabalıktan kaynaklı genetik çeşitlilik depresyonu, genotipin çevre ile öngörülemez etkileşimi ve Mendel genetiğinin kanunlarına uymayan niceliksel özelliklerin karmaşık doğası gibi nedenlerle seçkin çeşitlerin geliştirilmesinde birçok zorlukla karşılaşmıştır. Geleneksel ıslah, zaman alıcı ve zahmetli bir iştir. Moleküler genetikteki gelişmeler, geleneksel ıslah yöntemleriyle birlikte kullanılacak olası araçları vaat etmektedir. Moleküler markör tabanlı stratejiler, ıslahta başarıya ulaşmak için zamandan ve iş yükünden tasarruf sağlar.

Yürütülen bu çalışma sonuunda aşağıda listelenen sonuçlara ulaşılmıştır:

- modern pamuk genotiplerinin kendi aralarında melezlenmesinden kaynaklanan genetik çeşitlilik depresyonu net bir şekilde tespit edilmiştir. Bu durum, genetik çeşitliliğin acilen genişletilmesi gerektiğini göstermiştir.
- çalışmada kullanılan RIL popülasyonunun pamuk ıslahında olumlu sonuç vaadinde bulunabilecek potansiyele sahip bireyleri içerdiği tespit edilmiştir.
- bununla birlikte, lif kalitesi özellikleriyle önemli ölçüde ilişkili olan DNA markörleri belirlenmiştir.
- ayrıca, pozitif ve negatif markör allelik etkileri olan özellikler için QTL kümeleri (sıcak QTL noktaları) belirlenmiştir.
- bu çalışma sonuçlarıyla birlikte anlamlı LD oluşturmada rolü olan fiziksel bağlantı dışındaki faktörlerin varlığını gösteren bağlantısız LD'nin önemi vurgulanmıştır.
- tüm bu sonuçları dikkate alındığında, lif kalitesi karakterlerinin; genetik bileşenler arasındaki dolaylı etkileşim kümelerinden, özelliklerin arkasındaki pleiotropik etkileşimlerden ve çevrenin genotipe karşı etkilerinden yola çıkarak oldukça karmaşık özellikler olduğu sonucuna varılmıştır.
- lif özellikleri için tüm küçük etki genlerini ayrı ayrı ortaya çıkarmak mümkün olmamıştır.

Bu nedenle bu çalışma sonuçlarına göre:

- lif kalitesi özellikleri, negatif bağlantı direnci (linkage drag) dikkate alınarak aynı anda geliştirilmelidir.
- moleküler markörler, özelliklerin iyileştirilmesine güç sağlamak için klasik ıslah programlarına entegre edilmelidir.
- negatif alellere karşı seçim, markör aracılıklı seleksiyonda pozitif alleller kadar dikkate alınmalıdır.



Kaynaklar

Blenda A., Fang D.D., J.F. Rami, O. Garsmeur, F. Luo, J.M. Lacape, A high density consensus genetic map of tetraploid cotton that integrates multiple component maps through molecular marker redundancy check, PLoS One. (2012) 7 (9), e45739.



- A. Rakshit, S. Rakshit, J. Singh, S.K. Chopra, H.S. Balyan, P.K. Gupta, S.R. Bhat, Association of AFLP and SSR markers with agronomic and fibre quality traits in *Gossypium hirsutum* L., *J. Genet.* (2010) 89, 155–162]
- A. Saeed, E. Elçi, Microsatellite-based characterization of cotton genotypes for *Verticillium* wilt and fiber quality traits, *Turk. J. Biochem.* (2017) 43(3), 277–288. doi:10.1515/tjb-2017-0169
- A. Shakeel, S. Ahmad, M. Naeem, M.H.N. Tahir, M.F. Saleem, S. Freed, W. Nazeer, Evaluation of *Gossypium hirsutum* L. genotypes for combining ability studies of yield and quality traits, *Iğdır Univ. J. Inst. Sci. & Tech.* (2012) 2(1): 67-74
- A.A Baytar, C. Peynircioğlu, V. Sezener, H. Basal, A. Frary, A. Frary, S. Doğanlar, Genome-wide association mapping of yield components and drought tolerance-related traits in cotton. *Mol. Breed.* (2018), 38(6). doi:10.1007/s11032-018-0831-0
- A.A. Abdullaev, I.B. Salakhutdinov, S.S. Egamberdiev, E.E. Khurshut, S.M. Rizaeva, M. Ulloa, I.Y. Abdurakhmonov, Genetic diversity, linkage disequilibrium, and association mapping analyses of *Gossypium barbadense* L. germplasm, *PLoS ONE.* (2017) 12(11): e0188125. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0188125>
- A.A. Baytar, C. Peynircioğlu, V. Sezener, H. Basal, A. Frary, A. Frary, S. Doğanlar, Identification of stable QTLs for fiber quality and plant structure in Upland cotton (*G. hirsutum* L.) under drought stress. *Ind. Crop. Prod.* (2018) 124, 776–786. doi: 10.1016/j.indcrop.2018.08.054
- A.A. Baytar, O. Erdogan, A. Frary, A. Frary, S. Doğanlar, Molecular diversity and identification of alleles for *Verticillium* wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm, *Euphytica.* (2017) 213, 31 <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1787-y>
- A.H. Paterson, R.H. Smith, Future horizons: biotechnology for cotton improvement. In: Smith, C.W., Cothren, J.T. (Eds.), *Cotton: Origin, History, Technology, and Production.* Wiley, Inc., New York, 1999, pp. 415–432.
- B. Stich, A.E. Melchinger, M. Frisch, H.P. Maurer, M. Heckenberger, J.C. Reif, Linkage disequilibrium in European elite maize germplasm investigated with SSRs, *Theor. Appl. Genet.* (2005) 111:723–730, doi:10.1007/s00122-005-2057-x
- B. Tang, J.N. Jenkins, C.E. Watson, J.C. McCarty, R.G. Creech, Evaluation of genetic variances and correlation for yield and fiber traits among cotton F2 hybrid populations, *Euphytica.* (1996) 91:315-322.
- B. Wang, L. Liu, D. Zhang, Z. Zhuang, H. Guo, X. Qiao, L. Wei, J. Rong, O.L. May, A.H. Paterson, P.W. Chee, A genetic map between *Gossypium hirsutum* and the Brazilian endemic *G. mustelinum* and its application to QTL mapping. *G3- Genes Genomes Genet.* (2016) 6 (6) 1673-1685, <https://doi.org/10.1534/g3.116.029116>



- B. Wang, W. Guo, X. Zhu, Y. Wu, N. Huang, T. Zhang, QTL mapping of yield and yield components for elite hybrid derived-RILs in upland cotton, *J. Genet. Genomics*. (2007) 34 (1), 35–45.
- B. Wang, X. Draye, Z. Zhuang, Z. Zhang, M. Liu, E.L. Lubbers, D. Jones, O.L. May, A.H. Paterson, P.W. Chee, QTL analysis of cotton fiber length in advanced backcross populations derived from a cross between *Gossypium hirsutum* and *G. mustelinum*, *Theor. Appl. Genet.* (2017) 130:1297–1308
- C. Cai, W. Ye, T. Zhang, W. Guo, Association analysis of fiber quality traits and exploration of elite alleles in Upland cotton cultivars/accessions (*Gossypium hirsutum* L.), *J. Integr. Plant Biol.* (2014) 56(1), 51–62. doi:10.1111/jipb.12124
- C. Dong, J. Wang, Y. Yu, L. Ju, X. Zhou, X. Ma... T. Zhang, Identifying functional genes influencing *Gossypium hirsutum* fiber quality, *Front. Plant Sci.* (2019) 9,1968. doi: 10.3389/fpls.2018.01968
- C. Huang, C. Shen, T. Wen, B. Gao, D. Zhu, X. Li, ... Z. Lin, SSR-based association mapping of fiber quality in upland cotton using an eight-way MAGIC population. *Mol. Genet. Genomics*. (2018) 293, 793. doi: 10.1007/s00438-018-1419-4
- C. Shen, N. Wang, C. Huang, M. Wang, X. Zhang, Z. Lin, Population genomics reveals a fine-scale recombination landscape for genetic improvement of cotton, *Plant J.* (2019) 99 (3) 494-505.
- C.E. Grover, M.-J. Yoo, M. Lin, M.D. Murphy, D.B. Harker, R.L. Byers, A.E. Lipka, G. Hu, D. Yuan, J.L. Conover, J.A. Udall, A.H. Paterson, M.A. Gore, J.F. Wendel, genetic analysis of the transition from wild to domesticated cotton (*G. hirsutum* L.), *G3- Genes Genomes Genet.* (2019) g3.400909.2019. doi:10.1534/g3.119.400909
- C.L. Brubaker, F.M. Bourland, J.E. Wendel, The origin and domestication of cotton. In CW Smith, JT Cothren, eds *Cotton: Origin, History, Technology, and Production*. John Wiley and Sons, Inc., New York, 1999, 3-31.
- D.A. Earl, B.M. vonHoldt, STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, *Conserv. Genet. Resour.* (2012) 4, 359–361.
- D.D. Fang, J.N. Jenkins, D.D. Deng, J.C. McCarty, P. Li, J. Wu, Quantitative trait loci analysis of fiber quality traits using a random-mated recombinant inbred population in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *BMC Genomics*. (2014) 15, 397. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-397>
- D.D. Fang, J.Z. Yu, Addition of 455 Microsatellite marker loci to the high-density gossypium *hirsutum* tm-1 x *g. barbadense* 3-79 genetic map, *J. Cotton Sci.* (2012) 16:229-248
- D.D. Fang, L.L. Hinze, R.G. Percy, P. Li, D. Deng, G. Thyssen, A microsatellite-based genome-wide analysis of genetic diversity and linkage disequilibrium in Upland cotton



- (*Gossypium hirsutum* L.) cultivars from major cotton-growing countries, *Euphytica*. (2013) 191(3), 391–401. doi:10.1007/s10681-013-0886-2
- E. Harem, Türkiye pamuk çeşit kataloğu, Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü Pamuk Araştırma İstasyonu Müdürlüğü, Yayın No:74 Nazilli 2014
- E. Karademir, C. Karademir, R. Ekininci, O. Gencer, Relationship between yield, fiber length and other fiber-related traits in advanced cotton strains, *Not. Bot. Horti Agrobot. Cluj-Napoca*. (2010) 38(3), 111-116. <https://doi.org/10.15835/nbha3834889>
- E.B. Reynolds, D.T. Killough, The effect of fertilizers and rainfall on the length of the cotton fiber, *J. Am. Soc. Agron.* (1933) 25:756-764.
- E.S. Ersoz, J. Yu, E.S. Buckler, Applications of linkage disequilibrium and association mapping in crop plants. *Genomics-assisted crop Improvement-Springer Dordrecht* (2007) 97–120.
- E.S. Khokhar, A. Shakeel, M.A. Maqbool, M.W. Anwar, Z. Tanveer, M.F. Irfan, Genetic study of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes for different agronomic, Yield and quality traits. *Pak. J. Agric. Res.* (2017) 30(4): 363-372.
- F.M. Azhar, M. Naeem, Assessment of cotton (*Gossypium hirsutum*) germplasm for combining abilities in fiber traits. *J. Agric. Soc. Sci.* (2008) 4:129-131
- F.M. Azhar, M. Naveed, A. Ali, Correlation analysis of seed cotton yield with fiber characteristics in *Gossypium hirsutum* L., *Int. J. Agri. Biol.* (2004) Vol. 6, No. 4.
- G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet, Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study, *Mol. Ecol.* (2005) 14,2611–2620
- G.A. Huttley, M.W. Smith, M. Carrington, S.J. O'Brien, A scan for linkage disequilibrium across the human genome, *Genetics*. (1999) 152:1711–1722
- G.N. Stroman, Variability and correlation in a cotton breeding program, *J. Agric. Res.* (1949) 78:353–364.
- G.S. Miglani, *Advanced Genetics*. CRC Press, 2002
- H. Mei, X. Zhu, T. Zhang, Favorable QTL alleles for yield and its components identified by association mapping in Chinese Upland cotton cultivars, *PLoS One*. (2013) 8(12): e82193. DOI: 10.1371/journal.pone.0082193
- H. Qin, M. Chen, X. Yi, S. Bie, C. Zhang, Y. Zhang, j. Lan, Y. Meng, Y. Yuan, C. Jiao, Identification of associated ssr markers for yield component and fiber quality traits based on frame map and Upland cotton collections, *PLoS ONE*. (2015) 10(1): e0118073. doi: 10.1371/journal.pone.0118073
- H. Wang, X. Jin, B. Zhang, C. Shen, Z. Lin, Enrichment of an intraspecific genetic map of upland cotton by developing markers using parental RAD sequencing. *DNA research: an international journal for rapid publication of reports on genes and genomes*. 2015 Feb 5.



- I.Y. Abdurakhmonov, R.J. Kohel, J.Z. Yu, A.E. Pepper, A.A. Abdullaev, F.N. Kushanov, I.B. Salakhutdinov, Z.T. Buriev, S. Saha, B.E. Scheffler, J.N. Jenkins, A. Abdukarimov, Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germplasm, *Genomics*. (2008) 92: 478–487.
- I.Y. Abdurakhmonov, S. Saha, J.N. Jenkins, Z.T. Buriev, S.E. Shermatov, B.E. Scheffler, A.E. Pepper, J.Z. Yu, R.J. Kohel, A. Abdukarimov, Linkage disequilibrium based association mapping of fiber quality traits in *G. hirsutum* L. variety germplasm, *Genetica*. (2009) 136:401–417.29.
- I.Y. Abdurakhmonov, Z.T. Buriev, S.E. Shermatov, F.N. Kushanov, A. Makamov, U. Shopulatov, O. Turaev, T. Norov, C. Akhmedov, M. Mirzaakhmedov, A. Abdukarimov, Utilization of natural diversity in Upland cotton (*G. hirsutum*) germplasm collection for pyramiding genes via marker-assisted selection program. 2010, International Cotton Advisory Committee.
- J. Farooq, M. Anwar, M. Riaz, A. Farooq, A. Mahmood, M.T.H. Shahid, M.S. Rafiq, F. Ilahi, Correlation and path coefficient analysis of earliness, fiber quality and yield contributing traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *JAPS*. (2014) 24(3), 781–790.
- J. Wu, O.A. Gutierrez, J.N. Jenkins, J.C. McCarty, J. Zhu, Quantitative analysis and QTL mapping for agronomic and fiber traits in an RI population of upland cotton, *Euphytica*. (2009) 165:231–245. doi: 10.1007/s10681-008-9748-8
- J. Yu, K. Zhang, S. Li, Y. Yu, H. Zhai, M. Wu, X. Li, S. Fan, M. Song, D. Yang, Y. Li, J. Zhang, Mapping quantitative trait loci for lint yield and fiber quality across environments in a *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense* backcross inbred line population, *Theor. Appl. Genet.* (2013) 126:275–287.
- J. Zhang, Y. Lu, R.G. Cantrell, E. Hughs, Molecular marker diversity and field performance in commercial cotton cultivars evaluated in the Southwestern USA, *Crop Sci.* (2005) 45: 1483-1490.
- J.D. Storey, A direct approach to false discovery rates, *J. R. Stat. Soc. Ser. B Stat. Methodol.* (2002) 64, 479–498.
- J.E. Frelichowski, M.B. Palmer, D. Main, J.P. Tomkins, R.G. Cantrell, D.M. Stelly, J. Yu, R.J. Kohel, M. Ulloa, Cotton genome mapping with new microsatellites from Acala “Maxxa” BAC-ends, *Mol. Genet. Genomics*. (2006) 275:479–491. doi: 10.1007/s00438-006-0106-z
- J.F. Moore, Cotton Classification and Quality. p. 51–57. In E.H. Glade Jr., L.A. Meyer, and H. Stults (ed.) *The cotton industry in the United States*. USDA-ERS Agric. Econ. Rep. 739. U.S. Gov. Print. Office, Washington, DC, 1996.
- J.G.K. Dever, The influence of cotton fiber properties on the effectiveness of lint cleaning in ginning (Doctoral thesis), Graduate Faculty of Texas Tech University, USA, 1986



- J.I. Weller, J.Z. Song, D.W. Heyen, H.A. Lewin, M. Ron, A new approach to the problem of multiple comparisons in the genetic dissection of complex traits, *Genetics*. (1998) 150, 1699–1706.
- J.J. Doyle, J.L. Doyle, A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue, *Phytochem. Bull.* (1987) 19, 11–15.
- J.K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly, Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics*. (2000) 155, 945–959.
- J.M. Lacape, D. Dessauw, M. Rajab, J.L. Noyer, B. Hau, Microsatellite diversity in tetraploid *Gossypium* germplasm: assembling a highly informative genotyping set of cotton SSRs, *Mol. Breed.* (2007) 19, 45–58.
- J.R. Gipson, H.E. Joham, Influence of night temperature on growth and development of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) III. fiber elongation, *Crop Sci.* (1969), 9: 127–129
- J.R. Mendez-Natera, A. Rondon, J. Hernandez, J.F. Merazo-Pinto, Genetic study in Upland cotton. Three genetic parameters, correlation and path analysis, *SABRAO J. Breed. Genet.* (2012) 44:112-128.
- J.Z. Yu, M. Ulloa, S.M. Hoffman, R.J. Kohel, A.E. Pepper, D.D. Fang, R.G. Percy, J.J. Burke, Mapping genomic loci for cotton plant architecture, yield components, and fiber properties in an interspecific (*Gossypium hirsutum* L. × *G. barbadense* L.) RIL population, *Mol. Genet. Genomics: MGG.* (2014)
- K. Zhang, J. Zhang, J. Ma, S.Y. Tang, D.J. Liu, Z.H. Teng, D.X. Liu, Z.S. Zhang, Genetic mapping and quantitative trait locus analysis of fiber quality traits using a three-parent composite population in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Mol. Breed.* (2012) 29(2) 335-348
- K.G. Ardlie, L. Kruglyak, M. Seielstad, Patterns of linkage disequilibrium in the human genome, *Nat. Rev. Genet.* (2002) 3, 299–309.
- L. Chaudhary, A. Sindhu, M. Kumar, R. Kumar, M. Saini, Estimation of genetic divergence among some cotton varieties by RAPD analysis, *J. Plant Breed. Crop Sci.* (2010) 2(3):039–43.
- L. Hinze, J. Dever, R. Percy, Molecular variation among and within improved cultivars in the U.S. Cotton Germplasm Collection, *Crop Sci.* (2012) 52:222–230.
- L. Kruglyak, Prospects for whole-genome linkage disequilibrium mapping of common disease genes, *Nat. Genet.* (1999) 22, 139–144.
- L. Ma, Y. Wang, B. Ijaz, J. Hua, Cumulative and different genetic effects contributed to yield heterosis using maternal and paternal backcross populations in Upland cotton, *Sci. Rep.* (2019) 9(1). doi:10.1038/s41598-019-40611-9



- L. Shang, A. Abduweli, Y. Wang, J. Hua, Genetic analysis and QTL mapping of oil content and seed index using two recombinant inbred lines and two backcross populations in upland cotton, *Plant Breed.* (2016) 135:224–231.
- L.H. Zeng, W.R. Meredith, O.A. Gutierrez, D.L. Boykin, Identification of associations between SSR markers and fiber traits in an exotic germplasm derived from multiple crosses among *Gossypium* tetraploid species. *Theor. Appl. Genet.* (2009) 119:93-103. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1020-7>
- M. Asif, J.I. Mirza, Y. Zafar, Genetic analysis for fiber quality traits of some cotton genotypes, *Pak. J. Bot.* (2008) 40: 1209-1215.
- M. Naoumkina, G.N. Thyssen, D.D. Fang, J.N. Jenkins, J.C. McCarty, C.B. Florane, Genetic and transcriptomic dissection of the fiber length trait from a cotton (*Gossypium hirsutum* L.) MAGIC population, *BMC Genomics.* (2019) 20(1). doi:10.1186/s12864-019-5427-5
- M. Nordborg, J.O. Borevitz, J. Bergelson, C.C. Berry, J. Chory, J. Hanblad, M. Kreitman, J. N. Maloof, T. Noyes, P. J. Oefner, E. A. Stahl, D. Weigel, The extent of linkage disequilibrium in *Arabidopsis thaliana*, *Nat. Genet.* (2002) 30:90–193. doi:10.1038/ng813
- M. Seyoum, X. M. Du, S.P. He, Y.H. Jia, Z. Pan, J.L. Sun, Analysis of genetic diversity and population structure in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm using simple sequence repeats, *J. Genet.* (2018) 97(2), 513–522. doi:10.1007/s12041-018-0943-7
- M. Ulloa, J.W.R. Meredith, Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population, *J. Cotton Sci.* (2000) 4:161-170.
- M. Wang, L. Tu, D. Yuan, D. Zhu, C. Shen, J. Li, et al. Reference genome sequences of two cultivated allotetraploid cottons, *Gossypium hirsutum* and *Gossypium barbadense*, *Nat. Genet.* (2019) 51, 224–229. doi: 10.1038/s41588-018-0282-x
- M. Yaqoob, S. Fiaz, B. Ijaz, Correlation analysis for yield and fiber quality traits in upland cotton, *Commun. Plant Sci.* (2016) 6. 55-60.
- M.A. Ali, I.A. Khan, S.I. Awan, S. Ali, S. Niaz, Genetics of fibre quality traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Aust. J. Crop Sci.* (2008) 2: 10-17
- M.A. Iqbal, M. Rahman, Identification of marker-trait associations for lint traits in cotton, *Front. Plant Sci.* (2017) 8:86. doi: 10.3389/fpls.2017.00086
- M.A. Khalid, T.A. Malik, N. Fatima, A. Shakeel, I. Karim, M. Arfan, S. Merrium, P. Khanum, Correlation for economic traits in Upland cotton, *ASAG 2.10* (2018) 59-62.
- M.S. Ademe, S. He, Z. Pan, J. Sun, Q. Wang, H. Qin, ... X. Du, Association mapping analysis of fiber yield and quality traits in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Mol. Genet. Genomics.* (2017) 292(6):1267-1280. <https://doi.org/10.1007/s00438-017-1346-9>
- O.A. Pope, J.O. Ware, Effect of variety, location, and season on oil, protein, and fuzz of cottonseed and on fiber properties of lint, United States Department of Agriculture, Tech. Bull. No. 903. 1945.



- O.B. Silva-Junior, D. Grattapaglia, Genome-wide patterns of recombination, linkage disequilibrium and nucleotide diversity from pooled resequencing and single nucleotide polymorphism genotyping unlock the evolutionary history of *Eucalyptus grandis*, *New Phytol.* (2015) 208(3), 830–845. doi:10.1111/nph.13505
- O.L. May, Genetic variation in fiber quality. In: Basra AS, editor. *Cotton fibers: developmental biology, quality improvement, and textile processing*. New York: Haworth Press. 1999. 183–229
- O.L. May, K.E. Lege, Development of the World Cotton Industry. C.W. Smith, J.T. Cothren (Eds.). John Wiley & Sons. 1999, pp: 70-79.
- P. Chee, X. Draye, C. X. Jiang, L. Decanini, T. Delmonte, R. Bredhauer, C.W. Smith, A.H. Paterson, Molecular dissection of interspecific variation between *Gossypium hirsutum* and *Gossypium barbadense* (cotton) by a backcross-self approach: III. Fiber length, *Theor. Appl. Genet.* (2005) 111: 772-781.
- P. Tyagi, M.A. Gore, D.T. Bowman, B.T. Campbell, J.A. Udall, V. Kuraparthi, Genetic diversity and population structure in the US Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Theor. Appl. Genet.* (2014) 127 283-295. 10.1007/s00122-013-2217-3.
- P.J. Bradbury, Z. Zhang, D.E. Kroon, T.M. Casstevens, Y. Ramdoss, E.S. Buckler, TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples, *Bioinformatics* (2007) 23, 2633–2635.
- Q. Liang, C. Hu, H. Hua, Z. Li, J. Hua, Construction of a linkage map and QTL mapping for fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Chinese science bulletin Kexue tongbao.* (2013) 58(26):3233-3243.
- Q. Wan, Z. Zhang, M. Hu, L. Chen, D. Liu, X. Chen, ... J. Zheng, T1 locus in cotton is the candidate gene affecting lint percentage, fiber quality and spiny bollworm (*Earias* spp.) resistance, *Euphytica.* (2007) 158(1-2), 241–247. doi:10.1007/s10681-007-9446-y
- R. Dhivya, P. Amalabalu, R. Pushpa, D. Kavithamani, Variability, heritability and genetic advance in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *Afr. J. Plant Sci.* (2014) 8(1), 1–5. doi:10.5897/ajps2013.1099
- R. Liu, J. Gong, X. Xiao, Z. Zhang, J. Li, A. Liu, Q. Lu, H. Shang, Y. Shi, Q. Ge, M.S. Iqbal, X. Deng, S. Li, J. Pan, L. Duan, Q. Zhang, X. Jiang, X. Zou, A. Hafeez, Q. Chen, H. Geng, W. Gong, Y. Yuan, GWAS Analysis and QTL identification of fiber quality traits and yield components in Upland cotton using enriched high-density SNP markers, *Front. Plant Sci.* (2018) 9:1067.
- R. Peakall, P.E. Smouse, GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update, *Bioinformatics.* (2012) 28, 2537–2539.
- R. Peakall, P.E. Smouse, GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research, *Mol. Ecol. Notes* (2006) 6, 288–295.



- R.G. Hanson, E.C. Ewing, E.C. Ewing Jr, Effect of environmental factors on fiber properties and yield of deltapine cottons, *Agron. J.* (1956) 48: 546–581, 1956.
- R.G. Percy, R.G. Cantrell, J. Zhang, Genetic variation for agronomic and fiber properties in an introgressed recombinant inbred population of cotton, *Crop Sci.* (2006) 46(3), 1311. doi:10.2135/cropsci2005.08-0284
- Ş. Balcı, V. Çınar, A. Ünay, A Study on genetic advance and heritability for quantitative traits in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, (2020) 17 (1), 81-84. DOI: 10.25308/aduziraat.709514
- S. Gordon, Y.L. Hsieh (Eds.), *Cotton Science and Technology*. CRC Press, 2007.
- S. Kuzay, P.H. Conaty, A. Palkovic, P. Gepts, Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity? (2020) Doi: 10.1002/csc2.20032
- S.E. Shermotov, Z.T. Buriev, A. Makamov, U. Shopultov, F.N. Kushanov, G.T. Mavlonov, Abdurakhmonov. *Proceedings of International Cotton advisory committee 69th Plenary Meeting; 20-25th September 2010; Lubbock, Texas USA*
- S.W. Zhang, X.F. Zhu, L.C. Feng, X. Gao, B. Yang, T.Z. Zhang, B.L. Zhou, Mapping of fiber quality QTLs reveals useful variation and footprints of cotton domestication using introgression lines, *Sci. Rep.* (2016) 6:31954.
- T. Zhang, N. Qian, X. Zhu, H. Chen, S. Wang, H. Mei, Y. Zhang, Variations and Transmission of QTL Alleles for Yield and Fiber Qualities in Upland Cotton Cultivars Developed in China, *PLoS ONE*. (2013) 8(2): e57220. doi: 10.1371/journal.pone.0057220
- T.F. Mackay, Q&A: Genetic analysis of quantitative traits, *J. Biol.* (2009) 8(3), 23. doi:10.1186/jbiol133
- T.H. Kearney, Lint Index and lint percentage in cotton breeding, *J. Hered.* (1912) 7(1) pp 25–29, <https://doi.org/10.1093/jhered/os-7.1.25>
- USDA (The United States Department of Agriculture), *Agricultural Marketing Service, The Classification of Cotton Agricultural Handbook*, 566, (2018)
- USDA, 2020 <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/advQuery> (accessed 16 June 2020)
- V.K. Bhagasara, B.R. Ranwah, B.L. Meena, R. Khan, Estimation of GCV, PCV, heritability and genetic gain for yield and its related components in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench], *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* (2017) 6(5): 1015-1024. doi: doi.org/10.20546/ijcmas.2017.605.110
- W.Kruijer, M.P. Boer, M. Malosetti, P.J. Flood, B. Engel, R. Kooke, ... F.A. van Eeuwijk, Marker-based estimation of heritability in immortal populations, *Genetics*. (2014) 199(2), 379–398. doi:10.1534/genetics.114.167916



- WWO, 2013 <https://www.worldweatheronline.com/aydin-weather-history/aydin/tr.aspx> (accessed 28 July 2020)
- X. Li, M. Wu, G. Liu, W. Pei, H. Zhai, J. Yu, H. Zhang, S. Yu, Identification of candidate genes for fiber length quantitative trait loci through RNASeq and linkage and physical mapping in cotton. *BMC Genomics*. (2017) 18(427):3-12. DOI: 10.1186/s12864-017-3812-5
- X. Nie, C. Huang, C. You, W. Li, W. Zhao, C. Shen, B. Zhang, H. Wang, Z. Yan, B. Dai, M. Wang, Z. Zhang, Z. Lin, Genome-wide SSR-based association mapping for fiber quality in nation-wide upland cotton inbred cultivars in China, *BMC Genomics*. (2016) 17:352. DOI: 10.1186/s12864-016-2662-x
- X. Perrier, J.P. Jacquemoud-Collet, DARwin software (2006) <http://darwin.cirad.fr/>
- Y. Benjamini, D. Yekutieli, Quantitative trait loci analysis using the false discovery rate, *Genetics*. (2005) 171 (2), 783–790. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.036699>.
- Y. Jia, X. Sun, Z. Pan, X. Wang, S. He, S. Xiao, W. Shi, Z. Zhou, B. Pang, L. Wang, J. Liu, J. Ma, X. Du, J. Zhu, Association mapping for epistasis and environment interaction of yield traits in 323 cotton cultivars under 9 different environments, *PLoS One*. (2014) 9:1-8, e95882. DOI: 10.1371/journal.pone.0095882
- Y. Zhao, H. Wang, W. Chen, Y. Li, Genetic Structure, Linkage Disequilibrium and Association Mapping of Verticillium Wilt Resistance in Elite Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Germplasm Population, *PLoS ONE*. (2014) 9(1): e86308. doi: 10.1371/journal.pone.0086308
- Y.H. Jia, J.L. Sun, X.W. Wang, Z.L. Zhou, Z.E. Pan, S.P. He, B.Y. Pang, L.R. Wang, X.M. Du, Molecular diversity and association analysis of drought and salt tolerance in *Gossypium hirsutum* L. germplasm, *J. Integr. Agric.* (2014) 13:1845–1853
- Y.H. Park, M.S. Alabady, M. Ulloa, B. Sickler, T.A. Wilkins, J. Yu, D.M. Stelly, R.J. Kohel, O.M. El-Shihy, R.G. Cantrell, Genetic mapping of new cotton fiber loci using EST-derived microsatellites in an interspecific recombinant inbred line cotton population, *Mol. Genet. Genomics*. (2005) 274:428–441. doi: 10.1007/s00438-005-0037-0
- Z. Wen, R. Tan, J. Yuan, C. Bales, W. Du, S. Zhang, ... D. Wang, Genome-wide association mapping of quantitative resistance to sudden death syndrome in soybean. *BMC Genomics*. (2014) 15, 809 <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-809>

**TÜBİTAK
PROJE ÖZET BİLGİ FORMU**

Proje Yürütücüsü:	Prof. Dr. SAMİ DOĞANLAR
Proje No:	119O677
Proje Başlığı:	Pamukta Lif Verimi ve Kalite Karakterleri için Kantitatif Karakter Lokus Analizleri
Proje Türü:	1002 - Hızlı Destek
Proje Süresi:	9
Araştırmacılar:	
Danışmanlar:	
Projenin Yürütüldüğü Kuruluş ve Adresi:	İZMİR YÜKSEK TEKNOLOJİ ENSTİTÜSÜ
Projenin Başlangıç ve Bitiş Tarihleri:	01/10/2019 - 01/07/2020
Onaylanan Bütçe:	45000.0
Harcanan Bütçe:	44908.42
Öz:	<p>Pamuk ıslahı çalışmalarında rutin olarak pedigrisi belli ebevenlerin melezlenmesi, açılım popülasyonlarının oluşturulması ve fenotipe dayalı seleksiyon işlemleri ile yürütülen çalışmalar pamuk gen havuzunu fark edilir bir şekilde daraltmış ve bunun neticesinde, günümüzdeki pamuk çeşitleri arasındaki genetik çeşitliliğin çok düşük düzeylerde kalmasına neden olmuştur. Pamuk ıslah çalışmalarında yıllardır aynı ıslah metodunun kullanılması, aynı ebevenlerin sürekli olarak ıslah çalışmalarında donör anaç olarak kullanımı ve pamuk ıslahçıların adapte olmamış germplazmaları kullanmak istememeleri yıllar süren klasik ıslahın sonucu olarak pamuk genomunda çeşitliliğin azalmasına neden olmuştur. Bu durumda, yapılan melezlemelerde rekombinantların ortaya çıkarılma şansını azaltmıştır. Dolayısıyla, pamuk ıslah çalışmalarında fenotipik ve genotipik olarak karakterize edilmiş germplazmaların oluşturulması; hem lif verimi ve kalitesi bakımından önemli karakterlerin genetik kontrollerinin anlaşılması ve marköre dayalı seleksiyon çalışmalarının başlatılması ve hemde oluşturulacak kombinasyon ıslahı çalışmalarında kullanılacak anaçların seçilmesi açısından önemlidir. Önerilen projede lif karakterleri bakımından iki yıl süreyle incelenmiş değişik kademelerdeki RIL popülasyonlarında moleküler markör analizleri yapılmıştır. Böylece, fenotipik ve genotipik olarak yüksek düzeyde çeşitliliğe sahip olan pamuk genotipleri belirlenmiş ve ayrıca ilişkilendirme analizleri ile agronomik karakterler bakımından ilişkili genom bölgeleri (markörler) tespit edilmiştir.</p>
Anahtar Kelimeler:	Pamuk, Lif kalitesi, kantitatif karakter lokusları, QTL, SSR, ilişkilendirme haritalaması
Fikri Ürün Bildirim Formu Sunuldu Mu?:	Hayır