

T.C.  
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI  
YÜKSEK LİSANS PROGRAMI  
2022-YL-002

**BAZI DÜNYA PAMUK GENOTİPLERİNİN İPBS (PRİMER  
ARASI BAĞLANMA YERİ)-RETROTRANSPOZON  
MARKIRLARI İLE GENETİK FARKLILIĞININ  
BELİRLENMESİ**

**Muhammed Ebrar ÇAYIR**  
**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DANIŞMAN**  
**Doç. Dr. Emre SEVİNDİK**

**AYDIN-2022**

## TEŐEKKÜR

Lisans ve Yüksek Lisans eğitimin süresince beni yetiřtiren, alıřmalarında ve yükseköğrenim hayatımda desteęini esirgemeyen, bilgisini her zaman benimle paylařan saygıdeęer danıřman hocam Do. Dr. Emre SEVİNDİK'e en içten duygularıyla sonsuz teőekkür ederim.

Tezin gerekleřtirilmesinde her türlü desteęi saęlayan Nazilli Pamuk Arařtırma Enstitüsü Müdürlüğüne teőekkürlerimi sunarım.

Laboratuvar alıřmalarım boyunca beni yalnız bırakmayan, hayatımın en önemli anlarına řahitlik eden, beraber alıřmaktan keyif aldıęım Orhan ARPACI'ya ok teőekkür ederim.

Beni bugünlere getiren, her zaman her konuda desteklerini benden esirgemeyen, hayatım boyunca aldıęım kararların arkasında duran aileme sonsuz teőekkür ederim.

Yükseköğrenim hayatım boyunca hep yanımda olan, sevgisini ve desteęini benden esirgemeyen, geri kalan hayatımı birlikte geçireceęim sevgili eřim Cemile AYIR'a en samimi duygularıyla teőekkür ederim.

Muhammed Ebrar AYIR

# İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY .....	i
TEŞEKKÜR .....	ii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	vii
RESİMLER DİZİNİ .....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	x
ÖZET .....	xi
ABSTRACT .....	xiii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Dünya Pamuk Üretimi ve Tüketimi.....	4
1.2. Türkiye Pamuk Ekim Alanları ve Üretimi .....	6
1.3. Moleküler Markırlar .....	7
1.3.1. iPBS (Primerler Arası Bağlanma Dizisi)-Retrotranspozon .....	9
1.3.1.1. Transpozonlar .....	9
1.3.1.2. Retrotranspozonların Sınıflandırılması, Hareket Mekanizmaları ve Yapıları.....	10
1.3.1.3. iPBS Markır Yöntemi .....	12
1.4. Filogenetik Ağaç .....	14
1.4.1. Karakter Temelli Yöntemler.....	14
1.4.2. Mesafe Temelli Yöntemler .....	15
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	16
3. MATERYAL VE YÖNTEM .....	21
3.1. Materyal.....	21
3.1.1. Bitki Örnekleri.....	21

3.1.2. Kullanılan Alet ve Cihazlar .....	23
3.1.3. Genomik DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar .....	24
3.1.4. PZR ve Elektroforez İçin Kullanılan Çözelti ve Kimyasallar .....	24
3.2. Yöntem .....	26
3.2.1. Çalışmada Kullanılan Malzemelerin Hazırlanması .....	26
3.2.2. Bitkilerin Ekimleri .....	26
3.2.3. DNA İzolasyonu .....	28
3.2.3.1. Bitki Genomik DNA İzolasyon Kiti (Hibrigen) Protokolü .....	28
3.2.4. DNA Miktarının ve Saflığının Belirlenmesi .....	29
3.2.4.1. Nanofotometre ile Ölçüm .....	29
3.2.5. DNA Örneklerinin Agaroz Jele Yüklenmesi .....	30
3.2.6. DNA Amplifikasyonu ve Primerler .....	31
3.2.7. iPBS-PZR Analizleri .....	32
3.2.8. PZR Ürününün Agaroz Jel Elektroforezi .....	33
3.2.9. Markır Analiz Sonuçlarının Skorlanması .....	35
3.2.10. PIC Değerlerinin Hesaplanması .....	35
3.2.11. Genetik Farklılığın Belirlenmesi .....	36
3.2.12. Temel Bileşenler Analizi .....	36
4. BULGULAR .....	37
4.1. Nanofotometre ile DNA Miktarının ve Saflığının Belirlenmesi .....	37
4.2. DNA İzolasyonu .....	38
4.3. iPBS-PZR Analizleri .....	39
4.4. PIC Değerleri .....	49
4.5. Genetik Farklılığın Belirlenmesi .....	50
4.6. Temel Bileşenler Analizi .....	53
5. TARTIŞMA .....	54

6. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	58
KAYNAKLAR.....	59
BİLİMSEL ETİK BEYANI.....	69
ÖZ GEÇMİŞ.....	70



## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<b>A,T,G,C</b>	:Adenin, Timin, Guanin, Sitozin
<b>cDNA</b>	:Complementary Deoxyribo Nucleic Acid
<b>DNA</b>	:Deoksiribo Nükleik Asit
<b>dsDNA</b>	:Double Strand Deoksiribo Nükleik Asit
<b>ICAC</b>	:International Cotton Advisory Committee
<b>iPBS</b>	:inter Primer Binding Sequences
<b>LTR</b>	:Long Terminal Repeat
<b>NTSYS</b>	: Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System
<b>OD</b>	:Optik Dansite
<b>PAUP</b>	: Phylogenetic Analysis Using Parsimony
<b>PCoA</b>	:Principal Component Analysis
<b>PCR</b>	:Polymerase Chain Reaction
<b>PIC</b>	: Polymorphic Information Content
<b>RNA</b>	:Ribo Nükleik Asit
<b>TAE</b>	:Tris Asetik Asit Edta
<b>TBE</b>	:Tris Borik Asit Edta
<b>UPGMA</b>	:Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Pamuğun kullanıldığı alanlar .....	3
Şekil 1.2. Türkiye pamuk ekim alanları .....	6
Şekil 1.3. Türkiye pamuk üretim alanları.....	7
Şekil 1.4. Bazı önemli bitki türlerindeki transpozon yüzdeleri.....	9
Şekil 1.5. Transpozonların sınıflandırılması ve hareket mekanizmaları .....	11
Şekil 1.6. LTR dizilerinin yapısı .....	12
Şekil 1.7. iPBS markır yöntemiyle çoğaltılan bölgenin yapısı .....	13
Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan pamuk çeşitlerinin Dünya haritasındaki orjinleri. ....	23
Şekil 4.1. iPBS sonuçları ile pamuk genotipleri arasındaki benzerliklere göre elde edilen dendogram.....	52
Şekil 4.2. iPBS markır ile yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan iki boyutlu grafik ve eigen değerleri. ....	53

## RESİMLER DİZİNİ

<b>Resim 3.1.</b> Çeşitlerin iklim odası koşullarındaki görüntüsü. ....	27
<b>Resim 3.2.</b> Tek bitki seyreltisi sonrası taze yaprak görüntüsü. ....	27
<b>Resim 3.3.</b> Örneklerin sıvı azotla havanda ezilmesi. ....	28
<b>Resim 3.4.</b> Nanofotometre ile DNA miktar ve saflık ölçümü.....	30
<b>Resim 3.5.</b> PZR ürününün hazırlanması. ....	32
<b>Resim 3.6.</b> Örneklerin Thermal Cycler cihazına yerleştirilmesi.....	33
<b>Resim 3.7.</b> PZR ürününün jele yüklenmesi.....	34
<b>Resim 3.8.</b> Yükleme jelinin son hali. ....	34
<b>Resim 3.9.</b> PZR ürününün agaroz jel elektroforezinde yürütülmesi.....	35
<b>Resim 4.1.</b> DNA izolasyonu sonrası pamuk çeşitlerinin (1-15) jel görüntüsü. ....	38
<b>Resim 4.2.</b> DNA izolasyonu sonrası pamuk çeşitlerinin (16-30) jel görüntüsü. ....	38
<b>Resim 4.3.</b> iPBS-2074 primerine ait jel görüntüsü. ....	39
<b>Resim 4.4.</b> iPBS-2075 primerine ait jel görüntüsü. ....	39
<b>Resim 4.5.</b> iPBS-2077 primerine ait jel görüntüsü. ....	40
<b>Resim 4.6.</b> iPBS-2232 primerine ait jel görüntüsü. ....	40
<b>Resim 4.7.</b> iPBS-2239 primerine ait jel görüntüsü. ....	40
<b>Resim 4.8.</b> iPBS-2249 primerine ait jel görüntüsü. ....	41
<b>Resim 4.9.</b> iPBS-2253 primerine ait jel görüntüsü. ....	41
<b>Resim 4.10.</b> iPBS-2272 primerine ait jel görüntüsü. ....	41
<b>Resim 4.11.</b> iPBS-2273 primerine ait jel görüntüsü. ....	42
<b>Resim 4.12.</b> iPBS-2276 primerine ait jel görüntüsü. ....	42
<b>Resim 4.13.</b> iPBS-2277 primerine ait jel görüntüsü. ....	42
<b>Resim 4.14.</b> iPBS-2279 primerine ait jel görüntüsü. ....	43



<b>Resim 4.15.</b> iPBS-2373 primerine ait jel görüntüsü. ....	43
<b>Resim 4.16.</b> iPBS-2374 primerine ait jel görüntüsü. ....	43
<b>Resim 4.17.</b> iPBS-2375 primerine ait jel görüntüsü. ....	44
<b>Resim 4.18.</b> iPBS-2376 primerine ait jel görüntüsü. ....	44
<b>Resim 4.19.</b> iPBS-2378 primerine ait jel görüntüsü. ....	44
<b>Resim 4.20.</b> iPBS-2379 primerine ait jel görüntüsü. ....	45
<b>Resim 4.21.</b> iPBS-2380 primerine ait jel görüntüsü. ....	45
<b>Resim 4.22.</b> iPBS-2381 primerine ait jel görüntüsü. ....	45
<b>Resim 4.23.</b> iPBS-2382 primerine ait jel görüntüsü. ....	46
<b>Resim 4.24.</b> iPBS-2385 primerine ait jel görüntüsü. ....	46
<b>Resim 4.25.</b> iPBS-2386 primerine ait jel görüntüsü. ....	46
<b>Resim 4.26.</b> iPBS-2387 primerine ait jel görüntüsü. ....	47
<b>Resim 4.27.</b> iPBS-2388 primerine ait jel görüntüsü. ....	47
<b>Resim 4.28.</b> iPBS-2390 primerine ait jel görüntüsü. ....	47
<b>Resim 4.29.</b> iPBS-2391 primerine ait jel görüntüsü. ....	48
<b>Resim 4.30.</b> iPBS-2392 primerine ait jel görüntüsü. ....	48
<b>Resim 4.31.</b> iPBS-2393 primerine ait jel görüntüsü. ....	48

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<b>Çizelge 1.1.</b> Dünya pamuk ekim alanları (Bin Ha).....	4
<b>Çizelge 1.2.</b> Dünya lif pamuk verimleri (Kg/Ha).....	4
<b>Çizelge 1.3.</b> Dünya lif pamuk üretimi (Bin Ton).....	5
<b>Çizelge 1.4.</b> Dünya lif pamuk tüketimi (Bin Ton).....	5
<b>Çizelge 3.1.</b> Çalışmada kullanılan pamuk çeşitleri ve özellikleri.....	22
<b>Çizelge 3.2.</b> Kit içeriği ve miktarları.....	24
<b>Çizelge 3.3.</b> Primerlerin özellikleri ve bağlanma sıcaklıkları.....	31
<b>Çizelge 4.1.</b> Pamuk çeşitlerinin DNA miktarları ve saflık değerleri.....	37
<b>Çizelge 4.2.</b> iPBS markırlarının karakterizasyon bilgileri.....	49
<b>Çizelge 4.3.</b> Pamuk genotiplerinin genetik mesafe matris değerleri.....	51

## ÖZET

### BAZI DÜNYA PAMUK GENOTİPLERİNİN iPBS (PRİMER ARASI BAĞLANMA YERİ)-RETROTRANSPOZON MARKIRLARI İLE GENETİK FARKLILIĞININ BELİRLENMESİ

**Çayır M.E. Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Programı, Yüksek Lisans Tezi, Aydın, 2022.**

**Amaç:** Bu araştırma 14 ülkeye ait 30 pamuk çeşidinin iPBS-retrotranspozon markır yöntemi ile genetik farklılıklarının ortaya çıkarılması amacı ile yapılmıştır.

**Materyal ve Yöntem:** Çalışmada Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü genetik stoğundan tedarik edilen 30 adet pamuk çeşidi yer almıştır. DNA izolasyonu, sera koşullarında yetiştirilen bitkilerin taze yapraklarından elde edilmiştir. 30 adet pamuk çeşidi için PZR'da 30 adet iPBS markır yöntemi kullanılarak genetik farklılıklar tespit edilmiştir.

**Bulgular:** NTSYS-pc 2.10e programında elde edilen genetik uzaklık matrisine göre birbirine en yakın genotiplerin AzGR-11468 (Azerbaycan) ile Maydos Yerlisi (Hindistan) arasında olduğu belirlenmiş ve aralarındaki benzerlik değeri 0,0318 olarak bulunmuştur. En uzak genotiplerin ise Hill Cotton 3 (Bangladeş) ile Shazbaz (Pakistan) arasında olduğu belirlenmiş ve aralarındaki benzerlik değeri 0,7572 olarak bulunmuştur. UPGMA metoduna göre oluşturulan dendogram incelendiğinde genotipler arasındaki benzerlik oranının 0,03 ile 0,69 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. 30 pamuk çeşidi 2 dala ayrılmıştır. 1. dal kendi içinde 2 alt dala, 1. alt dal da kendi içinde 2 gruba ayrılmıştır. 1. grup 20 genotipten, 2. grupta 6 genotipten oluşmuştur. 2. alt dal 3 genotipten oluşurken, 2. dal ise sadece Hill Cotton 3 çeşidinden oluşmuştur. JMP programında yapılan Temel Bileşenler Analizine göre iki boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik sonuçları ve eigen değerleride bu sonuçları destekler niteliktedir. İlk 3 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın %85'ini açıklamıştır.

**Sonuç:** Çalışmanın sonucunda elde edilen veriler, 30 pamuk genotipi içinde en uzak akraba olan Hill Cotton 3 (Bangladeş) (*Gossypium arboreum*) ile Shazbaz (Pakistan) (*Gossypium hirsutum*) çeşidinin ileriki pamuk ıslah çalışmalarında ıslah materyali olarak kullanılabilceğini göstermiştir. Aynı zamanda iPBS markırların, pamuğun genetik ayrımlarında etkili bir yöntem olduđu da ortaya konulmuştur.

**Anahtar Kelimeler:** Dünya, Pamuk, iPBS, Retrotranspozon, Genetik Farklılık



## ABSTRACT

### DETERMINING THE GENETIC DIFFERENCE OF SOME WORLD COTTON GENOTYPES USING IPBS (INTER-PRIMER BINDING SEQUENCES)- RETROTRANSPOSON MARKERS

Çayır M.E. Aydın Adnan Menderes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Agricultural Biotechnology Program, Master Thesis, Aydın, 2022.

**Objective:** This research was carried out with the aim of revealing the genetic differences of 30 cotton varieties from 14 countries using the iPBS-retrotransposon marker method.

**Material and Methods:** The research was carried out as a result of growing 30 cotton varieties procured from the genetic stock of Nazilli Cotton Research Institute, under greenhouse conditions, and DNA isolation from fresh leaves. Genetic differences were determined by using iPBS marker method in PZR for 30 cotton varieties.

**Results:** According to the genetic distance matrix obtained in the NTSYS-pc 2.10e program, the closest genotypes were determined to be between AzGR-11468 (Azerbaijan) and Maydos Yerlisi (India), and the similarity value between them was found to be 0.0318. The most distant genotypes were determined to be between Hill Cotton 3 (Bangladesh) and Shazbaz (Pakistan), and the similarity value between them was found to be 0.7572. When the dendrogram created according to the UPGMA method was examined, it was observed that the similarity ratio between the genotypes varied between 0.03 and 0.69. 30 cotton varieties are divided into 2 groups. 30 cotton varieties are divided into 2 clades. The 1st clade is divided into 2 subclades. The 1st subclade is also divided into 2 groups within itself. 1st group consisted of 20 genotypes, 2nd group consisted of 6 genotypes. Subclade 2 consisted of 3 genotypes, while clade 2 consisted of only Hill Cotton 3 cultivars.. According to the Principal Components Analysis made in the JMP program, the graphic results and eigen values obtained on the two-dimensional plane also support these results. The first 3 eigenvalues explained 85% of the total variance in the population.

**Conclusion:** The data obtained as a result of the research showed that Hill Cotton 3 (Bangladesh) (*Gossypium arboreum*) and Shazbaz (Pakistan) (*Gossypium hirsutum*) cultivars, in future cotton breeding studies which are the most distant relatives among 30 cotton genotypes, can be used as breeding material. It has also been demonstrated that iPBS markers are an effective method for genetic distinction of cotton.

**Keywords:** World, Cotton, iPBS, Retrotranspozon, Genetic Difference



# 1. GİRİŞ

Malvaceae familyası, bilinen 4225 tür ile 243 cinsten oluşmakta olup, tropikal ve subtropikal iklimde *Gossypium* (Pamuk), *Corchorus* (Jüt), *Hibiscus*, *Alcea*, *Theobroma cacao* L. (kakao) ve *Abelmoschus esculentus* (Bamya) ve *Malva* gibi ekonomik açıdan değerli çeşitli türleri içermektedir (Pravin vd. 2018; Ben-Simchon vd. 2019; Wang vd. 2020). Çoğunlukla geniş yayımlı olan bu familya üyelerinin ana yayılım merkezi Güney Amerika'dır. Dünyanın çok soğuk bölgeleri dışında her yere yayılış göstermektedir. *Hibiscus acapulcensis* Fryxell, 300 türle Malvaceae'nin en büyük ve en yaygın olan cinsi durumundadır. Bu türlerin büyük çoğunluğunun da tropik kuşakta yeri vardır. Avrupa'da sadece *Hibiscus trionum* ve *Hibiscus roseus* yetiştirilmektedir. *Abutilon abutiloides* (Jacq.) Garcke ex Hochr. cinsi tropik bölgelerde, *Lavatera cachemiriana* Cambess. cinsi ise Akdeniz'de yaygın olarak bulunur. *Malva arborea* (L.) Webb & Berthel. cinsi, çoğunlukla kuzeydeki sıcak bölgelere yayılmıştır (Hutchinson, 1973). *Althaea angulata* Freyn ve *Alcea abchazica* Iljin cinsleri Dünya'da Akdeniz ve İran-Turan fitocoğrafik bölgelerinde birbirleriyle yarışan bir yayılıma sahiptirler. Ağırlıklı olarak Avrupa'nın kuzeyi hariç her yerinde, Kuzey Amerika'da, Afrika'nın kuzeyinde, Kafkaslar ve Güney Rusya'nın bir bölümünde ve Anadolu'dan Afganistan'a kadar olan bölgede yayılım göstermektedir (Hutchinson, 1964; Davis vd. 1967; Heywood, 1978; Nasır ve Ali, 1979).

Malvaceae familyası, pamuk (*Gossypium*) ve Bamya (*Hibiscus*) gibi kültürü yapılan bitkileri içerir. Ebegümeçi (*Malva*) yaprağı ve çiçeği müsilaj bakımından zengin ilaçlardır. Yumuşatıcı ve balgam söktürücü etkisinin yanısıra lapa halinde dermatolojik hastalıkların tedavisinde de kullanılmaktadır (Tanker vd., 2007). Süs bitkisi olarak da (*Alcea rosea* L.) yetiştirilmesi nedeniyle ekonomik açıdan öneme sahiptir (Rouhi ve Ganji, 2007).

Pamuk 4 türü ile (*G. hirsutum*, *G. barbadense*, *G. arboreum*, *G. herbaceum*) dünyanın tekstil lifi, yağ ve küspe ihtiyacının neredeyse tamamını karşılamaktadır (Mert, 2011; Akyol, 2015).

Kültürü yapılan pamuklar Herbacea ve Hirsuta olmak üzere iki grupta incelenmektedir. Herbacea grubu eski dünya pamuklarını kapsayan diploid yapıya sahip ( $2n=26$ ) kapalı kozalı pamuklardır. Bu grup içerisinde *G. arboreum* L. ve *G. herbaceum* L.

türleri bulunmaktadır. Hirsuta grubu ise yenedünya pamukları olarak ifade edilmektedir. Allotetraploid (2n=52) açık kozalı upland pamuklardır. Bu grup içerisinde *G. hirsutum* L., ve *G. barbadense* L. türleri bulunmaktadır. *G. hirsutum* L. yaklaşık 51 alt türü ile önemli bir endüstriyel üründür ve 69 ülkede yetiştirilmektedir. *G. hirsutum* L. türünün dünyadaki pamuk alanlarının %90'ında ekildiği bilinmektedir (Yıldırım, 2005; Wendel vd. 2009; Aarthi vd. 2018).

Dünya'da pamuk yetiştiriciliği Kuzey yarım kürede 45°, Güney yarım kürede ise 32° enlemlerine kadar uzanmaktadır. 2017-2018 yılı Uluslararası Pamuk İstişare Komitesi (ICAC) verilerine göre 75 ülkede pamuk tarımı yapılmakta olduğu belirtilmiştir. Ancak yeryüzünde ekolojik özelliklerden dolayı pamuk tarımına elverişli az sayıda ülke olması nedeniyle üretimin %80' e yakın kısmı Türkiye' nin de içerisinde yer aldığı ülkeler tarafından yapılmaktadır. Pamuk, Türkiye'de Ege bölgesi, Güneydoğu Anadolu ve Antalya-Çukurova bölgesinde yetiştirilmektedir. Ayrıca çeşitli mikro iklimlerde (özellikle Iğdır ilinde) pamuk üretimine yönelik çalışmalar sürdürülmektedir (Mert, 2007; Nix vd. 2017; Aydın, 2018).

Pamuk (*Gossypium* L.), lifleri ve tohumları (çiğit) birçok endüstride kullanıldığından endüstriyel bitkiler içerisinde önemli bir yere sahiptir (Ahad vd. 2018; Beyyavaş ve Haliloğlu, 2019). Nüfus artışıyla birlikte dünyada yaklaşık 7.9 milyar kişi yaşamakta ve bu durumda gıda ve tekstil sektörlerinin önemini arttırmaktadır. Dünya genelinde bitkisel tekstil endüstrisinin doğal ana hammaddesi pamuktur ve onu jüt takip etmektedir. Pamuğun geniş bir kullanım alanı vardır ve pamuk üreticilerine sağladığı iş imkânları insan hayatının önemli bir parçasıdır (Karaca vd., 2019).

Pamuk, biyokimyasal özellikleri yönünden incelendiğinde de içeriğindeki sekonder metabolitler açısından önem arz etmektedir (Tan vd., 2013). Son yapılan çalışmalarla beraber pamuk bitkisinde yedi sınıfı temsil eden 52 adet flavonoid tespit edilmiştir. *G. hirsutum*'un çiçekleri, tespit edilen 52 flavonoidin 42'sini içererek, bitkideki en zengin organı temsil etmektedir. Flavonoller, kuersetin, kaempferol, gossypetin, mirisetin ve bunların konjugatlarından oluşan çiçeklerde en çok temsil edilen flavonoid sınıfını oluşturmaktadır. *G. hirsutum*'un yaprakları, beş farklı sınıfa yayılan 19 flavonoid içermektedir. Buna karşılık, pamuğun kök, gövde, tohum, koza ve liflerinden birkaç flavonoid tespit edilmiştir (Nix vd., 2017).



Pamuk kütlüsü çırçırlandıktan sonra lif ve tohum olarak ikiye ayrılmaktadır. Pamuk lifi ile tekstil sanayisinde, tohumu ile tohumluk, küspe ve yağ sanayisinde, linteri ile yakacak ve dolgu malzemesi olarak, selüloz ve kimya sanayisinde ayrıca barut yapımında savaş sanayisinde kullanılmaktadır (Aydın, 2018). Pamuğun kullanıldığı alanlar Şekil 1.1’de verilmiştir.



Şekil 1.1. Pamuğun kullanıldığı alanlar (Anonim, 2019).

Pamuk, insanlara istihdam olanağı ve insanlığa fayda sağladığı için önemli bir endüstri bitkisidir. Pamuktan daha fazla faydalanmak ve üstün ekonomik özelliklere sahip çeşitler geliştirmek için; çeşitlerin adaptasyon alanları, agronomik özellikleri, verimi ve kalitesi yanında, bu faktörleri ağırlıklı olarak etkileyen genetik yapıyı belirlemek ve bu bilgilerin ıslah programlarında kullanımını araştırmakta oldukça önemlidir (Bardak, 2012).

Bu çalışma 14 ülkeye ait 30 adet pamuk genotiplerinin (*Gossypium hirsutum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium arboreum*, *Gossypium herbaceum*) 30 adet iPBS-retrotranspozon markır yöntemiyle, genetik ilişkilerini ortaya çıkarmak amacıyla gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda, Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü genetik stoğundaki çeşitler hakkında daha fazla bilgi edinilmesi ve elde edilen genetik farklılığın, ileride yapılacak pamuk ıslah çalışmalarına yön vermesi amaçlanmıştır.

## 1.1. Dünya Pamuk Üretimi ve Tüketimi

Dünya pamuk ekim alanları Çizelge 1.1’de verilmiştir. Dünyada pamuk yetiştiriciliğinde üretim alanı açısından Hindistan ilk sırada yer almakta olup bunu sırasıyla A.B.D, Çin, Pakistan, Brezilya ve Özbekistan takip etmektedir.

Çizelge 1.1. Dünya pamuk ekim alanları (Bin Ha).

Sıra	Ülkeler	2015/2016	2016/2017	2017/2018	2018/2019	2019/20*
1	Hindistan	11.638	10.845	12.235	12.600	12.700
2	ABD	3.291	3.848	4.492	4.130	4.177
3	Çin	3.793	3.100	3.350	3.367	3.300
4	Pakistan	2.670	2.496	2.665	2.325	2.631
5	Brezilya	1.007	939	1.175	1.618	1.662
6	Özbekistan	1.272	1.250	1.208	900	900
7	Mali	573	656	704	698	782
8	Burkina Faso	631	740	879	646	735
9	Benin	372	418	530	656	700
10	Türkmenistan	534	545	545	534	545
11	<b>Türkiye</b>	<b>440</b>	<b>420</b>	<b>462</b>	<b>520</b>	<b>520</b>
	Diğer	4.942	4.610	4.950	4.992	5.100
	<b>Toplam</b>	<b>31.163</b>	<b>29.867</b>	<b>33.195</b>	<b>32.986</b>	<b>33.752</b>

Kaynak: ICAC Cotton This Month - Mart 2020 (\*) Tahmin

Dünya lif pamuk verimleri Çizelge 1.2’de verilmiştir. Lif pamuk verimleri açısından Avustralya ilk sırada yer alırken bunu Çin, Brezilya, Meksika ve Türkiye takip etmektedir.

Çizelge 1.2. Dünya lif pamuk verimleri (Kg/Ha)\*.

Sıra	Ülkeler	2015/2016	2016/2017	2017/2018	2018/2019	2019/20*
1	Avustralya	2.196	1.598	2.088	2.071	2.231
2	Çin	1.427	1.581	1.758	1.764	1.758
3	Brezilya	1.506	1.629	1.707	1.640	1.718
4	Meksika	1.449	1.575	1.580	1.587	1.644
5	<b>Türkiye</b>	<b>1.475</b>	<b>1.674</b>	<b>1.714</b>	<b>1.944</b>	<b>1.567</b>
6	Yunanistan	997	1.009	906	1.132	1.268
7	ABD	963	972	1.014	964	1.032
8	Arjantin	575	727	688	773	737
9	Sudan	600	561	444	578	722
10	Özbekistan	641	631	662	712	712
	<b>Dünya Ortalaması</b>	<b>700</b>	<b>772</b>	<b>805</b>	<b>778</b>	<b>767</b>

(\*) 100 bin tonun üzerinde üretimi olan ülkeler dikkate alınmıştır - (\*\*) Tahmin

Kaynak: ICAC Cotton This Month- Mart 2020 –

Dünya lif pamuk üretimi Çizelge 1.3’de verilmiştir. Üretim miktarı yönüyle Hindistan ilk sırada yer alırken bunu Çin, A.B.D, Brezilya, Pakistan, Türkiye ve Özbekistan takip etmektedir.

**Çizelge 1.3.** Dünya lif pamuk üretimi (Bin Ton).

Sıra	Ülkeler	2015/2016	2016/2017	2017/2018	2018/2019	2019/20*
1	Hindistan	5.746	5.865	6.350	5.350	6.000
2	Çin	5.200	4.900	5.890	6.040	5.800
3	ABD	2.826	3.738	4.560	4.000	4.310
4	Brezilya	1.289	1.530	2.010	2.730	2.850
5	Pakistan	1.537	1.663	1.800	1.670	1.320
<b>6</b>	<b>Türkiye</b>	<b>640</b>	<b>703</b>	<b>792</b>	<b>977</b>	<b>815</b>
7	Özbekistan	832	789	800	640	640
8	Meksika	188	164	335	414	369
9	Arjantin	214	180	226	257	358
10	Türkmenistan	300	296	304	300	307
	Diğer	3.004	3.247	3.609	3.308	3.160
	<b>Toplam</b>	<b>21.476</b>	<b>23.075</b>	<b>26.676</b>	<b>25.686</b>	<b>25.929</b>

**Kaynak:** ICAC Cotton This Month- Mart 2020 (\*) Tahmin

Dünya lif pamuk tüketimi Çizelge 1.4’de verilmiştir. Tüketim miktarı incelendiğinde sırasıyla Çin, Hindistan, Pakistan ve Türkiye’nin başı çeken ülkeler olduğu görülmektedir (Anonim, 2020).

**Çizelge 1.4.** Dünya lif pamuk tüketimi (Bin Ton).

Sıra	Ülkeler	2015/2016	2016/2017	2017/2018	2018/2019	2019/20*
1	Çin	7.600	8.000	8.500	8.250	7.730
2	Hindistan	5.296	5.148	5.423	5.400	5.535
3	Pakistan	2.147	2.147	2.346	2.350	2.360
<b>4</b>	<b>Türkiye</b>	<b>1.500</b>	<b>1.455</b>	<b>1.481</b>	<b>1.555</b>	<b>1.633</b>
5	Bangladeş	1.316	1.455	1.660	1.579	1.600
6	Vietnam	1.007	1.168	1.506	1.506	1.530
7	Brezilya	660	690	680	730	730
8	Endonezya	760	700	778	700	707
9	ABD	751	708	770	644	670
10	Özbekistan	345	371	464	630	641
	Diğer	2.755	2.655	2.732	2.674	3.880
	<b>Toplam</b>	<b>24.137</b>	<b>24.497</b>	<b>26.340</b>	<b>26.018</b>	<b>25.810</b>

**Kaynak:** ICAC Cotton This Month- Mart 2020 (\*) Tahmin

## 1.2. Türkiye Pamuk Ekim Alanları ve Üretimi

Türkiye'de 2019/20 vejetasyon yılında 23 ilde toplam 478.000 hektara pamuk ekimi yapılmıştır. Bunların %86'sı Şanlıurfa, Diyarbakır, Aydın, Hatay, Adana ve İzmir olmak üzere 6 ilden oluşuyordu. Türkiye'de ortalama kütlü üretimi 460 kg/da, elyaf üretimi ise 170 kg/da'dır. Ekim alanı Güneydoğu Anadolu'da 290.000 hektar, Çukurova'da 95.000 hektar, Ege bölgesinde 89.000 hektar, Antalya'da 4.000 hektardır (TEPGE, 2020). Türkiye pamuk ekim alanları Şekil 1.2'de verilmiştir.



Şekil 1.2. Türkiye pamuk ekim alanları (TEPGE, 2020).

2019/20 pamuk üretim sezonunda Türkiye üretiminin % 85'ine ulaşan altı ili Şanlıurfa, Aydın, Diyarbakır, Hatay, Adana ve İzmir oluşturmaktadır. Güneydoğu Anadolu'da pamuk lifi üretimi 450.000 ton, Çukurova bölgesinde 177.000 ton, Ege bölgesinde 180.000 ton, Antalya'da ise lif pamuk üretimi 8.000 tondur (TEPGE, 2020). Türkiye pamuk üretim alanları Şekil 1.3'de verilmiştir.



Şekil 1.3. Türkiye pamuk üretim alanları (TEPGE, 2020).

### 1.3. Moleküler Markırlar

Markır sistemlerinin ortaya çıkışı, son 30 yıldır biyokimya ve moleküler biyolojideki gelişmeleri yakından takip etmiştir (Schulman, 2007). Moleküler markırlar, sistematik olarak kullanılan DNA parçalarıdır. Başka bir deyişle genomun benzersiz bir parçasıdır. Bu benzersiz parçalarda bazı farklılıklar meydana gelebilmektedir. Bu farklılıklar eklenmeler, silinmeler, yer değiştirmeler ve tekrarlar gibi olaylar nedeniyle ortaya çıkmaktadır (Schlotterer, 2004).

Moleküler markırların kullanım alanları; genetik haritalamada, QTL (Quantitative Trait Loci) analizlerinde (Rafalski vd. 1996; Sönmezoğlu ve Terzi, 2018), kültür çeşitlerini tanımlamada, yeni geliştirilen çeşitleri koruma altına almada, genetik akrabalıkları belirlemede (Zarei ve Erfani-Moghadam, 2021; Nicolosi vd. 2000; Lowe vd. 1996), tohumlukta saflık analizinde, gen kaynaklarının karakterizasyonunda, genetik materyalin yapısını anlamada, genetik materyalin yeniden organizasyonunda, filogenetik çalışmalarda ve ıslah programında kullanılacak ebeveynlerin seçiminde kullanılırlar (Demirel, 2020; Aksu ve Çevik, 2015).

Klasik ıslah yerine moleküler markırların kullanımı yeterli olmamakla birlikte ancak klasik ıslahın başarısını artırıcı ve destekleyici teknikler olarak kabul görmektedir. Markır destekli seçim tekniğinin ve moleküler markır teknolojisinin gelişimi sayesinde daha etkili

bir şekilde bitki ıslah alıřmaları yapılmakta ve ok daha kısa bir surede klasik ıslaha gore guvenilir ve bařarılı sonular elde edilmektedir (Yorgancılar vd., 2015).

Molekler markırlar; biyokimyasal, izoenzim ve DNA tabanlı olmak zere 3'e ayrılmaktadırlar. DNA tabanlı markırların kullanımını diđer markırlara gore genetik eřitliliđin belirlenmesinde, tr ve eřit ayırımının yapılmasında daha avantajlıdırlar. evreden etkilenmezler ve polimorfizm oranları yksektir. Bunun yanı sıra, pleiotropik (bir genin birden fazla fenotipik karakter zerine etkisi) ve epistatik (bir karakterin ortaya ıkmasından sorumlu olan farklı genler arasında baskılayıcı etkilerin olması durumu) zellik gstermeyip son derece stabildirler (Che vd. 2003; Parmaksız, 2004).

DNA markırları hibridizasyona dayalı markırlar (RFLP) ve PZR'a dayalı markırlar (RAPD, AFLP, SSR, ISSR vb.) olmak zere iki grupta incelenir (Morilipinar, 2019).

#### Hibridizasyona Dayalı Markırlar

RFLP (Sınırlayıcı Para Uzunluđu Polimorfizmi)

#### PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonuna) Dayalı Markırlar

RAPD ( Rastgele ođaltılmış Polimorfik DNA)

SSCP (Tek İplikli Konformasyon Polimorfizmi)

SSR ( Basit Dizi Tekrarları, mikrosatelitler)

AFLP (ođaltılmış Para Uzunluđu Polimorfizmi)

VNTR (Deđişken Sayıda Dizi Tekrarı, mini satelitler)

SNP (Tek Nkleotid Polimorfizmi)

SCAR (Gclendirilmiş Dizi Karakterize Blgeler)

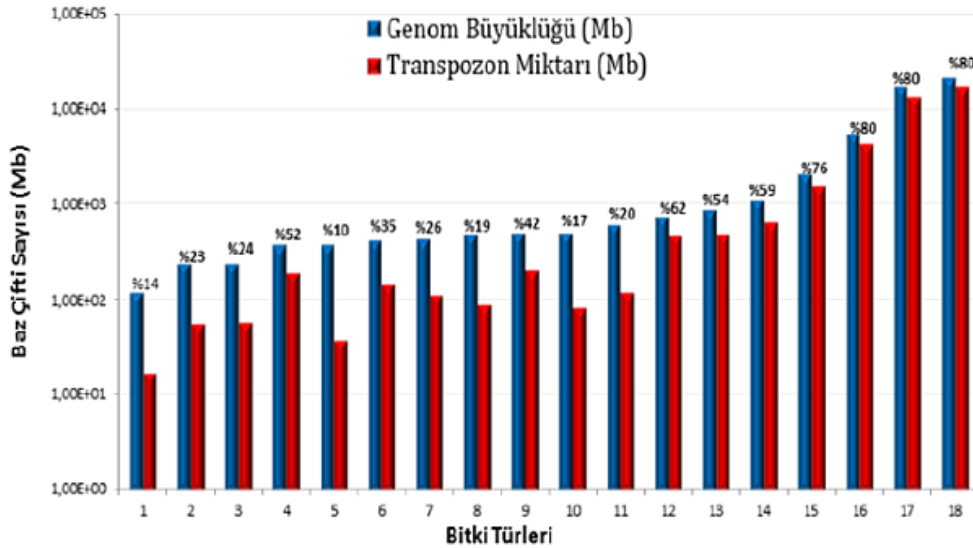
ISSR (Basit İ Dizi Tekrarları)

iPBS (Primer Arası Bađlanma Yeri)

### 1.3.1. iPBS (Primerler Arası Bağlanma Dizisi)-Retrotranspozon

#### 1.3.1.1. Transpozonlar

Bir transpozon, bir kromozom üzerinde yeni bir konuma hareket eden, yani genom içinde göç etme kabiliyetine sahip olan ve ayrıca mutasyona uğrayabilen veya tersine çevrilebilen bir DNA dizisidir. Transpozon, bir bölgeden diğer herhangi bir bölgeye geçiş yapabilecek bilgileri taşır. Bu değiştirilebilir tekrarlayan diziler, transpozisyon yoluyla bir kromozomal bölgeden diğerine taşınır. Bakterilerde, virüslerde, plazmitlerde ve ökaryotik hücre kromozomlarında bulunabilir. Birkaç *Plasmodium* türü dışında tüm ökaryotlarda ve hemen hemen tüm prokaryotlarda transpozonlar bulunur (Bowen, 2002; Vitte ve Bennetzen, 2006; Wicker vd. 2007; Huang vd. 2012). Transpozonlar, ökaryotların genomunun büyük bir bölümünü oluşturur ve özellikle tahıl bitkilerinde yaygındır (McClintock, 1984; Mansour, 2007). Bazı önemli bitki türlerindeki transpozon yüzdeleri Şekil 1.4'de verilmiştir.



(1) *Arabidopsis thaliana* (2) *Fragaria vesca* (3) *Cucumis sativus* (4) *Carica papaya* (5) *Madicago truncatula* (6) *Oryza sativa* (7) *Theobroma cacao* (8) *Lotus japonicus* (9) *Populus trichocarpa* (10) *Vitis vinifera* (11) *Brassica oleracea* (12) *Sorghum bicolor* (13) *Gossypium raimondii* (14) *Glycine max* (15) *Zea mays* (16) *Hordeum vulgare* (17) *Triticum aestivum* (18) *Pinus taeda* (Genom büyüklükleri logaritmik olarak verilmiştir, (Wicker vd., 2007).

Şekil 1.4. Bazı önemli bitki türlerindeki transpozon yüzdeleri (Wicker vd., 2007).

Transpozonlar, aktivitelerine göre aktif transpozonlar ve inaktif transpozonlar olarak sınıflandırılır. İsimlerinin aksine, bu hareketli elementlerin büyük bir kısmı inaktif transpozonlardır. Tür evriminin ilk aşamalarında, bu aktif olmayan transpozonlar yer değiştirmiş ve günümüzün kromozom bölgelerine yerleşmiştir. Bu nedenle inaktif transpozonlara moleküler fosiller de denilmektedir. Bununla birlikte, bir transpozonun aktif veya inaktif olması tamamen kalıcı değildir ve tersine çevrilebilir. Değişen çevresel koşullar gibi faktörler, bu unsurları etkinleştiren veya devre dışı bırakan epigenetik konfigürasyonu değiştirebilir (Wessler, 2009).

Çoğu transpozonun iki temel özelliği vardır. Birincisi, genomda bir konumdan diğerine geçme yeteneği (transpozisyon) ve ikincisi, genomdaki kopya sayısını (replikasyon) artırma yeteneğidir (Bennetzen, 2000). Bazı diziler genomda yüksek miktarda bulunduğu ve bunların konukçu genomdan daha hızlı çoğaldığı tespit edildiğinden, transpozonlar tür sürekliliğinden başka amacı olmayan öğeler olarak kabul edilmekte ve transpozonlara bencil DNA “selfish DNA” denilmektedir (Okamoto, 2001).

Transpozisyon nedeniyle, transpozon genomun birçok farklı bölgesine yerleşebilir. Özellikle ekzonlarda veya genlere yakın bölgelerde bulduklarında nokta mutasyonları, çerçeve kayması mutasyonları, delesyonlar, duplikasyonlar, insersiyonlar ve diğer olayları teşvik ederek mutasyonlara neden olan yeni aleller oluştururlar. Bu mutasyonlar nedeniyle gen ürünü proteinleri oluşmayabilir. Bu durum ise ciddi fenotipik değişikliklere ve hatta patolojik oluşumlara da neden olabilmektedir. Bu yeni oluşumlar, evrim sürecinde yeni türlerin oluşmasında etkili mekanizmalar olarak kabul edilmektedir (Bennetzen, 2000; Schulman, 2004; Pagnotta, 2009).

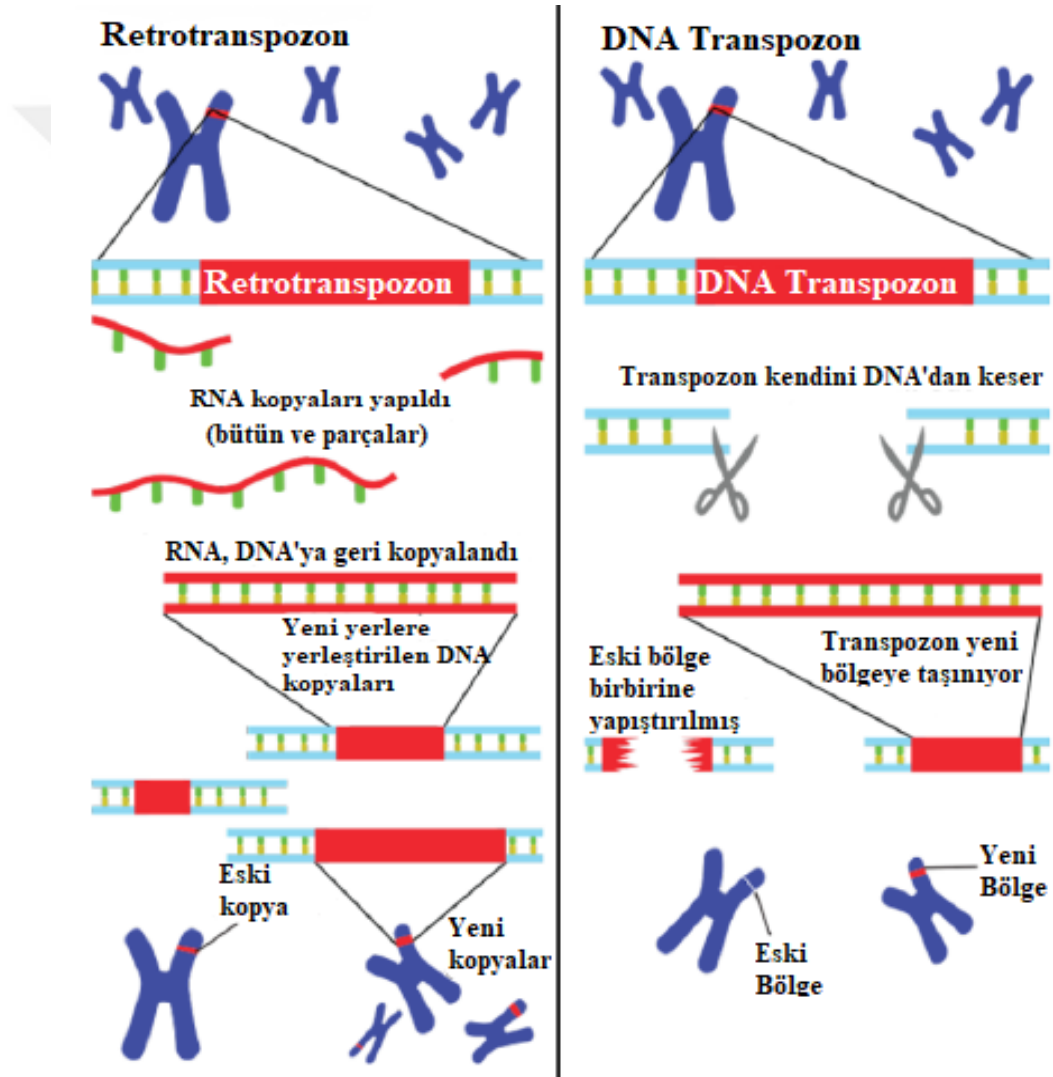
### **1.3.1.2. Retrotranspozonların Sınıflandırılması, Hareket Mekanizmaları ve Yapıları**

Tüm fonksiyonel transposable elementler, genomda bir bölgeden diğerine hareket etme özelliğine sahiptir. Bu sistemde hareketli elemanlar, RNA (Sınıf I) retrotranspozonlar veya DNA (Sınıf II) transpozonları olmak üzere yer değiştirme mekanizmasına göre iki tipe ayrılır. Sınıf I retrotranspozonları, RNA'yı bir transpozisyon ortamı olarak kullanan RNA transpozonlarıdır. Transpozon, RNA polimeraz tarafından mRNA'ya kopyalanır ve daha sonra ters transkriptaz ile cDNA'ya dönüştürülür. Sentezlenen cDNA, genomda hedef



bölgeye yerleşerek yeni bir pozisyon alır. Bu mekanizmaya genellikle kopyala-yapıştır mekanizması denilmektedir (Marco, 2005; Wicker vd., 2007; Huang, 2009).

Sınıf II transpozonlar, transpozisyon ortamı olarak RNA kullanmayan DNA transpozonlarıdır. Öte yandan, DNA transpozonları kendilerini buldukları kromozom bölgesinden keserler ve ardından hedef bölgeye yerleştirirler. Tip II, kes ve yapıştır olarak adlandırılmaktadır (Finnegan, 1989). Transpozonların sınıflandırılması ve hareket mekanizmaları Şekil 1.5’de verilmiştir.



Şekil 1.5. Transpozonların sınıflandırılması ve hareket mekanizmaları (<https://www.popsci.com/transposon-reproduction-nurse-cell>).

Retrotranspozonlar, LTR (Long Terminal Repeat-uzun terminal tekrarları) ile sınırlıdır, DNA transpozonlarının sonunda, TIR “Terminal Inverted Repeat-terminal ters çevrilmiş tekrarlar” dizileri vardır. Transpozisyonda LTR ve TIR dizileri önemli bir rol oynamaktadır. LTR dizisi, hareketli genetik elemanların iç bölgelerini sınırlandırmak için kullanılan, genellikle 5'-TG ... CA-3 'tersine çevrilmiş tekrarlarla başlayıp biten kodlanmayan bir DNA dizisidir (Voytas, 2002). LTR dizilerinin yapısı Şekil 1.6'da verilmiştir.



Şekil 1.6. LTR dizilerinin yapısı (<http://gydb.org/index.php/LTRs>).

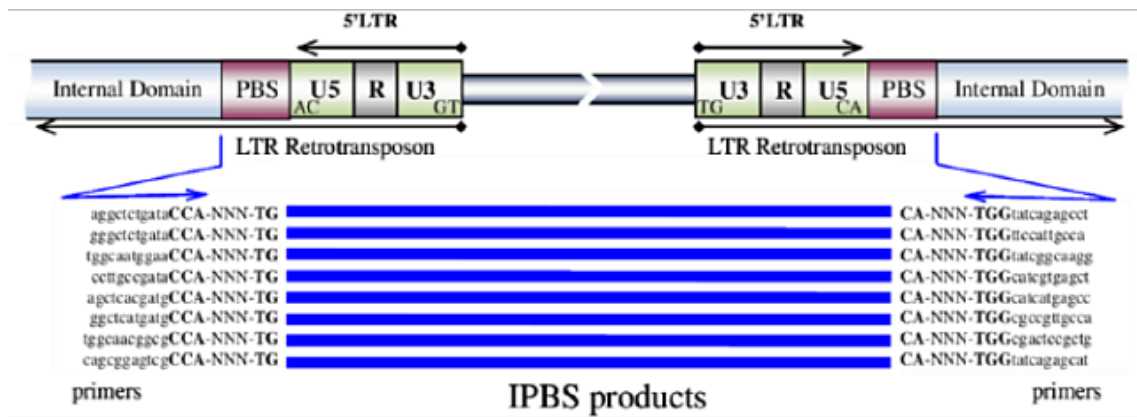
LTR dizisi; U3, R ve U5 olmak üzere üç bölgeye ayrılmaktadır. U3 bölgesi 200-1.200 nükleotid uzunluğundadır ve promotörün bulunduğu yerdir. R bölgesi tekrardan oluşmaktadır. U5 bölgesi 75-250 nükleotid uzunluğundadır ve transkripsiyonel genomun ilk bölümünü oluşturmaktadır. 18 nükleotitli bölge PBS olarak adlandırılmakta ve genellikle 5'LTR'nin sonunda bulunmaktadır. PBS, hücre tRNA'sının 3 'ucunu tamamlayıcıdır ve esas olarak 5'LTR'nin R-U5 bölgesine tamamlayıcı bir DNA ipliğini sentezlemek için ters transkriptaz (reverse transkriptaz) için primer olarak kullanılmaktadır. Diğer bir küçük bölge olan PPT, 3'LTR'nin sonunda yer almakta ve konakçı hücre genomuna bütünleşmiş bir viral DNA türü olan proviral DNA zincirinin sentezini başlatmaktan sorumludur. LTR'ler arasındaki rekombinasyon, bazı durumlarda LTR dizilerinin yalnız kalmasına neden olmaktadır. Genomda tek başına kalan LTR dizilerine solo - LTR denilmektedir (Pouteau vd. 1994; Takeda vd. 1998; SanMiguel vd. 1998; Shirasu vd. 2000; Jiang vd. 2002).

### 1.3.1.3. iPBS Markır Yöntemi

Genomdaki transpozonların bolluğu, genel dağılımı ve yüksek aktivitesi, moleküler belirteçlerin gelişimi için mükemmel koşullar sağlar. Retrotranspozon dizilerini moleküler

belirteçler olarak kullanarak, polimeraz zincir reaksiyonuna dayalı birçok yöntem geliştirilmiştir (Kalendar, 2011). Retrotranspozonlarda, SINE (serpiştirilmiş kısa elementler) benzeri diziler, LTR retorelementleri gibi bol miktarda yayılmış dizi setleri, IRAP (retrotranspozon arası amplifikasyon polimorfizmi), REMAP (retrotranspozon- mikrosatellit amplifikasyon polimorfizmi) ve İnter-MITE (MITE arası polimorfizm) amplifikasyon tekniklerinin ortaya çıkmasında kullanılmıştır (Bureau ve Wessler, 1992; Kalendar ve Schulman, 2006; Wenke vd. 2011; Seibt vd. 2012).

Yeni türlerde retrotranspozon belirteçlerinin gelişimini sınırlayan faktörler; ürün boyutunun değişkenliği ve her bir spesifik bölgeye bitişik genomik DNA ile eşleşen primerlerin tasarımı, klonlama ve dizi bilgisinin gerekliliğidir. Son yıllarda bu zorlukların üstesinden gelen yeni bir PZR tabanlı yöntemi Kalendar vd. (2010) tanımladı. Bu yöntem, neredeyse tüm organizmalarda LTR transpozonlarını izole edebilir ve kendisi evrensel bir etiketleme sistemi olarak kullanılabilir. iPBS yöntemi, LTR retrotranspozonunda ters transkriptaz ile birincil bağlanma bölgesinin çoğaltılmasına dayanır. Korunmuş protein kodlama bölgelerine dayanan retrotranspozonların izolasyon yönteminden farklı olarak iPBS primerleri, genomdaki retrotranspozonların polimorfizmini doğrudan görüntüleyebilmektedir (Kalendar, 2010). iPBS markır yöntemiyle çoğaltılan bölgenin yapısı Şekil 1.7’de verilmiştir.



Şekil 1.7. iPBS markır yöntemiyle çoğaltılan bölgenin yapısı (Kalendar vd., 2010).

iPBS, bitkiler ve hayvanlar alemin de polimorfizmlerin gözlemlenebildiği tek retrotranspozon tabanlı markır sistemidir. Monokotil ve dikotil bitkilerde retrotranspozonlar oldukça heterojen popülasyonlar içerir. Bitki türlerindeki birçok retrotranspozonun,

bağlanma yerlerinde yüksek derecede polimorfizm sergilediği gözlemlenmiştir (Pearce vd. 1997; Gribbon vd. 1999).

iPBS amplifikasyon tekniği hemen hemen evrensel ve oldukça etkili bir yöntem olarak, bireyler arasındaki polimorfizmleri doğrudan tespit etmek, transkripsiyon profillerindeki polimorfizmleri tespit etmek ve hızlı bir biçimde genomik DNA'dan LTR'in kopyalanmasında, LTR retrotranspozonun veri taban araştırmalarında, PBS'in (primer bağlanma yeri) korunumlu dizilerini kullanır. Birçok retrotranspozonlar kromozom dizilerinde iç içe geçmiş, yeniden birleşmiş, ters çevrilmiş veya kesilmiş bir biçimdedir, ancak korunmuş PBS primerleri kullanılarak test edilen tüm bitki türlerinde kolayca kopyalanabilirler (Arystanbek Kyzy, 2019).

#### **1.4. Filogenetik Ağaç**

Filogenetik, ata-soy ilişkisi olarak tüm organizmalar arasındaki evrimsel ilişkiyi ortaya çıkarmayı amaçlar. Organizmaların moleküler mekanizmaları, tek bir ataya sahip olduklarını göstermektedir. Ortak bir atadan evrimleştikleri için, türler birbirleriyle ilişkilendirebilirler (Xiong, 2006; Singh Gautam, 2015).

Genom birçok mutasyon yoluyla evrimleşmiş ve farklılaşmıştır. Bu sürecin sonunda, organizmanın genomunun nükleotid dizisindeki bu farklılık bize iki genomun birbirinden farklı olduğunu gösterebilir. Farklı genomları karşılaştırarak, aralarındaki evrimsel ilişki anlaşılabilir (Freeman ve Herron, 1999).

Tespit edilen filogenetik ilişkinin, grafiksel olarak gösterimi ise “filogenetik ağaçlar” sayesinde olmaktadır (Woese vd., 1985). Filogenetik ağaç oluşturmada karakter temelli ve mesafe temelli olmak üzere iki yöntem kullanılmaktadır.

##### **1.4.1. Karakter Temelli Yöntemler**

Dizilerde toplanan mutasyonların sayılmasına dayanmaktadır. Bu karakterler her bir taksondaki canlıya ait olan moleküler dizilerdir. Maximum Parsimoni, Maximum Likelihood ve Mr. Bayes gibi metotları içerir (Saitou ve İmanishi, 1989).

### 1.4.2. Mesafe Temelli Yöntemler

Sekans hizalaması ile oluşturulan evrimsel mesafe, her bir takson çifti arasındaki mesafeyi belirlemek için kullanılabilir. Veri matrisindeki bu mesafe skorlarını kullanarak, tüm taksonlar için bir filogenetik ağaç oluşturulabilir. Bu yöntemde kullanılan algoritmalar, küme tabanlı ve en iyi durum tabanlı olarak sınıflandırılır. Aritmetik ortalamayı kullanarak bu algoritmalar, ağırlıklı olmayan çift grup yöntemini (UPGMA, unweighted pair group method algorithm) ve komşu birleştirme yöntemini (Neighbor-joining method) kullanırlar (Michener ve Sokal, 1957).

Filogenetik analizde en çok kullanılan programlar PAUP, NTSYS, MEGA, PHYLIP ve MRBAYES' dir (Freeman ve Herron, 1999). Bu programların oluşturduğu ağaçları bilgisayarda görüntüleyebilmek için de Treeview kullanılır.

## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

Kumlay vd. (2021) yaptıkları çalışmada 10 adet pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) çeşidinin moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Retrotranspozon temelli 6 adet iPBS markırı kullanarak, ortalama %77,65 polimorfizm oranı ile toplam 36 polimorfik bant gözlemlendi. Hesaplanan markırların ortalama polimorfizm değeri (PIC) 0,27, ortalama gen çeşitliliği (H) değeri 0,34, ortalama Dice benzerlik katsayısı 0,37 ve korelasyon katsayısı (r) 0,9026'dır. Genotipler arasındaki genetik ilişkiyi belirlemek için NTSYS-pc yazılımı kullanılarak genetik ilişkinin 0,0456 ile 0,8387 arasında değiştiği bulunmuştur. İlk üç özdeğerin toplamı, toplam varyasyonun %71,93'ünü açıklamıştır. Genotipin moleküler varyasyon gösterdiği belirlenmiş ve genetik varyasyon sonuçlarının gelecekteki pamuk ıslah araştırmalarının planlanmasında kullanılabileceği sonucuna varılmıştır.

Gailite vd. (2011) nesli tükenmekte olan *Saussurea esthonica* Rupr., bitkisi sadece Letonya, Estonya ve Rusya'nın Leningrad bölgesinde bulunmaktadır. Popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği incelemek için retrotranspozon tabanlı iPBS markır yöntemi kullanmışlardır. 4 iPBS-(2001, 2076, 2081, 2083) primerinden toplam 51 bant tanımlanmıştır. Bu yöntem, popülasyonlar arasında önemli farklılıklar göstermiştir. İki farklı moleküler etiketleme tekniği, iPBS ve (dahili kopyalanmış aralayıcı) ITS dizileri, *S. esthonica*'nın filogenisini incelemek için değerlendirilmiştir. iPBS markırında elde edilen filogeni, ITS dizisi ile elde edilen filogeniye benzerlik göstermiştir. Bir tür içindeki genetik çeşitlilik bu iki teknikle belirlenmiş ve bu iki belirteç arasındaki farklılıklar gözlemlenmiştir. iPBS markörleri için bu oran %84'iken ITS dizileri için bu oran %26 olarak bulunmuştur.

Andeden vd. (2013) iPBS-retrotranspozonlar ve ISSR belirteçleri, Türkiye'nin güneydoğusundaki 5 yabancı tür ve 1 kültür türü olmak üzere 71 nohut (*Cicer arietinum* L.) germplazmının genetik çeşitliliği ve genetik ilişkisi için kullanmışlardır. 10 ISSR primeri kullanılarak 6 türe ait 71 nohut genotipinde 135'i (%99,3) polimorfik olmak üzere 136 bant elde edilmiş ve 10 iPBS markırında da 130 bant elde edilmiştir. Primer başına ortalama 13 bant ile en fazla çeşitlilik *C. echinospermum* P.H.Davis ve *C. pinnatifidum* Jaub. & Spach türlerinde görüldüğü, *C. arietinum* L.'nin ise daha düşük polimorfizm gösterdiği

belirtilmiştir. İki markır sisteminin ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0,91 olarak bulunmuştur. iPBS ve ISSR NeighborNet (NNet) planar grafikleri karşılaştırıldığında gruplar arasındaki germplazm ve tür kümelerinin hemen hemen benzer olduğu bulunmuştur. Bu çalışma, yabancı nohut türlerinin çeşitliliğinin araştırılmasında iPBS belirteçlerinin pratikliğini ve rolünü ortaya koymaktadır.

Guo vd. (2014) 35 farklı üzüm çeşidinin moleküler çeşitlilik araştırması için iPBS markırları kullanmışlardır. Çalışmada %86,3 polimorfizm ile toplam 99 polimorfik bant tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın sonucunda, iPBS markırının asmaların genetik çeşitliliğini belirlemede, basit, bilgilendirici ve uygun bir teknik olduğu sonucuna ulaşmışlardır.

Duan vd. (2015) 10 yabancı tür ve 55 çeşit *Paeonia* L. (Şakayık) bitkisinden oluşan popülasyonda genetik çeşitlilik araştırması için iPBS markırları kullanmışlardır. Her bir primer tarafından üretilen bant sayısı 9 ile 19 arasında değişmekte olup, primer başına ortalama 12,88 bant bulunmuştur. Kullanılan 16 primer tarafından toplam 206 bant üretilmiş olup, polimorfik bantların sayısı %3,98 ile 173 olarak saptanmıştır. Primer başına ortalama polimorfik bant sayısı 10,81 olarak bildirilmiştir.

Yıldız vd. (2015) 66 *Abelmoschus* L. (Bamya) genotipinin genetik çeşitliliğini analiz etmek için iPBS retrotranspozon belirteçlerini kullanmışlardır. iPBS retrotranspozon primerlerinden %40,2 polimorfizm ve primer başına ortalama 6,8 bant ile toplam 88 bant elde edilmiştir. SSR markırları için Shannon bilgi indeksi sırasıyla 0,06 ile 0,46 ve 0,14 ile 0,65, iPBS retrotranspozonları için ise 0,01 ile 0,13 ve 0,02 ile 0,21 aralığında bulunmuştur. Retrotranspozonların polimorfizm bilgi içeriği değeri 0,12 ile 0,99 arasında değişirken, SSR markırlarının polimorfizm bilgi içeriği değeri 0,52 ile 0,81 arasında değişmiştir. Retrotranspozonlara ve SSR'a dayalı Neighbor Joining analizi, tüm genotipleri 4 gruba ayırmıştır. Ancak SSR markırının yerel çeşitleri orijine göre ayırt etmede daha etkili olduğu bulunmuştur. STRUCTURE paket programı popülasyon yapısını tanımlamak için kullanılmış ve yerel ırklar arasından iki popülasyon (alt popülasyon varsayım sayısı, K=2) belirlenmiştir. Bu çalışmayla, iPBS markırının bamya da uygulanabilirliği rapor edilmiştir.

Nemli vd. (2015) 67 *Phaseolus vulgaris* L. (Fasulye) genotipinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını incelemek için 47 iPBS primeri kullanmışlardır. Moleküler çalışmalar ile toplamda 180, primer başında 4 polimorfik bant tespit etmişlerdir. Polimorfizm bilgi içeriği 0,73 olarak belirlenirken, genetik yakınlıkta 0,09 ile 0,99 arasında

değişmiştir. Bu çalışmanın sonuçları değerlendirilirken, iPBS primerlerinin fasulye genetik çeşitliliğini başarılı bir şekilde tespit ettiği sonucuna varılmıştır.

Baloch vd. (2015a) iPBS-retrotranspozon markörünü, 104 bezelye çeşidini ve 34 bezelye yetiştirme hattını moleküler olarak karakterize etmek için kullanmışlardır. Kullanılan 12 iPBS-retrotranspozon primerinden toplam 106 skorlama bandı elde edilmiş ve bunların 81'inin (%76,4) polimorfik olduğu ve primer başına ortalama 6,75 polimorfik bant içerdiği bulunmuştur. Polimorfizm bilgi içeriği 0,33 ile 0,84 arasında değişmekte olup, ortalama 0,61 olarak tespit edilmiştir. Neighbor Joining analizinde, benzer coğrafi bölgelerden yerel bezelye çeşitleri farklı gruplara dâhil edilmiş, bu da genetik parametrelere dayalı gruplamanın coğrafi köken ile yakından ilişkili olmadığını göstermiştir. Popülasyon yapısını tanımlamak için STRUCTURE paket programı kullanılarak yerel çeşitler arasında K=5'te 5 popülasyon ve K=3'te 3 popülasyon tespit edilmiştir. Çalışmanın sonucu, iPBS-retrotranspozon markırlarının bezelye genetik kökeninin moleküler karakterizasyonu için kullanılabileceğini göstermiştir.

Baloch vd. (2015b) iPBS retrotranspozon belirteçleri ve ISSR belirteçleri kullanılarak, ağırlıklı olarak Türkiye'den olmak üzere 6 yabancı ve 1 kültür mercimeğinden 50 çeşidi moleküler olarak karakterize etmişlerdir. 10 iPBS primeri, 150'si (%99,3) polimorfik olan 151 bant üretirken, her primerin 15,0 polimorfik fragment oluşturduğu tespit edilmiştir. 10 ISSR primeri %100 polimorfizm gösterirken, her primerin ortalama 13,5 bandı vardı ve aynı anda 138 skorlanabilir bant tespit edilmiştir. ISSR markırının ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri (0,97) ile iPBS markırından (0,90) daha yüksek bulunmuştur. *Lens orientalis* (Boiss.) Schmalh., *Lens culinaris* Medik. ile *Lens orientalis* (Boiss.) Schmalh. arasında hibridizasyon olasılığını artıran en yüksek genetik çeşitliliğe sahip tür olarak tanımlanmıştır. Bu çeşitler ayrıca sırasıyla %82,92 ve %51,92 olan yüksek seviyelerde ISSR ve iPBS markır polimorfizmleri göstermiştir. *Lens lamotei* ve *Lens tomentosus* Ladiz.'in iki markır sisteminde de en az polimorfik türler olduğu tespit edilmiştir. iPBS ve ISSR grafikleri karşılaştırıldığında, türlerin ve aksesyonların kümeler içindeki gruplandırılmasının hemen hemen benzer olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, iPBS-retrotranspozonlarının yabancı ve kültür *Lens* türlerinin moleküler karakterizasyonu için evrensel bir işaretleyici olarak önemli bir rol oynadığını bildirmişlerdir.

Cömertpay vd. (2016) 7 ülkeden 81 ticari çeltik çeşidi arasındaki genomik ilişkiyi tespit etmek için 9 iPBS retrotranspozon ve 17 SSR markırını kullanmışlardır. SSR markırları



için lokus başına ortalama 3,47, toplam 59 allel ve iPBS retrotranspozon markörleri için lokus başına ortalama 10,06, toplam 96 bant tespit etmişlerdir. Her çeşit, SSR ve iPBS retrotranspozon görüntüleri ile açıkça tanımlanabilmiştir. iPBS retrotranspozon ve SSR'a dayalı kümeleme benzerlik göstermiş ve aralarında yüksek derecede bir korelasyon bulunmuştur ( $r = 0.73$ ). SSR ve iPBS retrotranspozonlarının birleşik verilerine dayanan komşu bağlantı kümesi, çeltik çeşitlerini üç kümeye ayırmıştır. Populasyon yapısı STRUCTURE yazılımı ile belirlenmiş ve araştırılan çeşitler arasından Türk çeltik çeşitlerinin çeşitliliğinin düşük olduğunu gösteren 3 populasyon ( $K=3$ ) saptanmıştır. Sonuçlar, iPBS retrotranspozon markörlerinin çeltik çeşitlerinin genetik çeşitliliğini belirlemek için çok güçlü bir teknik olduğunu göstermiştir.

Borna vd. (2016) 89 aslankuyruğu (*Leonurus cardiaca* L.) genotipinin genetik ilişkisini araştırdıkları çalışmada, 7 iPBS primeri kullanarak toplam 191 bant elde etmişlerdir. Araştırma sonucunda iPBS primerlerinin aslankuyruğu bitkisinin genetik çeşitliliğini ortaya çıkarabileceğini belirlemişlerdir.

Karık vd. (2019) 26 il ve 4 coğrafik bölgeden toplanan 94 Türk Defne genotipinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını incelemek için 13 iPBS markırını kullanmışlardır. Analiz sonucunda 164'ü polimorfik olmak üzere toplamda 195 bant elde etmişler ve polimorfizm oranını %84.1 olarak tespit etmişlerdir.

Ali vd. (2019) çalışmasında, Asteraceae familyasına ait Aspir (*Carthamus tinctorius* L.) bitkilerinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını incelemek için 28 farklı ülkeden gelen 131 aspir çeşidini 13 iPBS retrotranspozon markırını kullanarak araştırmayı hedeflemişlerdir. 275'i (%93.22) polimorfik olan toplam 295 iPBS bantı gözlemlemişlerdir.

Bonchev ve Vassilevska (2019) retrotranspozon bazlı iPBS markır yöntemi ile *Helianthus annuus* L., *Echinaceae purpurea* L., *Tagetes* sp., *Tithonia rotundifolia* (Mill.) S.F. Blake ve *Verbesina encelioides* Benth. & Hook.f. cinslerini inceleyerek Asteraceae familyasındaki genetik çeşitliliği değerlendirmişlerdir. Seçilen iki iPBS primeri (2222 ve 2224), sırasıyla %44,8-93,3 (ortalama %70) ve %85,7-100 (ortalama %89,5) ile türler arasında polimorfizm göstermiştir. Polimorfizm tespit edilen *Helianthus* çeşitleri arasında iPBS belirteçleri (%35,7 ve %19,1) ve aynı anda tek bir melezin nesiller arası melezleri arasında (%28,6 ve %40) tür içi düzeyde genetik ayrışmaya imkan sağladığını bildirmişlerdir. *Helianthus* çaprazlamalarında sırasıyla iPBS markörü ve ebeveyn genomunun kalıtımı, yabancı türlerin orijin belirteçlerinin rastgele olmayan eliminasyonu ve

*Helianthus*'a özgü belirteçlerin tercihli bir kalıtımı olarak kendini göstermiştir. Bu dengesizlik, LTR faktörlerini içeren genomik yeniden şekillenmeyi ortaya çıkarmıştır. Sonuç olarak, iPBS yöntemi, Asteraceae türlerinin genetik çeşitliliğini değerlendirmek için güvenilir bir yaklaşım olduğunu ve ayçiçeğine benzer türlerin ıslah çalışmalarında ümitvar nitelikte kullanılabilceğini bildirmişlerdir.

Koçak vd. (2020) Van Gölü Havzası'ndan toplanan 74 *Fritillaria imperialis* genotipi arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek için 19 farklı iPBS-retrotranspozon primeri kullanılmıştır. Kullanılan 19 primerin tamamı %100 polimorfizm ile toplam 94 bant üretmiştir. Her primer için ortalama bant sayısının 4,94 ve ortalama polimorfizm bilgi içeriğinin (PIC) 0,58 olduğu belirlenmiştir. En düşük bantlı primer 2 bant, en yüksek bantlı primer 10 bant oluşturmuştur. Ortalama etkili alel sayısı 1,50, Shannon bilgi indeksi 0,47 ve gen çeşitliliği 0,30 olarak tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, Van Gölü Havzası'ndan toplanan ters lale genotiplerinin genetik farklılığının önemli düzeyde olduğunu göstermiştir. Çalışmayla birlikte, Terslale genotiplerinin genetik çeşitliliğini belirlemek için ilk defa iPBS-retrotranspozon markırının kullanılması, iPBS-retrotranspozon markır sisteminin bu türe başarıyla uygulanabileceğini göstermiştir.

Vanıjajıva vd. (2020) Tayland'ın farklı bölgelerinden toplanan 96 Asteraceae ailesine ait *Cissampelopsis* türünde retrotranspozon (iPBS) sistemini, genetik çeşitliliği belirlemek için kullanmışlardır. Toplam 120 iPBS bandı var/yok özelliklerine göre skorlayarak, UPGMA ve PCoA analizinden elde edilen sonuçlar ile beraber *C. corifolia* ve *C. volubilis*'in farklı türler olduğunu tespit etmişlerdir. *C. volubilis* popülasyonu arasındaki ve içindeki genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma, *C. corifolia*'nunkinden daha yüksek bulunmuştur. Ancak, iki türün moleküler varyans (AMOVA) analizi popülasyon içindeki genetik varyans değerinin, her türün popülasyonları arasındaki genetik varyans değerinden daha yüksek olduğunu göstermiştir. İki *Cissampelopsis* türü arasındaki genel çeşitliliğin ve popülasyon farklılaşma düzeyindeki farklılıkların, *Cissampelopsis* popülasyonunun genetik bileşiminin bölgesel dağılımla tutarlı olduğunu göstermiştir. Bu çalışmayla, iPBS markır sisteminin genetik çeşitliliğini ve yapıyı tahmin etmedeki etkinliğini tespit etmişlerdir.

## **3. MATERYAL VE YÖNTEM**

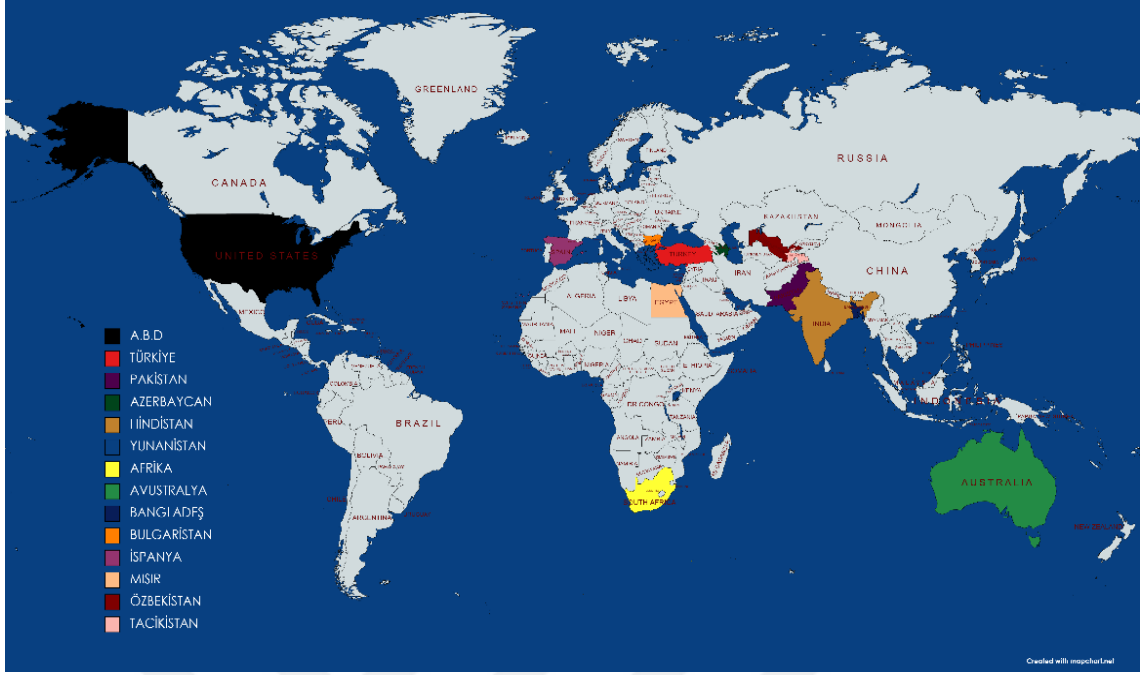
### **3.1. Materyal**

#### **3.1.1. Bitki Örnekleri**

Bu çalışma Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü genetik stoğundan alınan 14 farklı ülkeye ait 30 pamuk çeşidiyle yapılmıştır. Çalışma Müdürlüğün biyoteknoloji laboratuvarında yürütülmüştür. Çalışmada kullanılan pamuk çeşitlerinin özellikleri ile Dünya üzerindeki orijinleri sırasıyla Çizelge 3.1. ve Şekil 3.1 de verilmiştir.

**Çizelge 3.1.** Çalışmada kullanılan pamuk çeşitleri ve özellikleri.

Sıra No	Çeşit/Hat Adı	Tür	Çırcır Randımanı (%)	Lif İnceliği (mic.)	Lif Uzunluğu (mm)	Lif Kopma Dayanıklılığı (g/teks)	Orjin
1	Deltapine 20	<i>G.hirsutum</i>	39,5	3,7	34,7	37,5	A.B.D.
2	Stoneville 474	<i>G.hirsutum</i>	43,7	4,4	28,6	31	A.B.D.
3	TAM B 139	<i>G.hirsutum</i>	37,8	3,9	35,5	36,1	A.B.D.
4	Acala N 28-5	<i>G.hirsutum</i>	43	3,4	25,3	30,1	A.B.D.
5	Alba Acala 70	<i>G.hirsutum</i>	34,9	3,2	35,1	36,9	A.B.D.
6	TX No: 2382	<i>G.hirsutum</i>	29,2	4	37,3	36,6	A.B.D.
7	SC-2079	<i>G.hirsutum</i>	42	4,7	31	33,5	Türkiye
8	Selin	<i>G.hirsutum</i>	44	4,6	29,5	31,5	Türkiye
9	Harem 2	<i>G.hirsutum</i>	43,4	4,7	31	31	Türkiye
10	Selçuk Bey	<i>G.hirsutum</i>	44	4	30	33	Türkiye
11	Nazilli 84	<i>G.hirsutum</i>	42,5	4,5	28,7	30,48	Türkiye
12	Shazbaz	<i>G.hirsutum</i>	44,8	3,8	28,1	29	Pakistan
13	Malmal-MNH-786	<i>G.hirsutum</i>	40,3	3,4	37,7	37,3	Pakistan
14	FH 142	<i>G.hirsutum</i>	41,1	4,2	35,5	40,8	Pakistan
15	NIAB 874	<i>G.hirsutum</i>	37	3,8	35,1	34,9	Pakistan
16	CİM-70	<i>G.Hirsutum</i>	32,6	3,6	28,4	30,2	Pakistan
17	AĞDAŞ 7	<i>G.Hirsutum</i>	35,9	4,9	34,4	39,8	Azerbaycan
18	AzGR-11468	<i>G.Hirsutum</i>	36,2	4,7	32,3	36,9	Azerbaycan
19	Brown Egyptian	<i>G.Hirsutum</i>	35,2	4,6	29,3	34,7	Hindistan
20	Maydos Yerlisi	<i>G.Herbaceum</i>	25	3,9	24	28,4	Hindistan
21	CAMPU	<i>G.Hirsutum</i>	41,8	3,8	29,3	31,9	Yunanistan
22	Penta	<i>G.Hirsutum</i>	45	5,5	30,6	34,4	Yunanistan
23	TOGO	<i>G.Hirsutum</i>	37,9	4,3	29,5	33,1	Afrika
24	Fibermax 819	<i>G.Hirsutum</i>	39,4	4,1	29,8	31,8	Avustralya
25	Hill Cotton 3	<i>G.Arboreum</i>	22	5,4	21,3	26,3	Bangladeş
26	Darmi	<i>G.Hirsutum</i>	34,8	4,4	29,3	34,9	Bulgaristan
27	Viky (ES-20021)	<i>G.Hirsutum</i>	42,9	4,9	29,1	33,4	İspanya
28	Giza 59	<i>G.Barbadense</i>	33	3,5	34	39	Mısır
29	Taashkent	<i>G.Hirsutum</i>	38	3,9	29,3	30,5	Özbekistan
30	Sugdiyov-2	<i>G.Hirsutum</i>	36,4	3,6	33,2	37,9	Tacikistan



Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan pamuk çeşitlerinin Dünya haritasındaki orjinleri.

### 3.1.2. Kullanılan Alet ve Cihazlar

Çalışmada kullanılan alet ve cihazların isimleri, marka ve modelleri aşağıda verilmiştir;

- Buzdolabı (Vestel Dova 555 Deep)
- Derin Dondurucu (Vestel FT 280)
- Hassas Terazı (Denver İnstrument)
- Manyetik Karıştırıcı (Velp Scientifica)
- Etüv (Memmert)
- Otoklav (HMC Hıclave HV-50L)
- Mikrodalga Fırın (Vestel MD-GDX23A)
- Santrifüj (Hettich Mikro 200R)
- Vorteks (Labnet VX100)

- Saf Su Cihazı (Puris Evo RO Dico 10-M)
- Buz Makinesi (ITV Ice Makets IQ 85C)
- -86 °C Soğutucu (Hettich Freezer)
- Otomatik Mikro Pipetler (10-100-1000 µl) - (Eppendorf)
- Güç Kaynağı (Thermo Electron Corporation EC250-90)
- Elektroforez Sistemi (OWL A2 Speration Systems)
- Jel Görüntüleme Sistemi (Vilber Lourmat)
- Nanophotometer (İmplen Nanophotometer P330)
- Thermal Cycler (GeneAmp PCR System 9700)

### 3.1.3. Genomik DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar

Bitkilerin DNA izolasyonunda, Bitki Genomik DNA İzolasyon Kiti (Hibrigen) kullanılmıştır. Kit içeriği ve miktarları Çizelge 3.2’de verilmiştir.

**Çizelge 3.2.** Kit içeriği ve miktarları.

İçerik	Miktar
BL Tamponu	34 ml
BB Tamponu	20 ml
BY Tamponu	24 ml
BTE Tamponu	3 ml
RNaz A	5 mg
Filtreli Tüpler	50 adet

### 3.1.4. PZR ve Elektroforez İçin Kullanılan Çözelti ve Kimyasallar

#### ▪ 0.5 M EDTA (pH:8.00) Hazırlama

186.1 g EDTA 800 ml saf su içerisinde manyetik karıştırıcıda çözündürüldükten sonra NaOH ile pH:8.0’e ayarlanmıştır. Hacim 1000 ml’ye saf suyla tamamlanmıştır.

#### ▪ **Stok 50X TAE Tamponu Hazırlama**

242 g Tris Base bir miktar saf suda çözüldürülmüştür. Üzerine 57.1 ml asetik asit eklenerek karıştırılmıştır. Hazırlanan 0.5 M EDTA'dan 100 ml eklenmiştir. Hacim 1000 ml'ye saf suyla tamamlanmıştır.

#### ▪ **1X TAE Tamponu Hazırlama**

Hazırlanan 50X TAE'den 20 ml alınarak hacim 1000 ml'ye saf suyla tamamlanmıştır.

#### ▪ **Agarose (BioShop)**

Genomik DNA ve PZR ürünlerinin elektroforezi için jel hazırlığında ticari olarak satılan agarose kullanılmıştır.

#### ▪ **6X DNA Loading (1 ml) (ABM)**

Örneklerin jele yüklenmesi için ticari olarak satılan 6X DNA yükleme boyası kullanılmıştır.

#### ▪ **SYBR Safe Jel Boyası (1 ml) (Hibrigen)**

PZR ürününün jelde görüntülenmesi için ticari olarak satılan SYBR Safe Jel boyası kullanılmıştır.

#### ▪ **Primerlerin Hazırlanması**

Kullanılan primerler üretici firmanın önerdiği miktarda sulandırılarak stok solüsyonu, daha sonra da 1/2 oranında saf suyla seyreltilerek çalışma solüsyonları hazırlanmıştır.

#### ▪ **PZR Master Mix II (5X) (GeneMark)**

PZR için ticari olarak satılan ve içeriğinde kalıp DNA ve primer hariç gerekli bütün bileşenleri içeren Master Mix kullanılmıştır.

#### ▪ **Stok 5X TBE Tamponu Hazırlama**

54 g Tris Base bir miktar saf su içerisinde çözüldürüldükten sonra 27.5 g Borik Asit eklenip çözüldürülmüştür. Üzerine 20 ml 0.5 M EDTA eklenip hacim 1000 ml'ye saf suyla tamamlanmıştır.

#### ▪ **1X TBE Tamponu Hazırlama**

5X TBE'den 200 ml alınıp hacim 1000 ml'ye saf suyla tamamlanmıştır.

### ▪ 1 kb ve 100 bp DNA Ladder (abm)

Genomik DNA ve PZR ürünlerinin büyüklüklerini tespit etmek amacıyla ticari olarak satılan 1 kb ve 100 bp DNA ladder kullanılmıştır.

## 3.2. Yöntem

### 3.2.1. Çalışmada Kullanılan Malzemelerin Hazırlanması

Çalışmada kullanılan solüsyonlar, cam malzemeler ve ısıya dayanıklı diğer malzemeler çalışmaya başlamadan önce 121 °C'de 20 dakika süreyle 1 atmosfer basınçta otoklavlanarak sterilize edilmiştir. Etüvde 80 °C'de 2 saat kurutulmuştur. Isıya karşı dayanıklı olmayan malzemeler kontaminasyonu önlemek amacıyla bir defa kullanılarak atılmıştır.

### 3.2.2. Bitkilerin Ekimleri

İklim odasında kullanılacak plastik bardaklar 1/3 toprak, 1/3 kum, 1/3 torf karışımı ile doldurulmuştur. 30 farklı pamuk çeşidi 3 tohum halinde iklim odası koşullarında plastik bardaklara ekilmiştir. Çeşitlerin iklim odası koşullarındaki görüntüsü Resim 3.1'de verilmiştir.





**Resim 3.1.** Çeşitlerin iklim odası koşullarındaki görüntüsü.

İlk çıkışlardan sonra en iyi gelişme gösteren bitkiler seçilmiş ve diğer bitkilerde sökülmüştür. Yaklaşık 3 hafta boyunca her bitkiden taze yapraklar toplanmıştır. Tek bitki seyreltisi sonrası taze yaprak görüntüsü Resim 3.2’de verilmiştir.



**Resim 3.2.** Tek bitki seyreltisi sonrası taze yaprak görüntüsü.

Bu süre içerisinde pamuk çeşitlerinde PZR ürünü ve polimorfizm gösteren primerlerin tespiti için rastgele seçilen bir çeşit üzerinde 83 adet iPBS-retrotranspozon markılarıyla PZR analizi yapılarak en iyi sonuç veren 30 primer popülasyona uygulanmak üzere seçilmiştir. Genomik DNA izolasyonu için yeterli miktarda toplanan taze yapraklar -86 °C'de saklanmıştır.

### 3.2.3. DNA İzolasyonu

#### 3.2.3.1. Bitki Genomik DNA İzolasyon Kiti (Hibrigen) Protokolü

30 pamuk çeşidinin DNA izolasyonu aşağıdaki protokol izlenerek gerçekleştirilmiştir.

1) 50 - 100 mg bitki örneği sıvı azot yardımı ile havanda ezilerek homojenize edilmiş ve 2 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne konulmuştur. Örneklerin sıvı azotla havanda ezilme görüntüsü Resim 3.3'de verilmiştir.



**Resim 3.3.** Örneklerin sıvı azotla havanda ezilmesi.

2) Üzerine önceden 60 °C'de bekletilmiş olan 650 µl BL Tamponu ve 10 µl RNaz A (10mg/ml) eklenmiştir.

3) Örnekler iyice vortekslenmiştir. Etkin bir lizis aşaması için homojen bir karışım oluşturulması sağlanarak, ardından 60 °C de 20 dk. inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon süresince 2-3 dakikada bir yavaşça birkaç kez alt üst edilmiştir.

4) Örneklerin üzerine 400 µl BB Tamponu eklenmiş ve yavaşça 10-15 kez alt üst edilmiştir. Etkin bir faz oluşumu için homojen bir karışım oluşturulması sağlanmıştır.

5) 14.000 rpm'de 15 dk. oda sıcaklığında santrifüj edilmiştir.

6) Üst fazdan 400 µl alınıp yeni bir 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne aktarılmıştır. Üzerine 400 µl BB Tamponu eklenmiş ve yavaşça 10-15 kez alt üst edilmiştir.

7) Hazırlanan karışımın 750 µl'si alınıp kolona aktarılmıştır. 12.000 rpm'de 3 dk. ve 4 °C'de santrifüj edilmiştir. Toplama tüpüne süzülen sıvı atılmıştır.

8) Kolona 500 µl BY Tamponu eklenmiştir. 12.000 rpm'de 1 dk. ve 4 °C'de santrifüj edilmiştir. Toplama tüpüne süzülen sıvı atılmıştır.

9) 8. Basamak 2 kez daha tekrar edilmiştir.

10) Filtreli tüpün membranının tamamen kuruması için hiçbir sıvı eklenmeden 12.000 rpm'de 3 dk. santrifüj edilmiştir. Toplama tüpü süzülen sıvı ile birlikte atılmıştır.

11) Filtreli tüp temiz 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne alınmış ve membran üzerine 50 µl BTE Tamponu eklenmiştir. Oda sıcaklığında 2 dk. inkübe edilmiş ve ardından 12.000 rpm'de 2 dk. santrifüj edilmiştir. İzole edilmiş DNA tüp içerisinde gözlemlenmiştir. DNA örneklerini saklamak için -20°C'de muhafaza edilmiştir.

### **3.2.4. DNA Miktarının ve Saflığının Belirlenmesi**

#### **3.2.4.1. Nanofotometre ile Ölçüm**

Cihaz, dsDNA ölçümü için ayarlanmıştır. DNA izolasyon kitinin son basamağında kullandığımız BTE Tamponuyla kör ayarı yapılmıştır. Örneklerden 1 µl alınıp,

nanofotometre de OD260 ve OD280 nm dalga boyundaki okumaları yapılarak DNA miktarı belirlenmiştir. OD260/OD280 oranıyla DNA'nın saflığı belirlenmiştir. DNA'nın saf elde edilmesi için bu oranın 1.7-1.9 arasında olması gerekir. 1.7'den düşük oran, örnekte protein varlığına, 1.9'dan yüksek oran ise örnekte fenol ve RNA varlığına işaret etmektedir.



**Resim 3.4.** Nanofotometre ile DNA miktar ve saflık ölçümü.

### 3.2.5. DNA Örneklerinin Agaroz Jele Yüklenmesi

%1'lik agaroz jel hazırlamak için 250 ml 1X TAE içerisine 2,5 g Agaroz tartılarak mikrodalgada 5 dk. kaynatılmıştır. Üzerine 4 µl SYBR Safe jel boyası eklenmiştir. 50-55°C'ye kadar soğuması için beklenmiştir. Jel tankına dökülerek taraklar yerleştirilmiştir. Jelin donması için bir süre beklenmiştir. Dikkatli bir şekilde tarak çıkartılmıştır. 1X TAE tamponu içerisine jel tankı yerleştirilmiştir. Her bir örnek için strip içerisine 2 µl DNA örneği, 1 µl 6X DNA yükleme boyası ve 2 µl up su eklenerek karıştırılmıştır. Kuyucuklara 5

µl örnek yüklenmiştir. 1 kb DNA markırından 5 µl örneklerin başına ve sonuna eklenerek 75 voltta 2 saat yürütülmüştür. Jel elektroforez tankından alınarak görüntüleme cihazı içerisinde 312 nm dalga boyunda görüntüsü alınmıştır.

### 3.2.6. DNA Amplifikasyonu ve Primerler

Çalışmada 30 adet iPBS primeri kullanılmış ve bütün primerler amplifikasyon göstermiştir. Primerlerin isimleri, DNA dizilimleri, baz sayıları ve bağlanma sıcaklıkları çizelge 3.3.'de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Primerlerin özellikleri ve bağlanma sıcaklıkları

Sıra No	Adı	DNA Dizilimi	BP	TM
1	2074	5'-GCTCTGATACCA-3'	12	50 °C
2	2075	5'-CTCATGATGCCA-3'	12	50 °C
3	2077	5'-CTCACGATGCCA-3'	12	55 °C
4	2232	5'-AGAGAGGCTCGGATACCA-3'	18	55 °C
5	2239	5'-ACCTAGGCTCGGATGCCA-3'	18	55 °C
6	2249	5'-AACCGACCTCTGATACCA-3'	18	51 °C
7	2253	5'-TCGAGGCTCTAGATACCA-3'	18	51 °C
8	2272	5'-GGCTCAGATGCCA-3'	13	55 °C
9	2273	5'-GCTCATCATGCCA-3'	13	55 °C
10	2276	5'-ACCTCTGATACCA-3'	13	50 °C
11	2277	5'-GGCGATGATACCA-3'	13	50 °C
12	2279	5'-AATGAAAGCACCA-3'	13	50 °C
13	2373	5'-GAACTTGCTCCGATGCCA-3'	18	51 °C
14	2374	5'-CCCAGCAAACCA-3'	12	53 °C
15	2375	5'-TCGCATCAACCA-3'	12	50 °C
16	2376	5'-TAGATGGCACCA-3'	12	52 °C
17	2378	5'-GGTCCTCATCCA-3'	12	53 °C
18	2379	5'-TCCAGAGATCCA-3'	12	50 °C
19	2380	5'-CAACCTGATCCA-3'	12	52 °C
20	2381	5'-GTCCATCTTCCA-3'	12	50 °C
21	2382	5'-TGTTGGCTTCCA-3'	12	52 °C
22	2385	5'-CCATTGGGTCCA-3'	12	50 °C
23	2386	5'-CTGATCAACCCA-3'	12	52 °C
24	2387	5'-GCGCAATACCCA-3'	12	52 °C
25	2388	5'-TTGGAAGACCCA-3'	12	50 °C
26	2390	5'-GCAACAACCCCA-3'	12	55 °C
27	2391	5'-ATCTGTCAGCCA-3'	12	52 °C
28	2392	5'-TAGATGGTGCCA-3'	12	50 °C
29	2393	5'-TACGGTACGCCA-3'	12	50 °C
30	2395	5'-TCCCCAGCGGAGTCGCCA-3'	18	53 °C

### 3.2.7. iPBS-PZR Analizleri

DNA örnekleri PZR analizi için seyreltme yapılmadan kullanılmıştır. PZR işlemi için aşağıdaki protokol izlenmiştir;

0,2 ml'lik striplere 2  $\mu$ l DNA, 2  $\mu$ l primer, 5  $\mu$ l master mix, ve 16  $\mu$ l up su ilave edilerek hacim 25  $\mu$ l'ye tamamlanmıştır. Örnekler PZR cihazına yerleştirilmiştir. PZR ürününün hazırlanması Resim 3.5'de verilmiştir.



**Resim 3.5.** PZR ürününün hazırlanması.

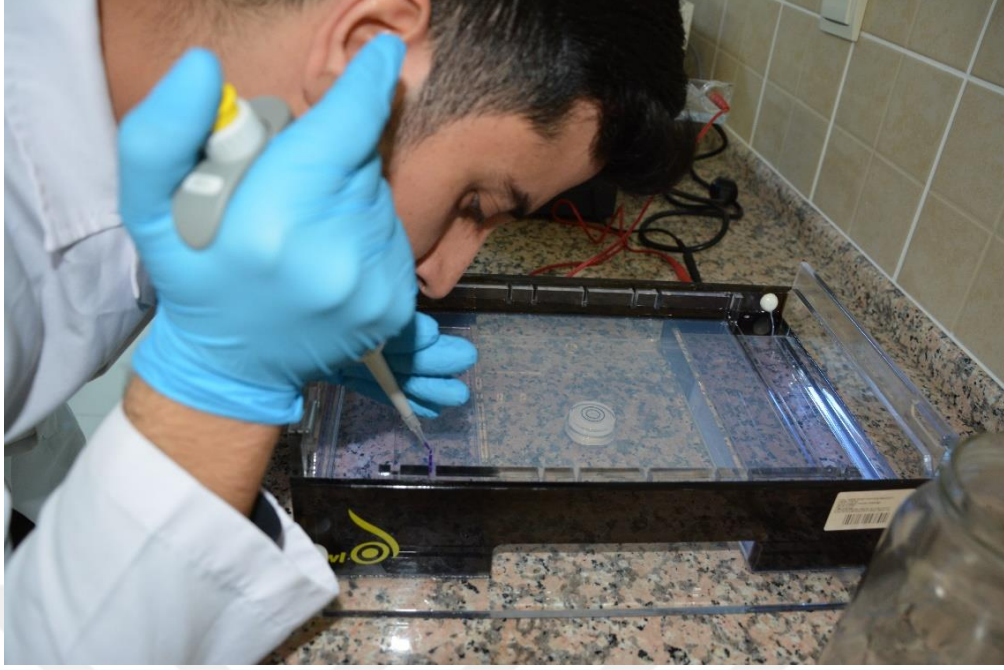
PZR programı 95°C'de 4 dk. ön denatürasyon, 30 döngü halinde 95°C'de 15 sn. 50-55°C'de 1 dk. 68°C'de 1 dk. ve son uzama için 68°C'de 5 dk. olacak şekilde ayarlanmıştır. Örneklerin Thermal Cycler cihazına yerleştirilmesi Resim 3.6'da verilmiştir. PZR'dan çıkan örnekler +4°C'de muhafaza edilmiştir.



**Resim 3.6.** Örneklerin Thermal Cyler cihazına yerleştirilmesi.

### 3.2.8. PZR Ürününün Agaroz Jel Elektroforezi

PZR ürününün jele yüklenmesi için %1,5'lik agaroz jel hazırlandı. Bu amaçla 3,75 g Agaroz 250 ml 1X TBE içerisine eklenerek mikrodalgada 5 dk. kaynatıldı. Üzerine 5 µl SYBR Safe Jel boyası eklendi. Soğuması için 50- 55°C'ye kadar beklendi. Jel tankına dökülerek taraklar yerleştirildi. Jelin donması için bir süre beklendi. Dikkatli bir şekilde tarak çıkartıldı. 1X TBE tamponu içerisine jel tankı yerleştirildi. Her bir örnek için strip içerisine 15 µl PZR ürünü, 2 µl 6X DNA yükleme boyası eklenerek karıştırıldı. 17 µl örnek kuyucuklara yüklendi. 100 bp DNA markırından 5 µl örneklerin başına ve sonuna yüklendi. PZR ürününün jele yüklenmesi Resim 3.7'de yükleme jelinin son halide Resim 3.8'de verilmiştir.



**Resim 3.7.** PZR ürününün jele yüklenmesi.



**Resim 3.8.** Yükleme jelinin son hali.



2,5 saat süreyle 80 voltta yürütüldü. PZR ürününün agaroz jel elektroforezinde yürütülmesi Resim 3.9'da verilmiştir. Jel, elektroforez tankından alınarak, görüntüleme cihazı içerisinde 312 nm dalga boyunda görüntüsü alındı.



**Resim 3.9.** PZR ürününün agaroz jel elektroforezinde yürütülmesi.

### 3.2.9. Markır Analiz Sonuçlarının Skorlanması

PZR görüntülerinin değerlendirilmesi, her örneğin bantları için varsa (1) veya yoksa (0) olacak şekilde, elde edilen veriler Microsoft Office Excel dosyasında kayıt edilmiştir. Var olan bantlar primerin hibridize olduğunu ve primerdeki DNA diziliminin incelenen örneklerin DNA'sında bulunduğu anlamına gelmektedir.

### 3.2.10. PIC Değerlerinin Hesaplanması

Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), bir popülasyondaki polimorfizmleri tanımlamak için kullanılan markır değerini ifade etmektedir. PIC değeri, polimorfik alellerin sayısına ve bunların frekans dağılımına bağlıdır ve her bir markırın polimorfizm oranını ayırt etme yeteneğini göstermektedir. Değer aralığı 0-1'dir (Botstein vd., 1980). Aşağıdaki formülde

gösterildiği gibi, her bir primerin PIC değeri hesaplanmıştır. Sayı 1'e ne kadar yakınsa, ayırimda o kadar yüksek olur (Anderson vd., 1993). PIC değerleri PowerMarker version 3.25 paket programı kullanılarak hesaplanmıştır.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

**n:** her bir markör için toplam allel sayısı

**pi:** allel frekansı

### 3.2.11. Genetik Farklılığın Belirlenmesi

Genotipler arasındaki genetik benzerlik değerleri NTSYS (Numerical Taxonomy Multivariate Analysis System, NTSYS-pc version 2.10) paket programı kullanılarak analiz edilmiştir (Rohlf, 2000). iPBS markır skorlaması sonucu elde edilen 1 ve 0 değerleri text dosyasına dönüştürülmüş ve matriks oluşturularak genetik benzerlik katsayısı NEI72 metoduna göre hesaplanmıştır. Bireyler arasındaki benzerlik indeksleri hesaplanmıştır. Aynı zamanda UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average) kümeleme analiziyle NEI72 katsayısı kullanılarak bir benzerlik matriksi oluşturulmuş ve dendogram yoluyla gruplar belirlenmiştir. Genotipleri kıyasladığımızda bu değerlerin 1'e yaklaşması benzerliklerinin az olduğunu, 0'a yaklaşması ise genetik olarak yakın olduklarını göstermektedir.

### 3.2.12. Temel Bileşenler Analizi

İki boyutlu grafik üzerinde bireyler arasındaki mesafeleri gösteren Temel Bileşenler Analizi (PCA: Principle Component Analizi) (Eigenvalues >0.9880 olarak seçilmiş) JMP programı kullanılarak yapılmıştır.

## 4. BULGULAR

### 4.1. Nanofotometre ile DNA Miktarının ve Saflığının Belirlenmesi

Çizelge 4.1.'de Pamuk çeşitlerinin DNA miktarları ve saflık değerleri verilmiştir.

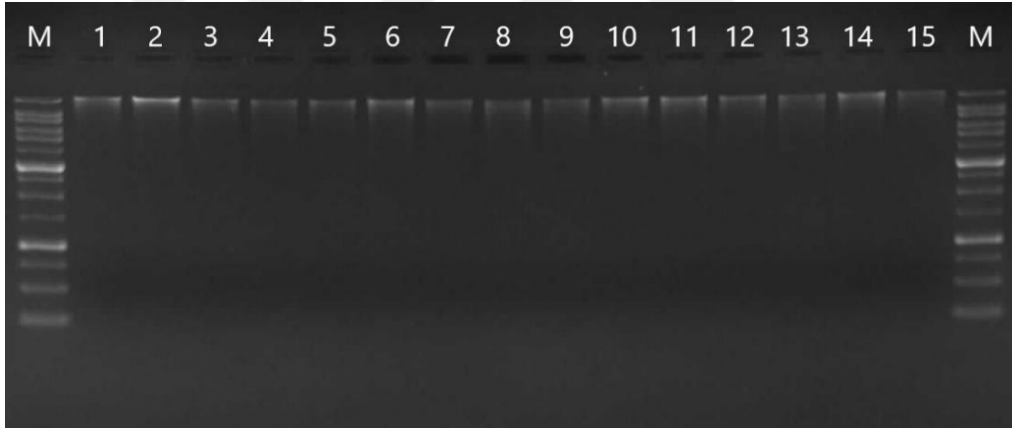
Çizelge 4.1. Pamuk çeşitlerinin DNA miktarları ve saflık değerleri.

Sıra No	Çeşit Adı	A <sub>260</sub> (nm)	A <sub>260</sub> / A <sub>280</sub> (nm)	DNA Miktarı (ng/µl)
1	Deltapine 20	0.084 A	1.844	41.5
2	Stoneville 474	0.135 A	1.757	65.0
3	TAM B 139	0.076 A	1.875	37.5
4	Acala N 28-5	0.077 A	1.900	38.0
5	Alba Acala 70	0.081 A	1.727	38.0
6	TX No: 2382	0.093 A	1.860	46.5
7	SC-2079	0.069 A	1.833	33.0
8	Selin	0.084 A	1.620	40.5
9	Harem 2	0.070 A	1.737	33.0
10	Selçuk Bey	0.081 A	1.818	40.0
11	Nazilli 84	0.104 A	1.724	50.0
12	Shazbaz	0.073 A	1.780	36.5
13	Malmal-MNH-786	0.065 A	1.806	32.5
14	FH 142	0.095 A	1.840	46.0
15	NIAB 874	0.069 A	1.943	34.0
16	CİM-70	0.088 A	1.830	43.0
17	AĞDAŞ 7	0.097 A	1.827	47.5
18	AzGR-11468	0.080 A	1.814	39.0
19	Brown Egyptian	0.078 A	1.878	38.5
20	Maydos Yerlisi	0.094 A	1.857	45.5
21	CAMPU	0.118 A	1.844	59.0
22	Penta	0.074 A	1.895	36.0
23	TOGO	0.115 A	1.852	56.5
24	Fibermax 819	0.090 A	1.872	44.0
25	Hill Cotton 3	0.139 A	1.840	69.0
26	Darmi	0.076 A	1.875	37.5
27	Viky (ES-20021)	0.073 A	1.842	35.0
28	Giza 59	0.082 A	1.860	40.0
29	Taashkent	0.094 A	1.875	45.0
30	Sugdiyön-2	0.082 A	1.884	40.5

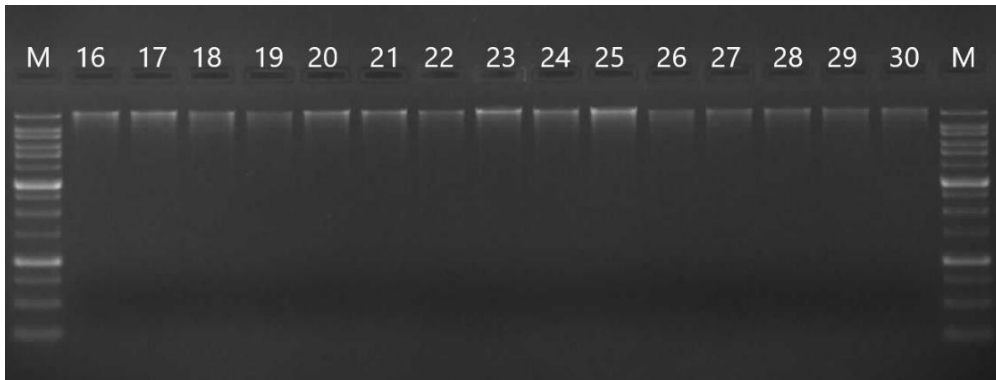
Nanofotometre ölçüm sonuçlarına göre izolasyon sonrası en yüksek DNA miktarı Hill Cotton 3 (69 ng/ $\mu$ l) çeşitinden, en düşük DNA miktarı ise Malmal-MNH-786 (32,5 ng/ $\mu$ l) çeşidinden elde edilmiştir. Saflık ifadesi olan OD260/OD280 oranlarına göre en düşük değer Selin (1,620) çeşitinden, en yüksek değer Malmal-MNH-786 (1,806) çeşitinden elde edilmiştir. Nanofotometre sonuçlarına göre iPBS-PZR analizi için DNA'nın yeterli miktarda ve saflıkta olduğuna karar verilmiştir.

## 4.2. DNA İzolasyonu

Miktar ve saflık analizinden sonra elde edilen DNA örneklerinin jel görüntüsü resim 4.1 ve 4.2'de verilmiştir.



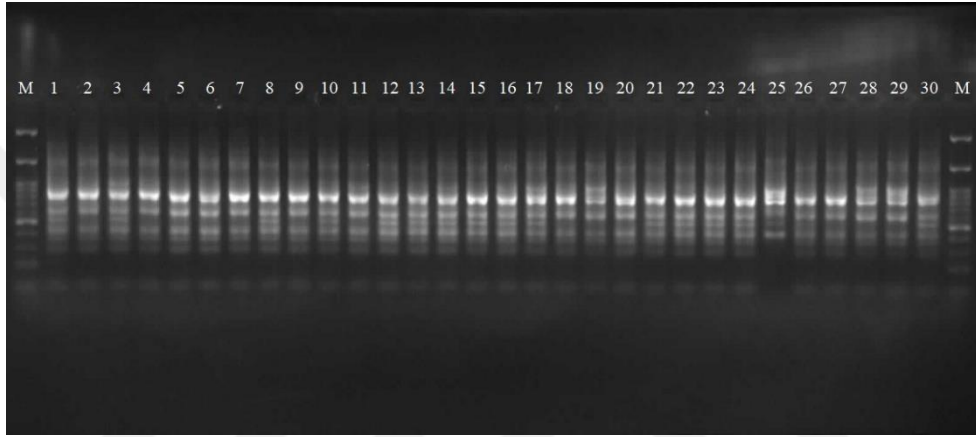
**Resim 4.1.** DNA izolasyonu sonrası pamuk çeşitlerinin (1-15) jel görüntüsü.



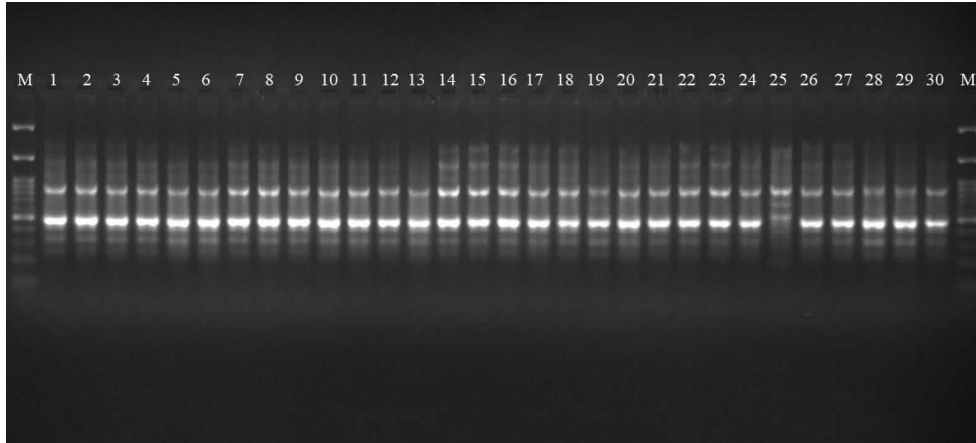
**Resim 4.2.** DNA izolasyonu sonrası pamuk çeşitlerinin (16-30) jel görüntüsü.

### 4.3. iPBS-PZR Analizleri

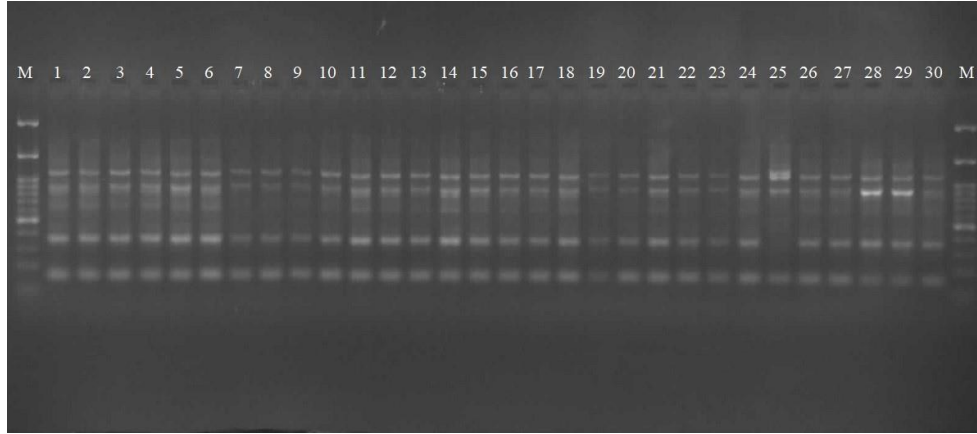
Yapılan PZR analizi sonucunda 30 adet iPBS-retrotranspozon primerinin de amplifikasyon gösterdiği belirlenmiştir. PZR sonucuna göre elde edilen jel görüntüleri resim 4.3, 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9, 4.10, 4.11, 4.12, 4.13, 4.14, 4.15, 4.16, 4.17, 4.18, 4.19, 4.20, 4.21, 4.22, 4.23, 4.24, 4.25, 4.26, 4.27, 4.28, 4.29, 4.30, 4.31, 4.32’de verilmiştir.



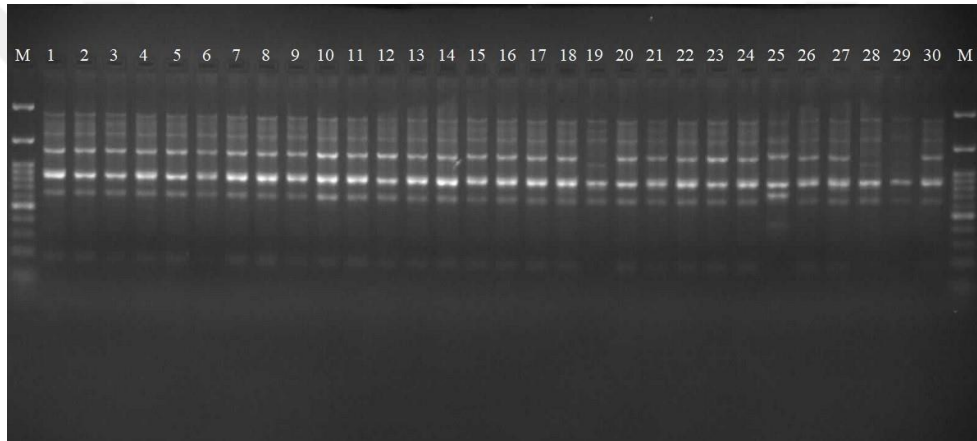
**Resim 4.3.** iPBS-2074 primerine ait jel görüntüsü.



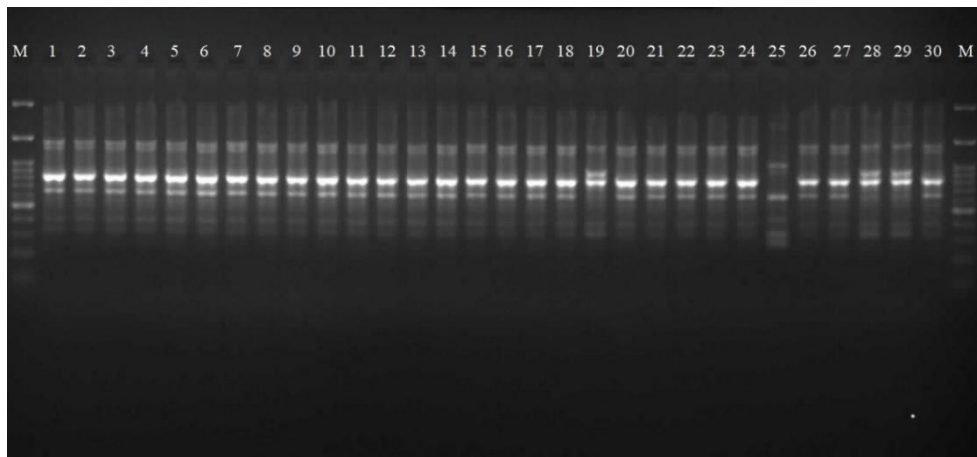
**Resim 4.4.** iPBS-2075 primerine ait jel görüntüsü.



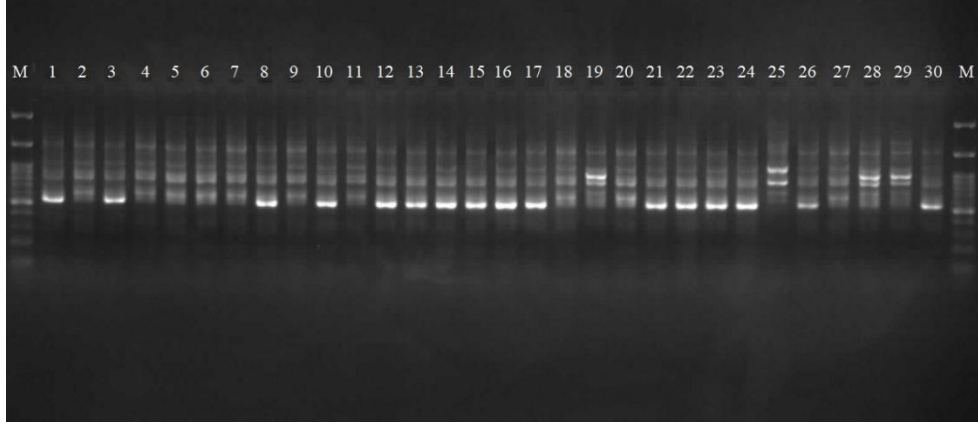
**Resim 4.5.** iPBS-2077 primerine ait jel görüntüsü.



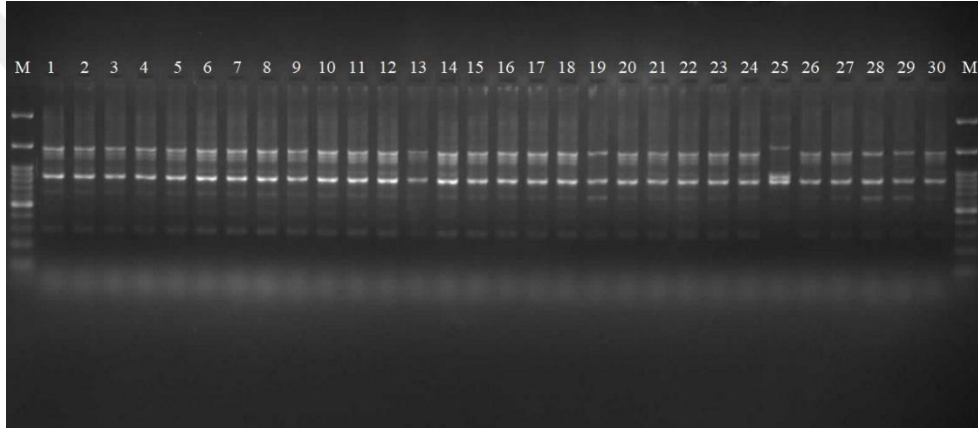
**Resim 4.6.** iPBS-2232 primerine ait jel görüntüsü.



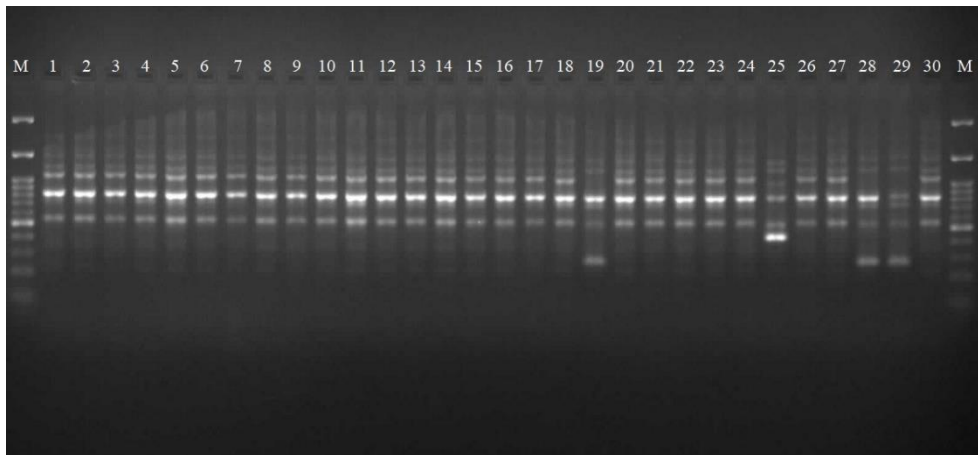
**Resim 4.7.** iPBS-2239 primerine ait jel görüntüsü.



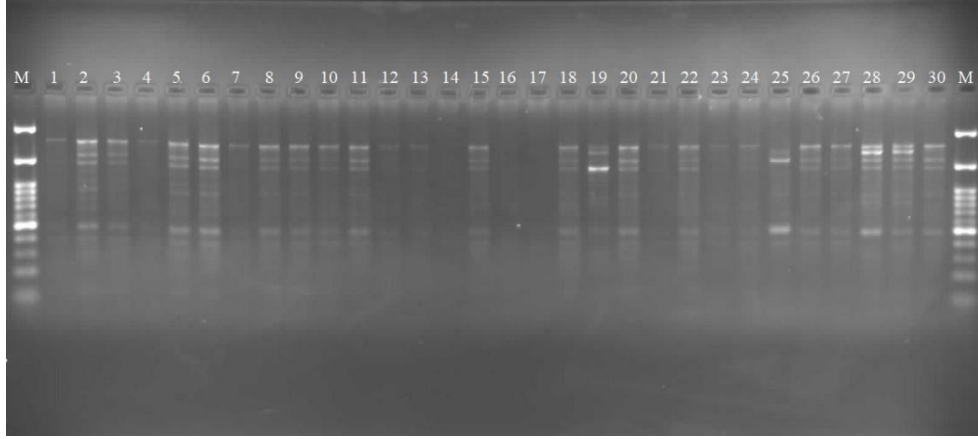
**Resim 4.8.** iPBS-2249 primerine ait jel görüntüsü.



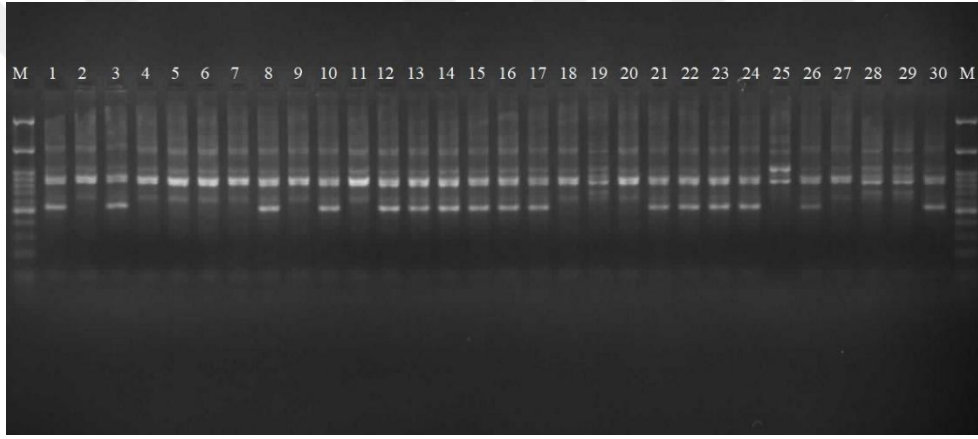
**Resim 4.9.** iPBS-2253 primerine ait jel görüntüsü.



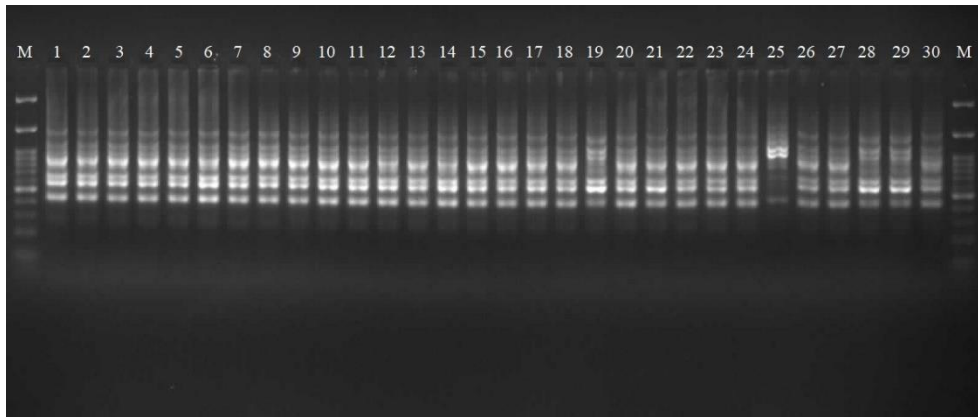
**Resim 4.10.** iPBS-2272 primerine ait jel görüntüsü.



**Resim 4.11.** iPBS-2273 primerine ait jel görüntüsü.

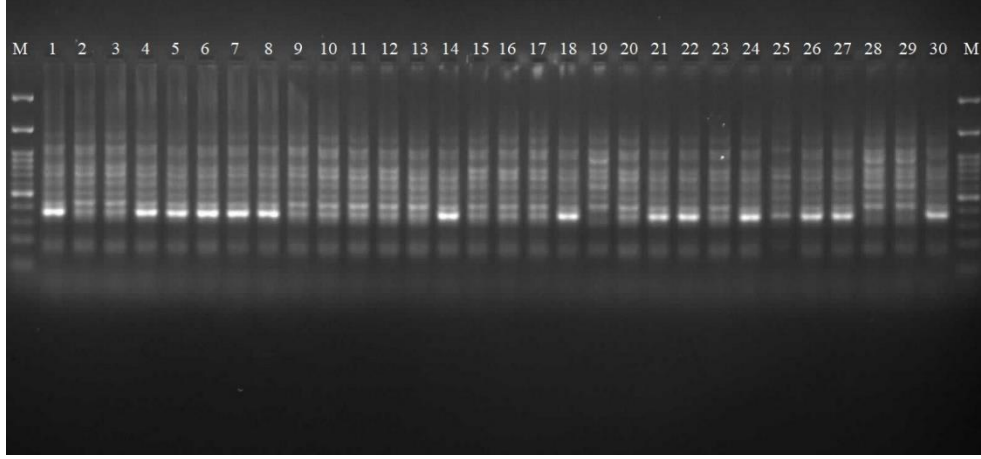


**Resim 4.12.** iPBS-2276 primerine ait jel görüntüsü.

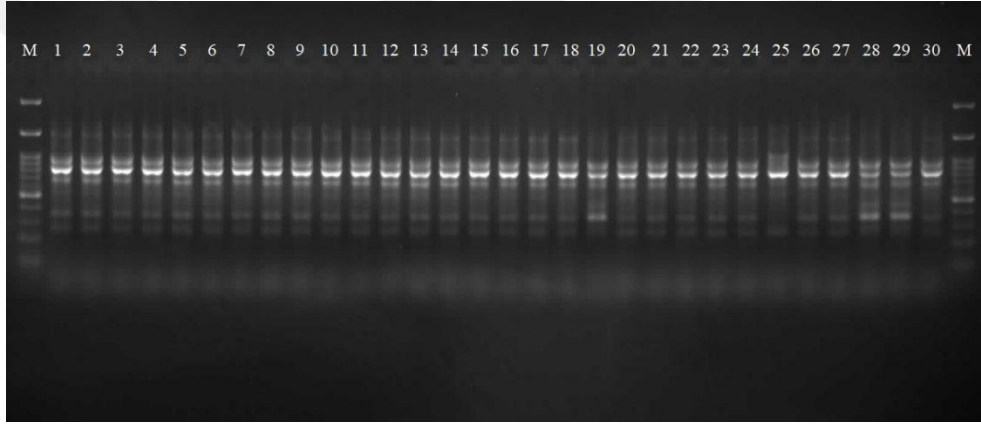


**Resim 4.13.** iPBS-2277 primerine ait jel görüntüsü.

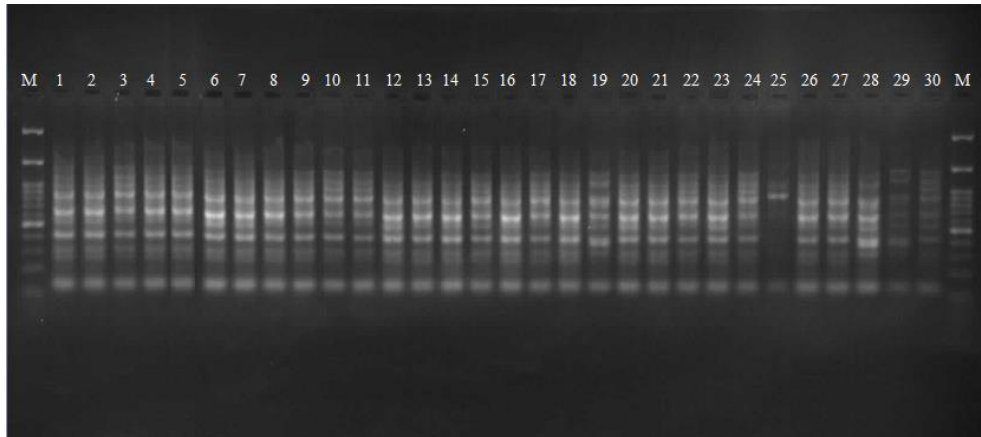




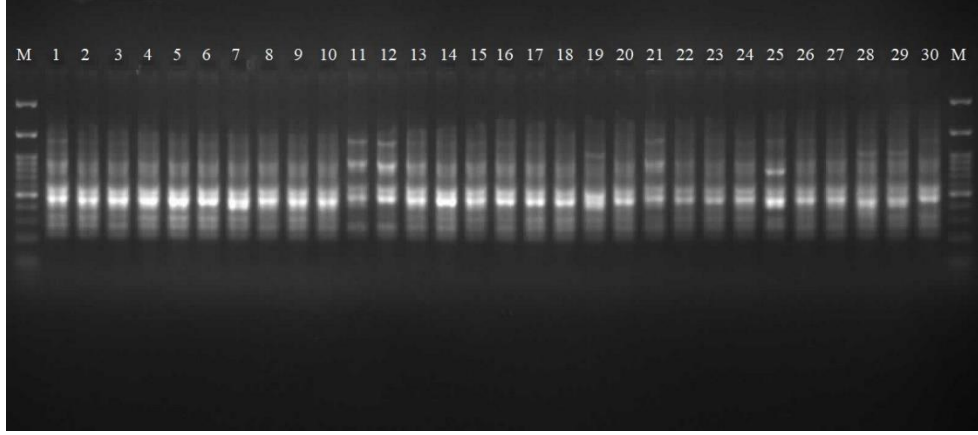
**Resim 4.14.** iPBS-2279 primerine ait jel görüntüsü.



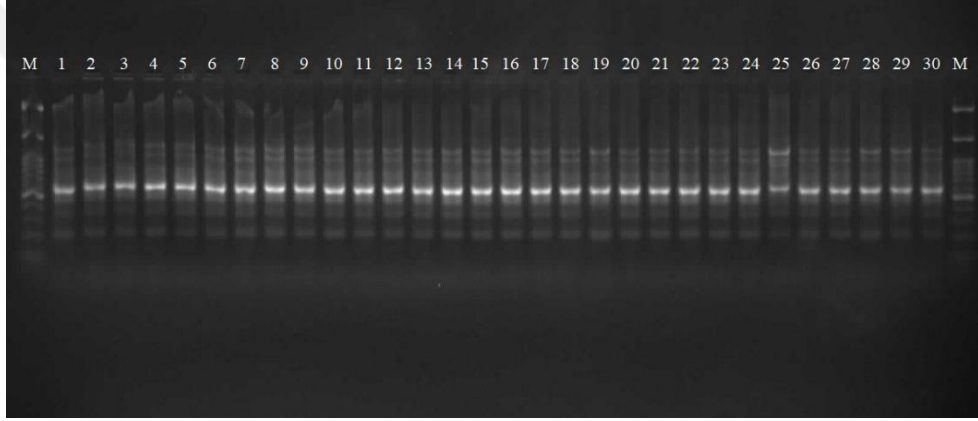
**Resim 4.15.** iPBS-2373 primerine ait jel görüntüsü.



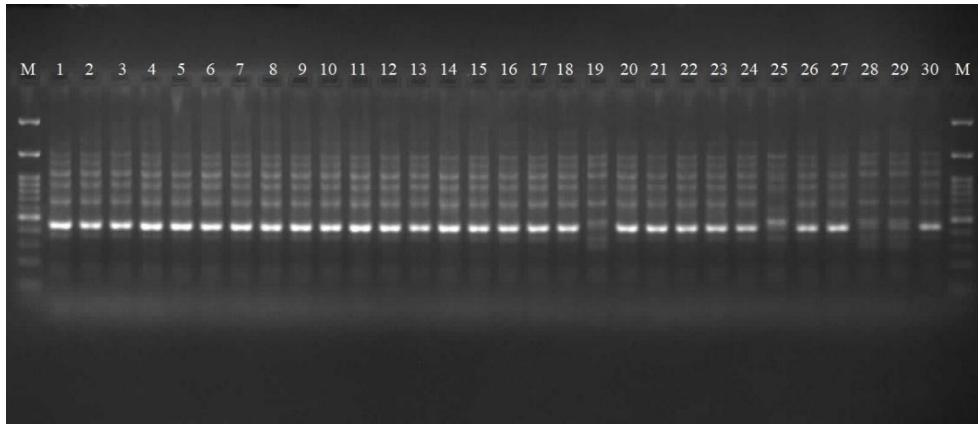
**Resim 4.16.** iPBS-2374 primerine ait jel görüntüsü.



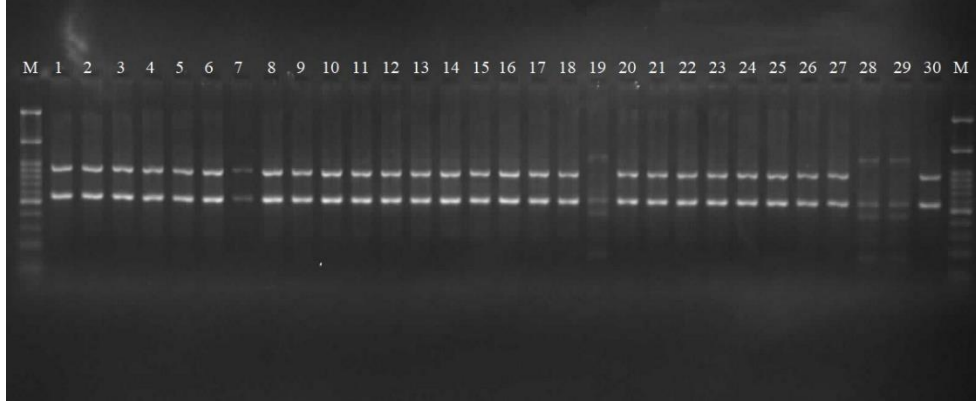
**Resim 4.17.** iPBS-2375 primerine ait jel görüntüsü.



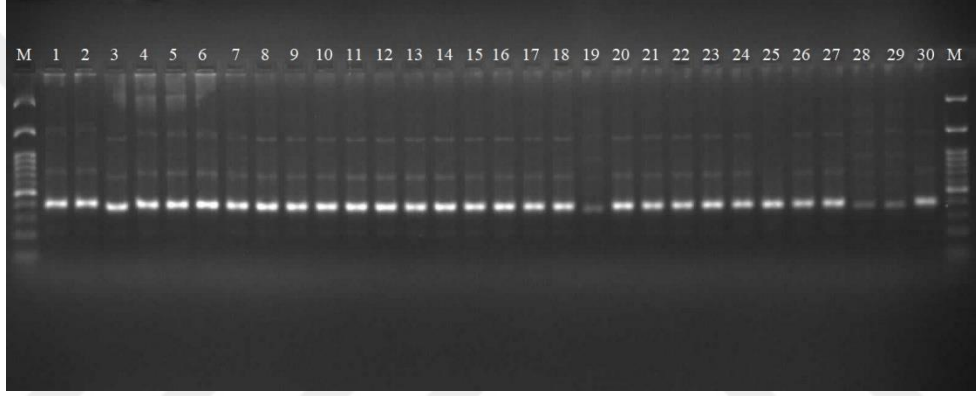
**Resim 4.18.** iPBS-2376 primerine ait jel görüntüsü.



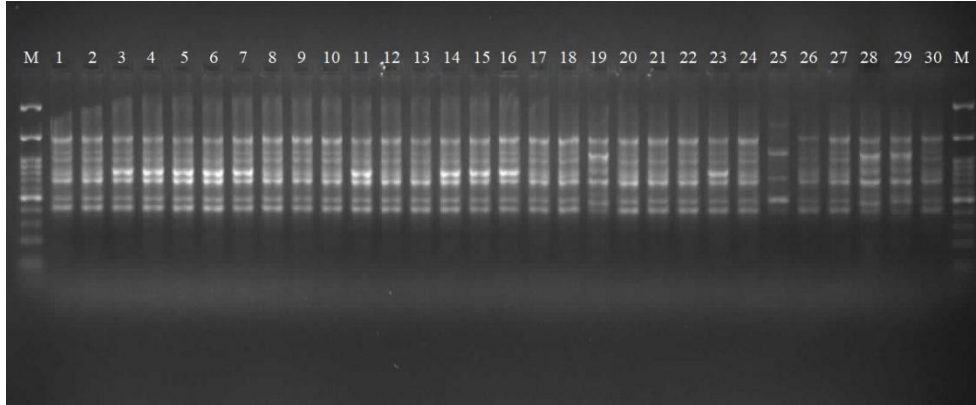
**Resim 4.19.** iPBS-2378 primerine ait jel görüntüsü.



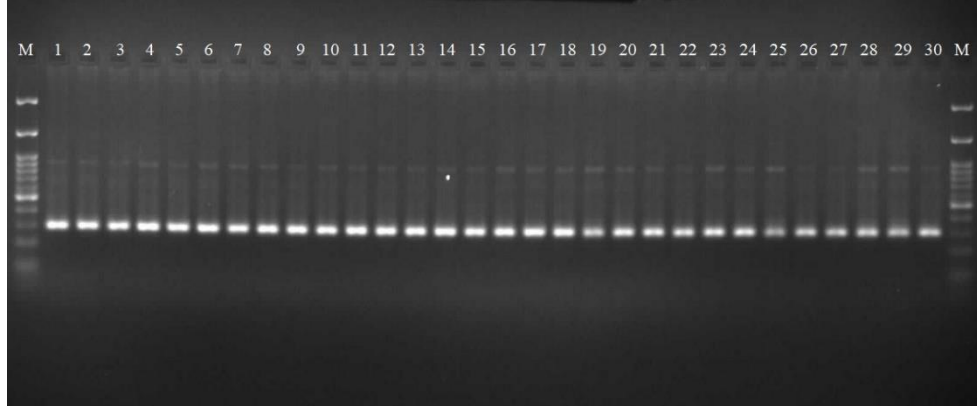
**Resim 4.20.** iPBS-2379 primerine ait jel görüntüsü.



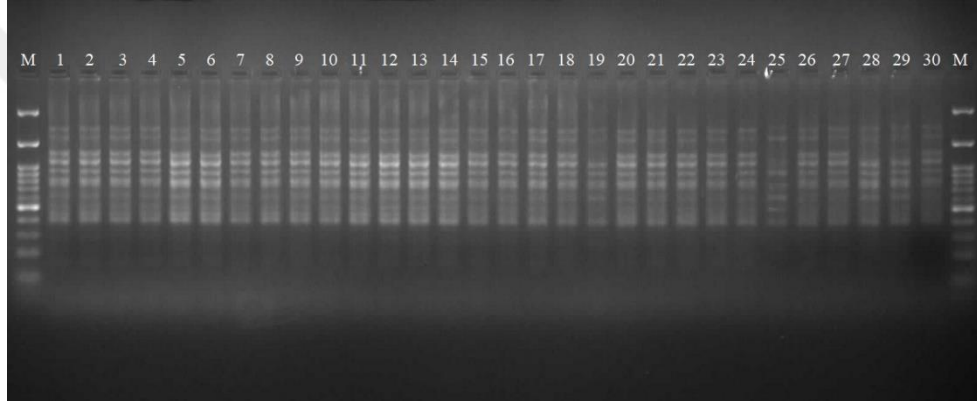
**Resim 4.21.** iPBS-2380 primerine ait jel görüntüsü.



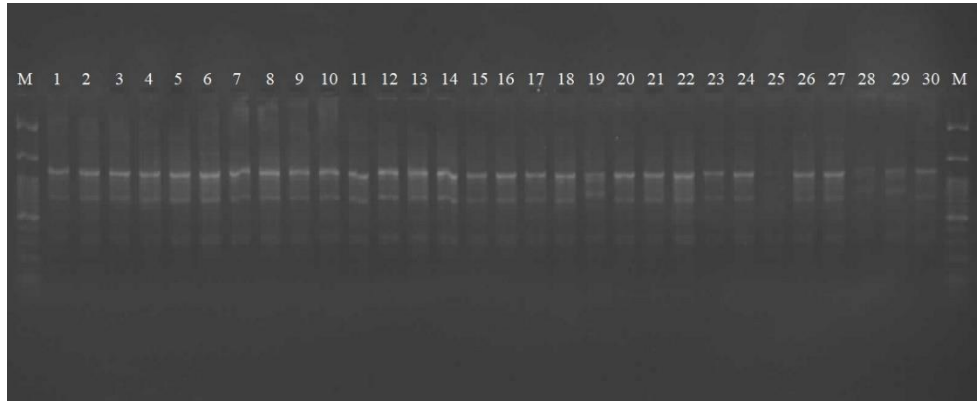
**Resim 4.22.** iPBS-2381 primerine ait jel görüntüsü.



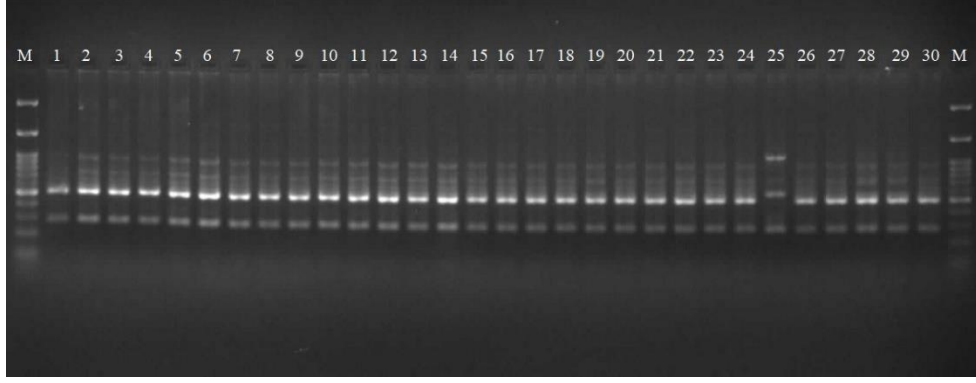
**Resim 4.23.** iPBS-2382 primerine ait jel görüntüsü.



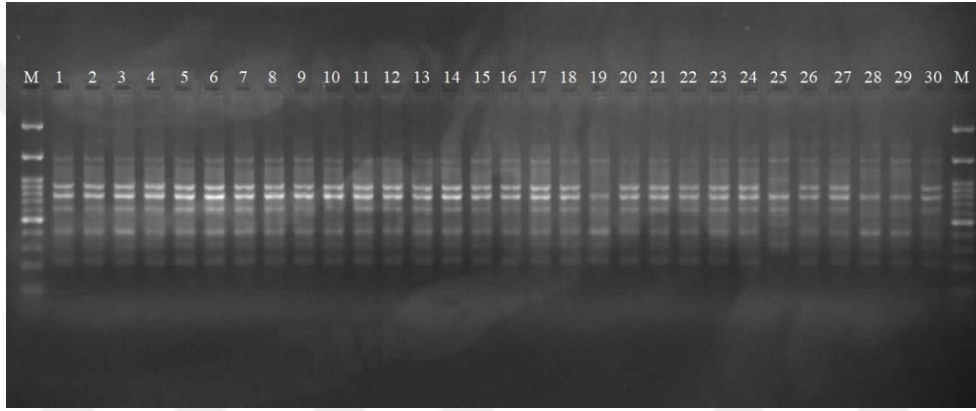
**Resim 4.24.** iPBS-2385 primerine ait jel görüntüsü.



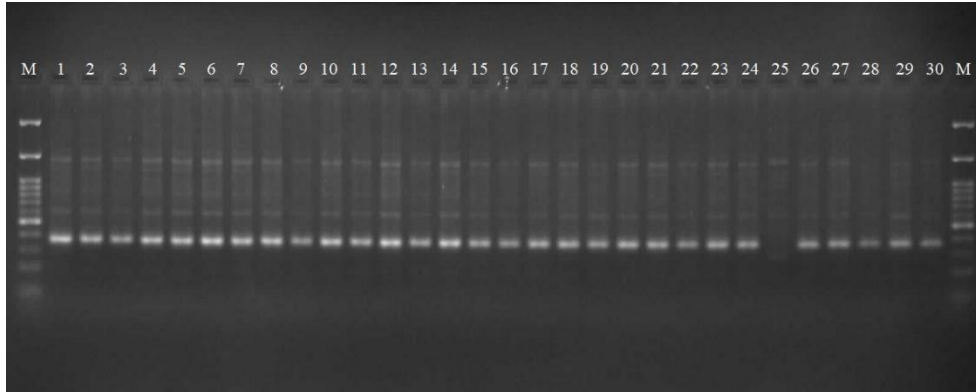
**Resim 4.25.** iPBS-2386 primerine ait jel görüntüsü.



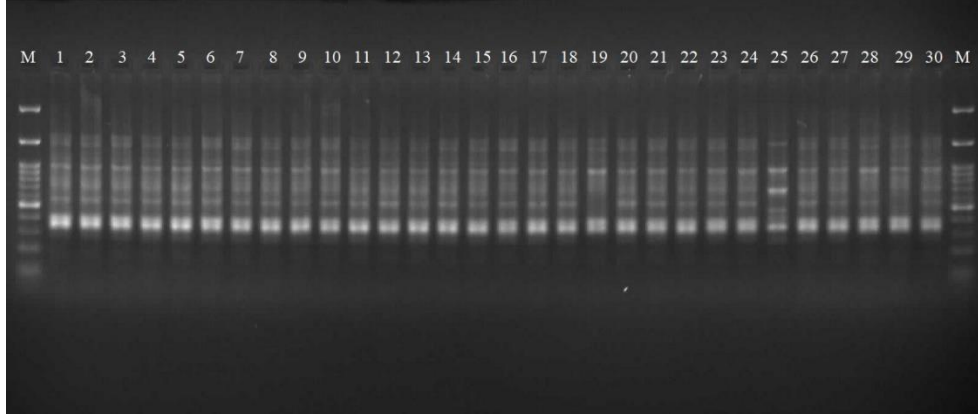
**Resim 4.26.** iPBS-2387 primerine ait jel görüntüsü.



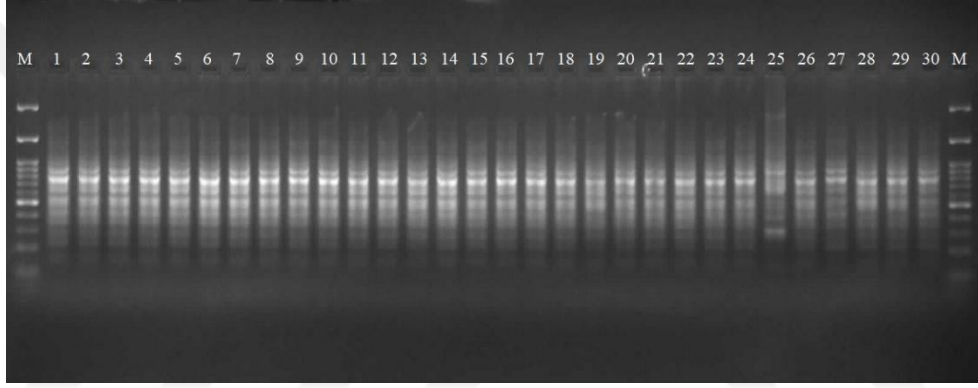
**Resim 4.27.** iPBS-2388 primerine ait jel görüntüsü.



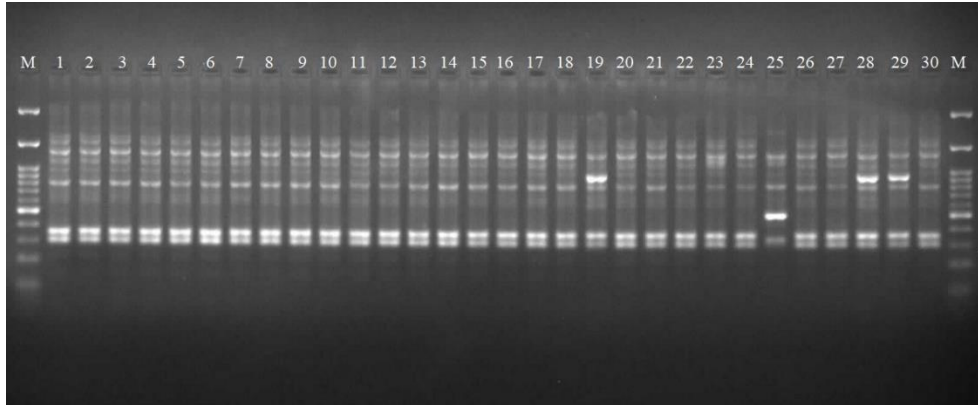
**Resim 4.28.** iPBS-2390 primerine ait jel görüntüsü.



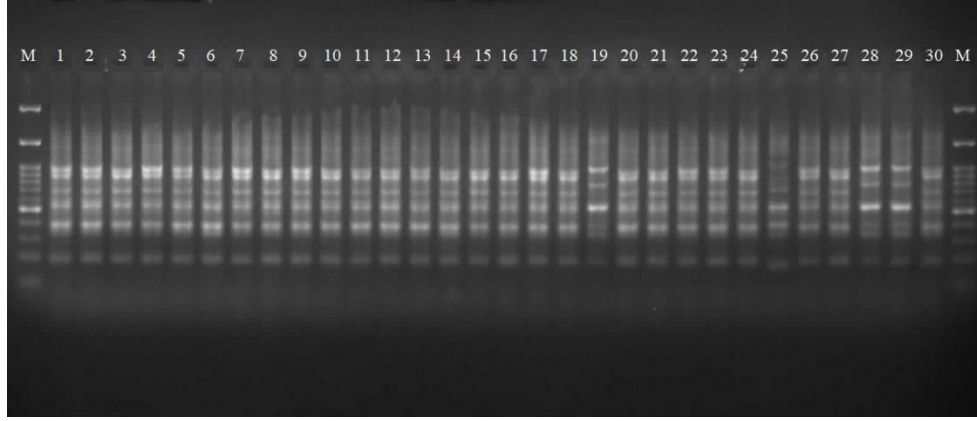
**Resim 4.29.** iPBS-2391 primerine ait jel görüntüsü.



**Resim 4.30.** iPBS-2392 primerine ait jel görüntüsü.



**Resim 4.31.** iPBS-2393 primerine ait jel görüntüsü.



**Resim 4.32.** iPBS-2394 primerine ait jel görüntüsü.

#### 4.4. PIC Değerleri

PowerMarker version 3.25 paket programıyla hesaplanan iPBS markırlarının gen çeşitliliği (H) ve polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) çizelge 4.2’de verilmiştir.

**Çizelge 4.2.** iPBS markırlarının karakterizasyon bilgileri.

Sıra No	Markır Adı	H	PIC
1	iPBS-2074	0,4976	0,3738
2	iPBS-2075	0,4427	0,3447
3	iPBS-2077	0,3809	0,3084
4	iPBS-2232	0,4659	0,3573
5	iPBS-2239	0,4859	0,3678
6	iPBS-2249	0,4546	0,3513
7	iPBS-2253	0,4956	0,3728
8	iPBS-2272	0,4578	0,3530
9	iPBS-2273	0,3356	0,2793
10	iPBS-2276	0,4949	0,3724
11	iPBS-2277	0,4934	0,3717
12	iPBS-2279	0,4900	0,3700
13	iPBS-2373	0,4380	0,3421
14	iPBS-2374	0,4761	0,3628
15	iPBS-2375	0,4831	0,3664
16	iPBS-2376	0,4242	0,3342
17	iPBS-2378	0,4772	0,3634
18	iPBS-2379	0,2232	0,1983
19	iPBS-2380	0,2724	0,2353
20	iPBS-2381	0,3796	0,3076
21	iPBS-2382	0,1627	0,1495
22	iPBS-2385	0,4904	0,3701
23	iPBS-2386	0,3662	0,2991

**Çizelge 4.2.** iPBS markırlarının karakterizasyon bilgileri (Devamı).

Sıra No	Markır Adı	H	PIC
24	iPBS-2387	0,4189	0,3312
25	iPBS-2388	0,4371	0,3416
26	iPBS-2390	0,3743	0,3043
27	iPBS-2391	0,4998	0,3749
28	iPBS-2392	0,4892	0,3696
29	iPBS-2393	0,4896	0,3698
30	iPBS-2395	0,4513	0,3495
	<b>Ortalama</b>	<b>0,4283</b>	<b>0,3331</b>

Bu tez çalışmasında en düşük H değeri 0,1627 ile iPBS 2382 markırında olup en yüksek H değeri 0,4998 ile iPBS 2391 markırında tespit edilmiştir. Ortalama H değeri 0,4283 olarak belirlenmiştir. En düşük PIC değeri 0,1495 ile iPBS 2382 markırında olup en yüksek PIC değeri 0,3749 ile iPBS 2391 markırında tespit edilmiştir. Ortalama PIC değeri 0,3331 olarak belirlenmiştir.

#### 4.5. Genetik Farklılığın Belirlenmesi

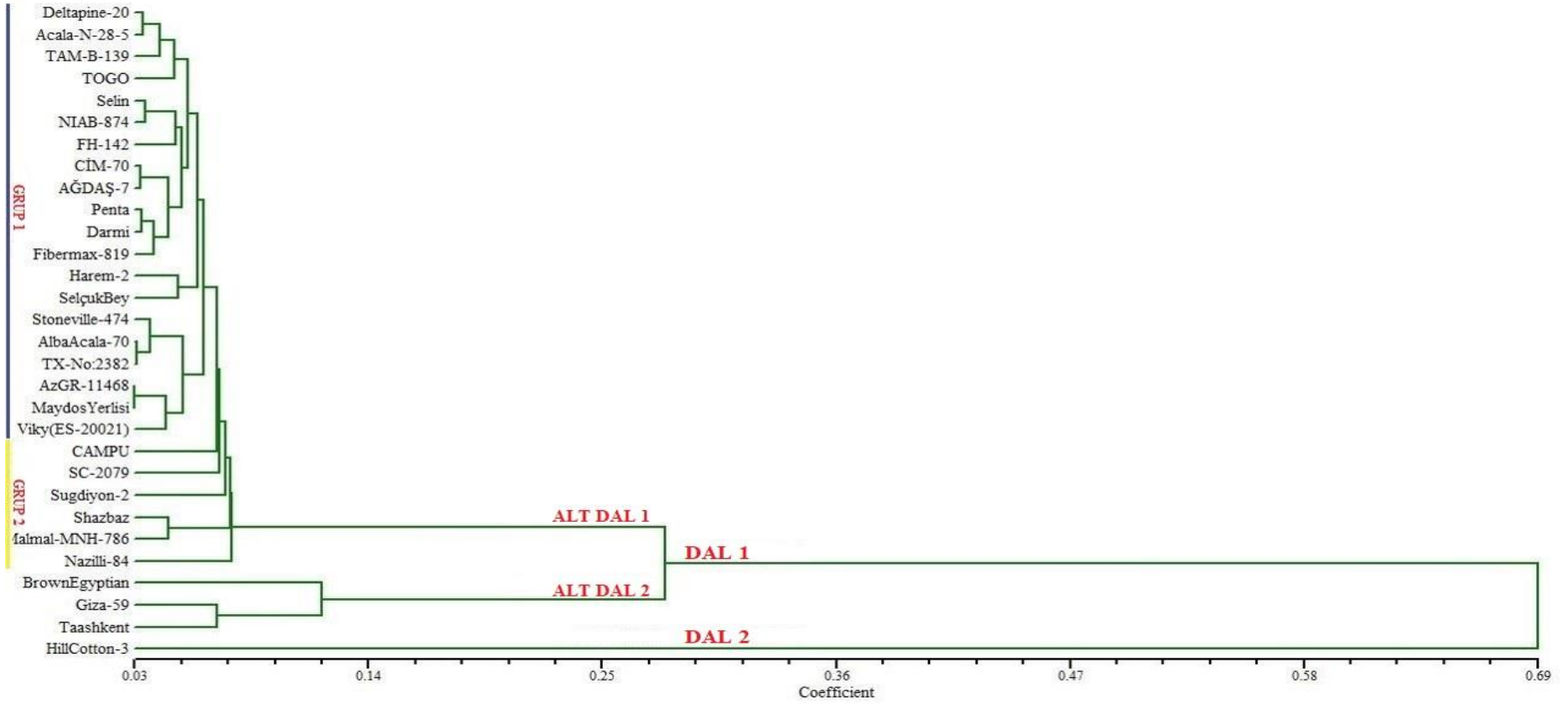
iPBS verileri kullanılarak NEI72 benzerlik katsayısına göre NTSYS-pc 2.10e programında yapılan analizde pamuk genotiplerinin aralarındaki genetik mesafe matris değerleri Çizelge 4.2’de verilmiştir. Genetik mesafe matrisine göre birbirine en yakın genotiplerin 0,0318 ile AzGR-11468 (Azerbaycan) ve Maydos Yerlisi (Hindistan) arasında olduğu belirlenmiş, birbirine en uzak genotiplerin ise 0,7572 ile Hill Cotton 3 (Bangladeş) ve Shazbaz (Pakistan) arasında olduğu belirlenmiştir.

NTSYS-pc versiyon 2.10 programında UPGMA metoduna göre çizilen dendogram Şekil 4.1’de verilmiştir. iPBS analizleri sonucu oluşturulan dendogram incelendiğinde, genotipler arasındaki benzerlik oranının 0,03 ile 0,69 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre popülasyonun 2 daldan oluştuğu saptanmıştır. 1. dal kendi içinde 2 alt dala, 1. alt dal da kendi içinde 2 gruba ayrılmıştır. 1. grup 20 genotipten, 2. grupta 6 genotipten oluşurken, 2. alt dal 3 genotipten oluşmuştur. 2. dal ise sadece Hill Cotton 3 çeşidinden oluşmuştur.



**Çizelge 4.3.** Pamuk genotiplerinin genetik mesafe matris değerleri.

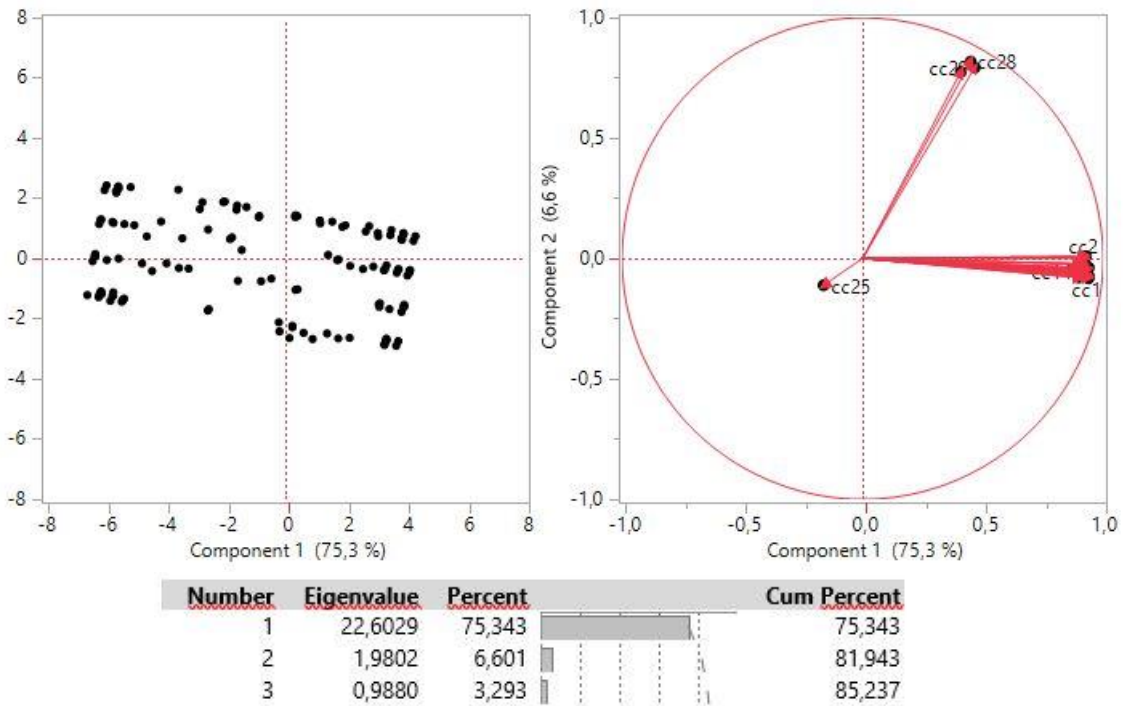
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30		
1	0.0000																															
2	0.0446	0.0000																														
3	0.0455	0.0584	0.0000																													
4	0.0355	0.0445	0.0413	0.0000																												
5	0.0615	0.0423	0.0592	0.0332	0.0000																											
6	0.0706	0.0360	0.0724	0.0503	0.0325	0.0000																										
7	0.0682	0.0686	0.0907	0.0638	0.0736	0.0704	0.0000																									
8	0.0512	0.0641	0.0450	0.0470	0.0568	0.0620	0.0714	0.0000																								
9	0.0621	0.0545	0.0762	0.0536	0.0676	0.0604	0.0618	0.0491	0.0000																							
10	0.0622	0.0632	0.0720	0.0580	0.0718	0.0730	0.0823	0.0498	0.0521	0.0000																						
11	0.0768	0.0729	0.0784	0.0599	0.0656	0.0706	0.1019	0.0634	0.0662	0.0784	0.0000																					
12	0.0526	0.0778	0.0710	0.0733	0.0876	0.0838	0.0861	0.0559	0.0671	0.0708	0.0652	0.0000																				
13	0.0721	0.1017	0.0865	0.0889	0.0947	0.0906	0.0977	0.0793	0.0783	0.0858	0.0894	0.0477	0.0000																			
14	0.0588	0.0838	0.0727	0.0627	0.0765	0.0735	0.0749	0.0582	0.0770	0.0534	0.0751	0.0552	0.0533	0.0000																		
15	0.0610	0.0698	0.0627	0.0689	0.0625	0.0676	0.0812	0.0366	0.0629	0.0555	0.0650	0.0574	0.0639	0.0441	0.0000																	
16	0.0510	0.0800	0.0689	0.0629	0.0728	0.0658	0.0711	0.0545	0.0610	0.0655	0.0796	0.0597	0.0704	0.0422	0.0482	0.0000																
17	0.0588	0.0757	0.0727	0.0546	0.0725	0.0776	0.0708	0.0542	0.0567	0.0613	0.0917	0.0759	0.0869	0.0578	0.0599	0.0344	0.0000															
18	0.0776	0.0471	0.0793	0.0653	0.0552	0.0412	0.0653	0.0611	0.0634	0.0643	0.0735	0.0865	0.0931	0.0607	0.0472	0.0531	0.0568	0.0000														
19	0.3174	0.2971	0.3023	0.3004	0.3062	0.2990	0.3004	0.3081	0.2831	0.2926	0.3121	0.3121	0.3235	0.3003	0.2933	0.2965	0.2802	0.2704	0.0000													
20	0.0732	0.0499	0.0749	0.0608	0.0505	0.0439	0.0648	0.0484	0.0588	0.0754	0.0815	0.0824	0.0893	0.0760	0.0580	0.0642	0.0639	0.0318	0.2733	0.0000												
21	0.0615	0.0825	0.0839	0.0695	0.0835	0.0762	0.0861	0.0731	0.0884	0.0758	0.0739	0.0664	0.0817	0.0684	0.0788	0.0646	0.0644	0.0751	0.3062	0.0625	0.0000											
22	0.0455	0.0624	0.0594	0.0453	0.0511	0.0643	0.0698	0.0410	0.0556	0.0639	0.0826	0.0710	0.0865	0.0727	0.0587	0.0608	0.0445	0.0673	0.2972	0.0506	0.0551	0.0000										
23	0.0418	0.0628	0.0599	0.0497	0.0678	0.0810	0.0662	0.0452	0.0643	0.0683	0.0833	0.0549	0.0875	0.0609	0.0672	0.0571	0.0568	0.0838	0.2998	0.0713	0.0720	0.0435	0.0000									
24	0.0467	0.0677	0.0525	0.0506	0.0563	0.0616	0.0708	0.0424	0.0648	0.0534	0.0710	0.0593	0.0741	0.0539	0.0480	0.0462	0.0460	0.0607	0.3003	0.0639	0.0563	0.0406	0.0528	0.0000								
25	0.7290	0.6914	0.7177	0.6990	0.7047	0.6851	0.7073	0.6658	0.6642	0.6728	0.7035	0.7572	0.7562	0.6814	0.6795	0.7104	0.6895	0.6644	0.6616	0.6635	0.7215	0.6926	0.6931	0.7142	0.0000							
26	0.0493	0.0662	0.0715	0.0573	0.0671	0.0641	0.0695	0.0528	0.0594	0.0638	0.0907	0.0664	0.0817	0.0684	0.0585	0.0446	0.0444	0.0592	0.3062	0.0585	0.0590	0.0351	0.0555	0.0405	0.7215	0.0000						
27	0.0747	0.0714	0.0888	0.0664	0.0762	0.0574	0.0704	0.0620	0.0564	0.0611	0.0913	0.0796	0.0949	0.0695	0.0637	0.0499	0.0536	0.0451	0.2939	0.0478	0.0641	0.0562	0.0769	0.0536	0.6771	0.0364	0.0000					
28	0.2783	0.2322	0.2596	0.2625	0.2635	0.2434	0.2822	0.2702	0.2462	0.2660	0.2832	0.2926	0.3031	0.2778	0.2662	0.2740	0.2778	0.2359	0.1129	0.2472	0.2979	0.2940	0.2863	0.2826	0.6525	0.2781	0.2575	0.0000				
29	0.2857	0.2567	0.2662	0.2693	0.2750	0.2683	0.2947	0.2820	0.2573	0.2671	0.2960	0.2959	0.2963	0.2795	0.2677	0.2807	0.2695	0.2502	0.1273	0.2627	0.2902	0.2762	0.2838	0.2745	0.6719	0.2750	0.2782	0.0707	0.0000			
30	0.0665	0.0791	0.0681	0.0704	0.0803	0.0810	0.0957	0.0656	0.0601	0.0683	0.0833	0.0803	0.0875	0.0773	0.0713	0.0735	0.0732	0.0797	0.3207	0.0879	0.0929	0.0640	0.0813	0.0609	0.6604	0.0678	0.0769	0.2665	0.2635	0.0000		



Şekil 4.1. iPBS sonuçları ile pamuk genotipleri arasındaki benzerliklere göre elde edilen dendrogram.

#### 4.6. Temel Bileşenler Analizi

Temel bileşenler analizi, çok boyutlu alan içinde genotipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edebilen bir eksen veya eksenler dizisi üzerindeki izdüşümlerini görüntülemeye dayanır. Ana bileşenler etrafında dağılan örnek varyansı, her bileşen için ayrı ayrı hesaplanır. Bunlara öz değerler de (eigen) denir. Temel bileşenler analizinin etkin ve doğru yorumlanabilmesi için toplam varyasyonun ilk iki veya üç bileşeninin oranının %25'ten büyük olması gerekir (Mohammadi ve Prasanna, 2003). Temel Bileşenler Analizine göre iki boyutlu düzlem üzerinde elde edilen grafik sonuçları ve eigen değerleri Şekil 4.2'de verilmiştir. İlk 3 eigen değeri popülasyonda var olan toplam varyansın % 85'ini açıklamıştır. Analiz sonucunda 30 örnek 3 boyuta indirgenmiştir. 1. boyutta 26 genotip, 2. boyutta 3 genotip ve 3.boyutta 1 genotip yer almaktadır (eigen > 0,9880). PCA analizi sonucu elde edilen iki boyutlu grafikteki kümelenme dendrogram sonuçları ile paralellik göstermiştir.



Şekil 4.2. iPBS markırı ile yapılan temel bileşenler analizi sonucu oluşturulan iki boyutlu grafik ve eigen değerleri.

## 5. TARTIŞMA

Bu tez çalışmasında 14 ülkeye ait 30 adet pamuk genotipi 30 adet iPBS markırı ile analiz edilmiştir. Analiz sonucunda 434 bant skorlanmış, skorlama sonucu NTSYS-PC 2.10e paket programına girilerek genetik mesafe matrisi ve UPGMA metoduna göre dendogram oluşturulmuştur. Genetik mesafe matrisi incelendiğinde; popülasyonda birbirine en yakın genotiplerin AzGR-11468 (Azerbaycan) ile Maydos Yerlisi (Hindistan) arasında olduğu belirlenmiş ve aralarındaki benzerlik değeri 0,0318 olarak bulunmuştur. Popülasyonda en uzak genotiplerin ise Hill Cotton 3 (Bangladeş) ile Shazbaz (Pakistan) arasında olduğu belirlenmiş ve aralarındaki benzerlik değeri 0,7572 olarak bulunmuştur. 30 genotip UPGMA metoduyla oluşturulan Şekil 4.1'deki dendogramda 2 dala ayrılmıştır. 1. dal kendi içinde 2 alt dala ayrılmış, 1. alt dal da kendi içinde 2 gruba ayrılmıştır. 1. grupta; Deltapine 20 (ABD), Acala N 28-5 (ABD), TAM B 139 (ABD), TOGO (Afrika), Selin (Türkiye), NIAB 874 (Pakistan), FH 142 (Pakistan), CİM 70 (Pakistan), AĞDAŞ 7 (Azerbaycan), Penta (Yunanistan), Darmi (Bulgaristan), Fibermax 819 (Avustralya), Harem 2 (Türkiye), Selçuk Bey (Türkiye), Stoneville 474 (ABD), Alba Acala 70 (ABD), TX No:2382 (ABD), AzGR-11468 (Azerbaycan), Maydos Yerlisi (Hindistan) ve Viky (ES-20021)-(İspanya) genotipleri yer almaktadır. 2. grup da ise CAMPU (Yunanistan), SC-2079 (Türkiye), Sugdiyön-2 (Tacikistan), Shazbaz (Pakistan), Malmal-MNH-786 (Pakistan) ve Nazilli 84 (Türkiye) genotipleri yer almaktadır. 2. alt dal; Brown Egyptian (Hindistan), Giza 59 (Mısır) ve Taashkent (Özbekistan) genotiplerinden oluşmaktadır. 2. dal ise sadece Hill Cotton 3 çeşidinden oluşmuştur.

Geçmişte yapılan çalışmalarda Kumlay vd. (2021) 10 adet pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) çeşidinin iPBS markırlarıyla moleküler karakterizasyonunu yapmışlardır. DNA temelli 6 adet iPBS markırı kullanarak, toplamda 36 adet polimorfik bant tespit etmişler ve ortalama polimorfizm oranını %77,65 olarak saptamışlardır. Markırların ortalama polimorfizm değerini (PIC) 0,27, ortalama gen çeşitliliği (H) değerini 0,34, ortalama Dice benzerlik katsayı değerini 0,37, korelasyon katsayı değerini de (r) 0,9026 olarak hesaplamışlardır. Genotipler arasındaki genetik ilişkiyi, NTSYS-pc yazılımını kullanarak belirlemişler ve 0,0456 ile 0,8387 arasında değiştiğini saptamışlardır. Yapılan PCA

analizinde ise ilk üç eigen değerleri toplamı, toplam varyasyonun %71.93'ünü açıklamıştır. Bu tez çalışmasında elde edilen markırların ortalama polimorfizm değeri (PIC) 0,33 ve gen çeşitliliği (H) değeri de 0,42 ile daha yüksek bulunmuştur. Genotipler arasındaki genetik ilişki, NTSYS-pc yazılımı kullanılarak belirlenmiş ve 0,0318 ile 0,7572 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Yaptığımız PCA analizinde ise ilk üç eigen değerleri toplamı, toplam varyasyonun %85,23'ünü açıklayarak daha güvenilir sonuçlar ortaya konulmuştur.

Şahin vd. (2020) 30 pamuk çeşidi (*Gossypium hirsutum* L.) arasındaki genetik ilişkiyi ISSR yöntemi kullanarak belirlemişlerdir. Bu amaçla 24 ISSR primeri 8 adet pamuk genotipinde test edilmiş, primerlerin sadece 9 tanesi PZR ürünü oluşturmuştur. Seçilen 9 adet ISSR primeri 30 pamuk çeşidinde 41 bant oluştururken bu bantlardan ortalama 22,3 tanesinin polimorfik olduğu saptanmış, primer başına polimorfik bant sayısı ortalama 2,5 olarak tespit edilmiştir. Araştırmada kullanılan tüm primerler pamukta polimorfik bant üretirken, polimorfizm oranı primerlere bağlı olarak %6 ile %89 arasında değişim göstermiştir. ISSR primerlerine ilişkin polimorfik bilgi içeriği değerleri 0,19 ile 0,68 aralığında değişim göstermiş ve ortalama 0,49 bulunmuştur. Çeşitler arası ortalama Jaccard benzerlik katsayısı 0,77 olarak bulunurken, UPGMA kümeleme analiz sonucu 30 pamuk çeşidi genetik yakınlık açısından 2 gruba ayrılmıştır. Sevindik vd., (2021) ile yapmış olduğumuz çalışmada Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü genetik stoğundan alınan 13 ülkenin pamuk genotipleri arasındaki genetik ilişki RAPD ve ISSR yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. Bu amaçla 14 ISSR primeri 13 pamuk çeşidinde 81 bant oluştururken bu bantlardan ortalama 63 tanesinin polimorfik olduğu saptanmış ve polimorfizm oranı %77,77 olarak tespit edilmiştir. PAUP analizine göre en yakın genetik uzaklıklar 0,00 (Ujchi 2 Uzbek ve Ziroatkar-81, Haridost ve Ziroatkar-81), en uzak genetik uzaklıklar 0,77 (Arcota-129 ve Fibermax 832, Arcota-129 ve SC-2079) olarak bulunmuştur. UPGMA kümeleme analiz sonucu 13 pamuk çeşidi genetik yakınlık açısından 2 gruba ayrılmıştır.

Özyiğit, Hocaoglu vd. (2020) 22 pamuk (*Gossypium hirsutum* L.) hattının genetik çeşitliliği ve filogenetik ilişkileri araştırılmıştır. Bu amaçla 20 ISSR markırı kullanılmış ancak bunlardan 5 tanesi amplifikasyon göstermiştir. Polimorfik lokus oranı %87,21 olarak hesaplanmış ve genotipler arasında orta düzeyde genetik çeşitlilik bulunmuştur. En yüksek polimorfik lokus yüzdesi Beren hattı için %12,79 olarak hesaplanırken, ADN 98, ADN 710 ve Özbek 105 hatları %0,00 ile en düşük değeri göstermiştir. Filogenetik ilişkileri

belirlemek için trnL-F dizileri kullanılmış ve çeşitlerin her iki dizisi ile NCBI-GenBank veri tabanından elde edilen diziler arasında bir karşılaştırma yapılmıştır. *G. hirsutum*, *G. hirsutum* subsp. *latifolium* ve *G. hirsutum* cv. kapsam, benzerlik ve maksimum puan aralıklarının özelliklerine göre en benzer diziler olarak tanımlanmıştır. Daha sonra özellikle Malvaceae familyasından yetiştirilen önemli familyalardan örnek diziler kullanılarak filogenetik bir ağaç oluşturulmuştur. Malvaceae familyasının üyeleri bir grup olarak kümelenirken, diğer familyalar genetik benzerliklerine göre farklı konumlarda yer alan farklı gruplardan oluşmuştur.

Aydın, (2018) farklı ülkelerde tescil edilmiş çeşitlerle beraber toplamda 192 çeşit, hem genik hem de genomik SSR markırlarına ait toplam 40 lokus ile taranmıştır. Çeşitler arasındaki genetik ilişkiyi tespit etmek için Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak, 192 çeşitten 23'ünün diğer çeşitlere göre daha az benzerliğe sahip olduğu bulunmuştur. Genetik benzerlik ilişkisi %54,5 ile %70 arasında değişim göstermiştir. Çalışmada kullanılan 192 çeşide ait PCoA analizinde *G. hirsutum* çeşitleri 4 ana gruba ayrılmıştır. Bu gruplandırmalarda 1. grupta uzun lifli çeşitlerin olduğu ve 2. grupta yakın ilişkili çeşitlerin bulunduğu belirlenmiştir. Ancak 3. grup ve 4. grupta çeşitler arasındaki genetik benzerliğin önceki iki gruba göre daha az olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak Türkiye'de tescil edilen bazı çeşitlerin farklı ülkelerde tescil edilen çeşitlere göre genetik tabanın dar olduğu bulunmuştur.

Elçi vd. (2014) 1964-2014 yılları arasında Türkiye'de piyasaya sürülen ticari *Gossypium* türleri arasındaki genetik çeşitliliği ve ilişkileri değerlendirmek için morfolojik ve moleküler markörler kullanılarak 96 pamuk çeşidi analiz edilmiştir. Morfolojik analiz, lif uzunluğu, mukavemeti, inceliği ve homojenliği dahil olmak üzere 4 lif kalite özelliği temel alınarak yapılmış ve her bir özelliğin her genotip için ortalama değerleri 2 yıllık veriler kullanılarak hesaplanmıştır. Sonuçlar, genotiplerin çoğunun uzun lif uzunluğuna, çok yüksek lif mukavemetine, kaba (45 genotip) veya ortalama (50 genotip) lif inceliğine ve yüksek tekdüzeliğe sahip olduğunu göstermiştir. Lif kalitesi özellikleri için kantitatif özellik lokuslarına (QTL'ler) bağlı 26 basit dizi tekrarı (SSR) markırı ve 14 markır, ortalama 2 olmak üzere toplam 103 alel üretmiştir. Ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0,233 olan, lokus başına 80 bp ile 300 bp arasında değişen 57 allel DPL513 ve DPL431 belirteçleri (26 SSR belirteci arasında) ve belirteçleri CIR246 ve BNL4108 (14 moleküler belirteç arasında), sırasıyla 0,724, 0,663, 0,749 ve 0,583 PIC değerleri ile çok bilgilendirici

bulunmuştur. Birleşik morfolojik ve moleküler veri analizi, aritmetik ortalamalı (UPGMA) ağırlıksız çift grup yöntemi kullanılarak 8'den fazla grupta sonuçlandı. *Gossypium hirsutum* L. çeşitleri, Maydos Yerlisi'nden (*Gossypium herbaceum* L.) belirgin şekilde ayrılmıştır. *Gossypium hirsutum* L. çeşitleri içinde, Mısır pamuk çeşidi Giza 70 (*G. barbadense* L.), hem morfolojik hem de moleküler dendrogramlarla ortaya konulduğu üzere, Türkiye'nin ticari pamuk çeşitlerinden (*G. hirsutum* L.) belirgin bir şekilde ayrılmıştır. Birleşik verilerden türetilen temel bileşen analizi (PCA), UPGMA analizi ile uyumlu bulunmuştur. *Gossypium hirsutum*'un dar genetik yapısı göz önüne alındığında, ticari Türk pamuğu çeşitlerinin yüksek lif kalitesi ile iyi bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu sonucuna varılmıştır.



## 6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bitkisel tekstilin hammaddesi olan pamuk, farklı kullanım alanları ile ülkemizde ve dünyada tarım, sanayi ve ticarete önemli bir yere sahiptir. Öte yandan dünya nüfusunun hızla artması, sanayileşme ve gelişen toplumlarda yaşam standartlarının iyileşmesi, pamuk tüketimini ve talebini artırmıştır. Pamuk, işlenmesi açısından çırçır sanayisinin, lifi ile tekstil sanayisinin, çekirdeği ile yağ ve yem sanayisinin, linteri ile de kâğıt sanayisinin hammaddesi durumundadır.

Tüm tarım ürünleri gibi pamuk ekiminin de temel amacı üretim maliyetlerini düşürmek ve birim alandan daha fazla ve daha iyi ürün elde etmektir. Çeşitlerin genetik potansiyeli, çevre koşulları, uygulanan yetiştirme teknikleri ve bunların etkileşimi birim alandan elde edilen ürünlerin miktar ve kalitesini belirlemektedir. Sentetik liflerle karşılaştırıldığında, doğal liflerin özellikle insan sağlığı açısından oldukça olumlu özelliklere sahip olması, doğal liflere olan talebi giderek arttırmaktadır. Ayrıca pamuk lifinin karmaşık fizyolojik ve morfolojik bir yapıya sahip olması yapay olarak üretilmeyecek olması, pamuk lifinin dünya lif talebinde uzun yıllar önemini koruyacağına da bir kanıtı olarak değerlendirilmektedir (Gençer, 1988).

Bu çalışma 14 ülkeye ait 30 pamuk çeşidinin iPBS markır yöntemiyle genetik farklılıklarının belirlenmesi amacıyla yapılmıştır. iPBS verilerine dayalı sonuçlar ile popülasyonlar arasındaki genetik uzaklık ve filogenetik ilişki saptanmış temel bileşenler analiziyle de sonuçlar desteklenmiştir. Geleneksel ıslah çalışmalarında bitki popülasyonlarındaki mevcut genetik çeşitliliğin yeterli düzeyde bilinmesi, bitki gen kaynaklarının etkili bir şekilde korunması ve verimli bir şekilde kullanımı için oldukça önemlidir. Çalışmanın sonucunda elde edilen veriler ışığında en uzak akraba olan Hill Cotton 3 (Bangladeş) (*Gossypium arboreum*) ve Shazbaz (Pakistan) (*Gossypium hirsutum*) çeşitlerinin ileriki pamuk ıslah çalışmalarında ıslah materyali olarak kullanılabilir olduğu tespit edilmiştir. Aynı zamanda iPBS markırların, pamuğun genetik ayrımlarında etkili bir yöntem olduğu da ortaya konulmuştur. Şüphesiz, daha fazla taksona sahip daha fazla veri (ör. Morfolojik ve / veya DNA dizileme verileri) bu çıkarımı geliştirecek ve daha güvenilir sonuçlara yol açacaktır.



## KAYNAKLAR

- Aarthi, V., Amala Balu, P., Premelatha, N. (2018). Genetic variability studies in germplasm of upland cotton ( *Gossypium hirsutum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*. 9. 1600. doi:10.5958/0975-928X.2018.00200.4
- Ahad, A., Yaqoob, A., Nawaz, R., Gul, A., Shahid, N., Rehman Sami Ullah, T. ve Hasnain, T. (2018). Multidimensional roles of flavonoids in background of *Gossypium hirsutum*. *Cogent Food & Agriculture*, 4(1), 1510754. doi:10.1080/23311932.2018.1510754
- Aksu, M., Çevik, M.Ş. (2015). Moleküler Markörlerin Meyve Islahında Kullanım Alanları, *Meyve Bilimi*, ISSN: 2148-0036, 2(1), 49-59
- Akyol, B. (2015). *Pamuk (Gossypium hirsutum L.) Anterlerinden in vitro Koşullarda Kallus ve Embriyo Rejenerasyonlarının Sağlanması*, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir
- Ali, F., Yılmaz, A., Nadeem, M. A., Habyarimana, E., Subaşı, I., Nawaz, M. A. ve Chung G. (2019). Mobile genomic element diversity in world collection of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) panel using iPBS-retrotransposon markers. *PloS One*, 14(2), doi:10.1371/journal.pone.0211985
- Andeden, E.E., Baloch, F.S., Derya, M., Kilian, B., Özkan, H. (2013). iPBS-Retrotransposons based genetic diversity and relationship among wild annual *Cicer* species. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 22(4): 453-466. doi:10.1007/s13562-012-0175-5
- Anderson, J.A., Churchill, G.A., Autrique, J.E., Tanksley, S.D. ve Sorrells, M.E. (1993). Optimizing parental selection for genetic linkage maps, *Genome*, 36: 181-186pp. doi:10.1139/g93-024
- Anonim, (2019). Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü.
- Anonim, (2020). Ticaret Bakanlığı Esnaf, Sanatkârlar ve Kooperatifçilik Genel Müdürlüğü

- Arystanbek Kyzy, M. (2019). *Türkiye Orijinli Bazı Yabani Gernik Buğday Genotiplerinin (Triticum turgidum subsp. dicoccoides) iPBS-Retrotranspozon Marker Yöntemiyle Genetik Karakterizasyonu*, Yüksek Lisans Tezi, Sakarya Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, Sakarya.
- Aydın, A. (2018). *Türkiye’de tescillenmiş bazı ticari pamuk çeşitlerinin moleküler karakterizasyonu üzerine bir araştırma*. Doktora Tezi, Akdeniz Üniversitesi, Antalya.
- Baloch, F.S., Alsaleh, A., de Miera. L.E.S., Hatipoglu, R., Çiftçi, V., Karaköy, T., Yıldız, M., Özkan, H. (2015a). DNA based iPBS-retrotransposon markers for investigating the population structure of pea (*Pisum sativum*) germplasm from Turkey. *Biochemical Systematics and Ecology*, 61: 244-252. doi:10.1016/j.bse.2015.06.017
- Baloch, F.S., Derya, M., Andeden, E.E., Alsaleh, A., Cömertpay, G., Kilian, B., Özkan, H. (2015b). Inter-primer bindin site retrotransposon and inter-simple sequence repeat diversity among wild Lens species. *Biochemical Systematics and Ecology*, 58: 162-168. doi:10.1016/j.bse.2014.12.002
- Bardak, A. (2012). *Lif ve Hav Oluşumuyla İlişkili DNA Markörlerinin Pamuk (Gossypium hirsutum L.) Genomunda Haritalanması ve QTL Analizi*, Doktora Tezi, Sütçü İmam Üniversitesi, Kahramanmaraş.
- Bennetzen, J. (2000). Transposable Elements Contributions to Plant Gene and Genome Evolution, *Plant Molecular Biology*, (42): 251-269. doi:10.1023/A:1006344508454
- Ben-Simchon E., Sapir E., Vaknin Y., Shelef O. (2019). Malvaceae spp. leaves as a novel crop for food. *International Journal of Agriculture, Forestry and Life Sciences*, 3(2): 279-286.
- Beyyavaş, V. ve Haliloğlu, H. (2019). Farklı Bitki Sıklıklarının Pamuğun (*Gossypium hirsutum* L.) Meyvelenme Bölgelerindeki Verim Dağılışı ve Lif Kalite Özelliklerine Etkisi, *ADYÜTAYAM* Cilt 7, Sayı 2: 77-87.
- Bonchev G. ve Vassilevska R. (2019). Fingerprinting the genetic variation and intergeneric hybrid dynamics in the family Asteraceae (genera *Helianthus*, *Echinaceae*, *Tagetes* and *Verbesina*) using iPBS markers. *Biologia*, 75(4). doi:10.2478/s11756-019-00363-3

- Borna, F., Luo, S., Ahmad, N.M., Nazeri, V., Shokrpour, M., Trethowan, R. (2016). Genetic diversity in populations of the medicinal plant *Leonurus cardiaca* L. Revealed by inter-primer binding site (iPBS) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64, 479-492. doi:10.1007/s10722-016-0373-4
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. ve Davis, R.W. (1980). Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms, *American Journal of Human Genetics*, 32:314-331.
- Bowen, N.J. (2002). Transposable elements and the evolution of eukaryotic complexity, *Current Issues in Molecular Biology*, (4): 65-76. doi:10.21775/cimb.004.065
- Bureau, T.E. ve Wessler, S. R. (1992). Tourist: a large family of small inverted repeat elements frequently associated with maize genes. *The Plant Cell*, 4(10):1283-1294. doi:10.1105/tpc.4.10.1283
- Che, K.P., Zhan, Q.C., Xing, Q.H., Wang, Z.P., Jin, D.M., He, D.J., Wang, B. (2003). Tagging and mapping of rice sheath blight resistant gene. *Theoretical and Applied Genetics*, 106: 293–297. doi:10.1007/s00122-002-1001-6
- Cömertpay, G., Baloch, F.S., Derya, M., Andeden, E.E., Alsaleh, A., Sürek, H., Özkan, H. (2016). Population structure of rice varieties used in Turkish rice breeding programs determined using simple-sequence repeat and inter-primer binding sitetrotransposon data. *Genetics and Molecular Research*: 15(1): gmr.15017158. doi:10.4238/gmr.15017158
- Davis P.H. ve Cullen J. (1967). “*Alcea* L. and *Althaea* L.”, ed: *Flora of Turkey and the East Aegean Islands*, Edinburgh Univ. Press, Edinburgh, 2: 411-420
- Demirel, F. (2020). Bazı siyez buğdaylarının ISSR Markörleri ile karakterizasyonu. *Journal of Agriculture*, 3(2), 33-39. doi: 10.46876/ja.809882
- Duan, Y.B., Guo, D.L., Guo1, L.L., Wei, D.F. ve Hou, X.G. (2015). Genetic diversity analysis of tree peony germplasm using iPBS markers. *Genetics and Molecular Research*. 14 (3): 7556-7566. doi:10.4238/2015.July.3.31
- Elçi, E., Akışcan, Y., Akgöl, B. (2014). Genetic diversity of Turkish commercial cotton varieties revealed by molecular markers and fiber quality traits, Research Article, *Turkish Journal of Botany*, 38: 1274-1286. doi:10.3906/bot-1405-78

- Finnegan, D. (1989). Eukaryotic transposable elements and genome evolution, *Trends in Genetics*, (59: 103-107. doi:10.1016/0168-9525(89)90039-5
- Freeman S. ve Herron, J.C. (1999). *Evrimsel analiz*, ed. B. Çıplak, Basıbüyük. H. H., Karaytuğ. S. ve Gündüz. İ., Palme Yayıncılık.
- Gailite, A., Ievinsh, G., Ruņģis, D. (2011). Genetic diversity analysis of Latvian and Estonian *Saussurea esthonica* populations. *Environmental and Experimental Biology*., 9: 115-119
- Gençer, O. (1988). Sanayi bitkileri, pamuk. GAP, I. *Urfa-Harran Kalkınma Sempozyumu*, pp.52-55, Urfa
- Gribbon, B.M., Pearce, S.R., Kalendar, R., Schulman, A. H., Paulin, L., Jack, P. (1999). Phylogeny and transpositional activity of Ty1-copia group retrotransposons in cereal genomes. *Molecular and General Genetics*, 261: 883–891. doi:10.1007/PL00008635
- Guo, D.L., Guo, M.X., Hou, X.G., Zhang, G.H. (2014). Molecular diversity analysis of grape varieties based on iPBS markers. *Biochemical Systematics and Ecology*. 52: 27-32. doi:10.1016/j.bse.2013.10.008
- Heywood V.H. (1978). *Flowering Plants of the World*, Oxford Univ. Press., London 50-85
- Huang, C.R.L., Burns, K.H., Boeke, J.D. (2012). Active transposition in genomes, *The Annual Review of Genetics*, 469: 651-75. doi.org/10.1146/annurev-genet-110711-155616
- Huang, J. Z. (2009). Identification of a high frequency transposon induced by tissue culture, nDaiz, a member of the hAT family in rice, *Genomics*, 93 (3): 274-281. doi:10.1016/j.ygeno.2008.11.007
- Hutchinson J. (1964). *The Genera of Flowering Plants (Angiospermae) dicotyledones*, vol:1, Oxford Univ. Press., Oxford 559-566
- Hutchinson J. (1973). *The Families of Flowering Plants (Angiospermae) Dicotyledones*, vol:1, Oxford Univ. Press., Oxford 311-313
- Jiang, N., Bao, Z., Temnykh, S., Cheng, Z., Jiang, J., Wing, R.A., McCouch, S.R. ve Wessler, S.R. (2002). Dasheng: a recently amplified nonautonomous long terminal repeat element that is a major component of pericentromeric regions in rice, *Genetics*, 161, 1293-1305. doi:10.1093/genetics/161.3.1293

- Kalendar, R. (2011). The use of retrotransposon-based molecular markers to analyze genetic diversity. *Field and Vegetable Crops Research.*, 48: 261–274.
- Kalendar, R. ve Schulman, A. (2006). IRAP and REMAP for retrotransposon-based genotyping and fingerprinting. *Nature Protocols*, 1(5):2478-2484. doi:10.1038/nprot.2006.377
- Kalendar, R., Antonius, K., Smýkal, P., Schulman, A. (2010). iPBS: A universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. *Theoretical and Applied Genetics*, 121: 1419- 1430. doi:10.1007/s00122-010-1398-2
- Karaca, M., Ince, A.G. ve Aydın, A. (2019). Identification of a putative epiallele expressed in 25 DPA cotton fiber. 8-10 April, *International Congress on Agriculture and Forestry Research*, ss.493-500. Marmaris, Turkey.
- Karık, Ü., Nadeem, M.A., Habyarimana, E., Ercişli, S., Yıldız, M., Yılmaz, A., Yang, S.H., Chung, G., Baloch, F.S. (2019). Exploring the Genetic Diversity and Population Structure of Turkish Laurel Germplasm by the iPBS-Retrotransposon Marker System. *Agronomy* 9(10), 647. doi:10.3390/agronomy9100647
- Koçak, M., Karataş, M.D., Alp, Ş., Baloch, F.S., Yıldız, M. (2020). Van Gölü Havzasından Toplanan Terslale (*Fritillaria imperialis* L.) Genotiplerinde Genetik Farklılığın iPBS Retrotranspozon Markırları ile Belirlenmesi, Araştırma Makalesi, *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, Cilt 30, Sayı 2, 30.06.2020. doi:10.29133/yyutbd.705721
- Kumlay, A.M., Eren, B., Demirel, S., Demirel, F., Yıldırım, B. (2021). Bazı Pamuk Çeşitlerinde iPBS Analiziyle Genetik Varyasyonun Ortaya Çıkarılması, Araştırma Makalesi, *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, Ocak, Sayı 21, S. 67-73. doi:10.31590/ejosat.809479
- Lowe, A.J., Hinotte, O. ve Guarino, L. (1996). Standardization of Molecular Genetic Techniques for The Characterization of Germplasm Collections: The Caase of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107,50-54.
- Mansour, A. (2007). Epigenetic activation of genomic retrotransposons, *Journal of Cell and Molecular Biology*, 6 (2): 99-107.

- Marco, A. A. (2005). Retrovirus-like elements in plants, *Recent Research Development Plant Sciences*, (3): 15-24.
- McClintock, B. (1984). The Significance of Responses of the Genome to Challenge, *Science Journal*, 226, 792.
- Mert, M. (2007). Pamuk Tarımının Temelleri. *TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası Teknik Yayınlar Dizisi No:7*, Hatay, 2ss.
- Mert, M. (2011). *Pamuk Tarımının Temelleri*. Teknik Yayınları 5, Ankara.
- Michener, C.D. ve Sokal, R.R. (1957). A quantitative approach to a problem of classification, *International Journal of Organic Evolution*. 11, 490–499
- Mohammadi, S.A. ve Prasanna, B.M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4): 1235-1248. doi:10.2135/cropsci2003.1235
- Morilipınar, E.O. (2019). *Çerezlik Kabak Populasyonlarının Genetik Analizi*, Yüksek Lisans Tezi, Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı.
- Nasır, E. ve Ali S.I. (1979). *Flora of West Pakistan* Department of Botany, University of Karachi, Karachi, 130: 1-107.
- Nemli, S., Kianoosh, T., Tanyolaç, M.B. (2015). Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions through retrotransposon based interprimerbinding sites (iPBSs) markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry* 39: 940-948. doi:10.3906/tar-1505-59
- Nicolosi, E., Deng, Z. N., Gentile, A., La Malfa, S., Continella, G., ve Tribulato, E. (2000). *Citrus* phylogeny and genetic origin of important species as investigated by molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 100(8), 1155-1166. doi:10.1007/s001220051419
- Nix, A., Paull, C. ve Colgrave, M. (2017). Flavonoid Profile of the Cotton Plant, *Gossypium hirsutum*: A Review, *Plants (Basel)*. 2017 Dec; 6(4): 43. doi:10.3390/plants6040043
- Okomato, H. H. (2001). Silencing of transposable elements in Plants, *Trends in Plant Science*, 6 (11): 527-534. doi:10.1016/S1360-1385(01)02105-7

- Özyiğit, Hocaoğlu, A., Uçar, B., Altay, V., Özyiğit, İ.İ. (2020). Genetic Diversity and Phylogenetic Analyses of Turkish Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Lines using ISSR Markers and Chloroplast *trnL-F* Regions, *Journal of Natural Fibers*, August, doi: 10.1080/15440478.2020.1788493.
- Pagnotta, M. M. (2009). Quantification and Organization of WIS2-1A and BARE-1 Retrotransposons in Different Genomes of *Triticum* and *Aegilops* Species, *Molecular Genetics and Genomics*, (282): 245-255. doi:10.1007/s00438-009-0462-6
- Parmaksız, İ. (2004). *Papaver Cinsi Oxytona Seksiyonunun Türkiye’de Yetişen Türlerinde Genetik Çeşitliliğin RAPD Markörleri ile Analizi*, Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Pearce, S. R., Harrison, G., Heslop-Harrison, J. S, Flavell AJ, Kumar, A. (1997). Characterization and genomic organization of Ty1-copia group retrotransposons in rye (*Secale cereale*) *Genome*. 1997;40:1–9. doi:10.1139/g97-081
- Pouteau, S., Grandbastien, M.A., Boccara, M. (1994). Microbial elicitors of plant defence responses activate transcription of a retrotransposon, *The Plant Journal*, 5 (4), 535-542. doi:10.1046/j.1365-313X.1994.05040535.x
- Pravin P., Shrikant S., Venkataraman B.K. (2018). Species relationships among wild and cultivated *Abelmoschus* Medik.,(Malvaceae) species as reveled by molecular markers. *Int. J. Life Sci*, 6(1): 49-59
- Rafalski, A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J.M. ve Tingey, S.V. (1996). Generating and Using DNA Markers in Plants. In: Birren B., Lai E. (Eds.): *Analysis of Non-Mammalian Genomes - A Practical Guide*. Academic Pres., New York.
- Rohlf, F.J. (2000). NTSYS-PC Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.01. Exeter Software. Setauket, New York.
- Rouhi, H. ve Ganji, F. (2007). Effect of *Althaea officinalis* on Cough Associated with ACE Inhibitors, *Pakistan Journal of Nutrition*, 6 (3): 256-258.
- Saitou, N. ve İmanishi, T. (1989). Relative Efficiencies of the Fitch-Margoliash, Maximum-Parsimony, Maximum-Likelihood, Minimum-Evolution, and Neighbor-joining Methods of Phylogenetic Tree Construction in Obtaining the Correct Tree, *Molecular Biology and Evolution*, 6, 514-525,

- SanMiguel, P., Gaut, B.S., Tikhonov, A., Nakajima, Y., Bennetzen, J.L. (1998). The paleontology of intergene retrotransposons of maize, *Nature Genetics*, 20, 43-45. doi:10.1038/1695
- Schlotterer, C. (2004). The evolution of molecular markers-just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics*, 5, 63-69. doi:10.1038/nrg1249
- Schulman, A. F. (2004). The application of LTR retrotransposons as molecular markers in plants, *Methods in Molecular Biology*, (260): 145-173.
- Schulman, A. H. (2007). Molecular markers to assess genetic diversity. *Euphytica*, 158(3), 313-321. doi:10.1007/s10681-006-9282-5
- Seibt, K. M., Wenke, T., Wollrab C., Junghans, H., Muders, K., Dehmer, K.J., Diekmann, K., Schmidt, T. (2012). Development and application of SINE-based markers for genotyping of potato varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 125(1):185-196. doi:10.1007/s00122-012-1825-7
- Sevindik, E., Çayır, M.E., Emrebaş, T., Filiz, E., (2021). Assessment of phylogenetic relationships of some worldwide-cultivated cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) by using ISSR and RAPD markers. *Biologica Nyssana*, 12 (2) December 2021: 131-139. doi: 10.5281/zenodo.5759841
- Shirasu, K.S.L. (2000). A contiguous 66-kb barley DNA sequence provides evidence for reversible genome expansion, *Genome Research*, (10): 908-915. doi:10.1101/gr.10.7.908
- Singh Gautam B. (2015). *Fundamentals of Bioinformatics and Computational Biology*, Methods and Exercises in MATLAB. 235-270. doi:10.1007/978-3-319-11403-3
- Sönmezoğlu, Ö.A. ve Terzi, B. (2018). Characterization of some bread wheat genotypes using molecular markers for drought tolerance. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24(1), 159-166. doi:10.1007/s12298-017-0492-1
- Şahin, C.B., İşler, N., Rustamova, V. (2020). Bazı Pamuk Çeşitlerinin ISSR Markörleri İle Karakterizasyonu, Araştırma Makalesi, *KSÜ Tarım ve Doğa Dergisi* 23 (1): 108-116. doi:10.18016/ksutarimdog.vi.567725



- Takeda, S., Sugimoto, K., Otsuki, H., Hirochika, H. (1998). Transcriptional activation of the tobacco retrotransposon Tto1 by wounding and methyl jasmonate, *Plant Molecular Biology*, 36 (3), 365-376. doi.org/10.1023/A:1005911413528
- Tan, J., Tu, L., Deng, F., Hu, H., Nie, Y. ve Zhang, X. (2013). A genetic and metabolic analysis revealed that cotton fiber cell development was retarded by flavonoid naringenin. *Plant physiology*, 162(1), 86-95. doi:10.1104/pp.112.212142
- Tanker, N., Koyuncu, M., Çoskun, M. (2007). *Farmasotik Botanik*. Ankara Üniversitesi Basımevi, Ankara, Türkiye.
- Tepge, (2020). *Tarımsal Ekonomi ve Politika Geliştirme Enstitüsü. Pamuk Raporu*. Ocak.
- Vanijajiva O. ve Ornpongrungrueng P. (2020). Inter-primer binding site (iPBS) markers reveal the population genetic diversity and structure of tropical climbing *Cissampelopsis* (Asteraceae) in Thailand. *Biodiversitas*, 3919-3928. doi:10.13057/biodiv/d210901
- Vitte, C.B. (2006). Analysis of retrotransposon structural diversity uncovers properties and propensities in angiosperm genome evolution, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(47): 17638-17643. doi:10.1073/pnas.0605618103
- Voytas, D.B. (2002). Ty1 and Ty5 of *Saccharomyces cerevisiae*, In *Mobile DNA II*. Edited by Craig, N.L., Craigie, R., Gellert, M., Lambowitz, A.L., Washington DC: *American Society for Microbiology*; 631-662.
- Wang D., Fan W., Guo X., Wu K., Zhou S., Chen Z., Zhou Y. (2020). MaGenDB: A functional genomics hub for Malvaceae plants. *Nucleic Acids Research*, 48(1): 1076-1084. doi:10.1093/nar/gkz953
- Wendel, J.F., Brubaker, C., Alvarez, I., Cronn, R. ve Stewart, J. M. (2009). *In Genetics and Genomics of Cotton; Evolution and Natural History of The Cotton Genus*, Springer, New York, NY, 3-22 pp. doi:10.1007/978-0-387-70810-2\_1
- Wenke, T., Dobel, T., Sorensen, T.R., Junghans, H., Weisshaar, B., Schmidt, T. (2011). Targeted identification of short interspersed nuclear element families shows their widespread existence and extreme heterogeneity in plant genomes. *Plant Cell*, 23(9):3117-3128. doi:10.1105/tpc.111.088682

- Wessler, S. (2009). The Implicit Genome, Eukaryotic transposable elements: teaching old genomes new tricks, [http://www.plantbio.uga.edu/wesslerlab/The\\_Implicit\\_Genome.pdf](http://www.plantbio.uga.edu/wesslerlab/The_Implicit_Genome.pdf).
- Wicker T., Sabot, F., Hua-Van, A., Bennetzen, J.L., Capy P., Chalhou, B., Flavell, A., Leroy, P., Morgante, M., Panaud, O., Paux, E., SanMiguel P. ve Schulman, H. (2007). A unified classified classification system for eukaryotic transposable elements, *Nature Reviews Genetics*, (8): 973-982. doi:10.1038/nrg2165
- Woese, C.R, Stackebrandt, E., Macke, T.J., Fox, G.E. (1985). A Phylogenetic Definition of the Major Eubacterial Taxa. System. *Journal of Applied Microbiology*, 6: 143-151. doi:10.1016/S0723-2020(85)80047-3
- Xiong, J. (2006). *Essential Bioinformatics*: 127-169
- Yıldırım, A.E. (2005). Tekstil ve Konfeksiyonun Hammaddesi Pamukta Yerli Üretim Avantajı Kaybediliyor. *Türkiye Tekstil Sanayii İşverenleri Sendikası Aylık Dergisi*, Ana sayfa, Haziran.
- Yıldız, M., Koçak, M., Baloch, F.S. (2015). Genetic bottlenecks in Turkish okra germplasm and utility of iPBS retrotransposon markers for genetic diversity assessment. *Genetic and Molecular Research*, 14 (3): 10588-10602. doi:10.4238/2015.September.8.20
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, T.E. (2015). Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı. *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi* 4 (2):1-12, 2015.
- Zarei, A. ve Erfani-Moghadam, J. (2021). SCoT markers provide insight into the genetic diversity, population structure and phylogenetic relationships among three *Pistacia* species of Iran. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68(4), 1625-1643. doi:10.1007/s10722-020-01091-3

**T.C.**  
**AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BİLİMSEL ETİK BEYANI**

“Bazı Dünya Pamuk Genotiplerinin iPBS (Primer Arası Bağlanma Yeri)-Retrotranspozon Markırları ile Genetik Farklılığının Belirlenmesi” başlıklı Yüksek Lisans tezindeki bütün bilgileri etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yaptığımı bildiririm. İfade ettiklerimin aksi ortaya çıktığında ise her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim.

Muhammed Ebrar ÇAYIR

29 / 12 / 2021