



T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**PAMUKTA LİF UZAMASIYLA İLGİLİ GENLERİN
POLİMORFİZMİ**

GÜLAY ZÜLKADİR

YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOMÜHENDİSLİK ve BİLİMLERİ ANABİLİM DALI

KAHRAMANMARAŞ 2011

**T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**PAMUKTA LİF UZAMASIYLA İLGİLİ GENLERİN
POLİMORFİZMİ**

GÜLAY ZÜLKADİR

**Bu tez,
Biyomühendislik ve Bilimleri Anabilim Dalında
YÜKSEK LİSANS
derecesi için hazırlanmıştır.**

KAHRAMANMARAŞ 2011

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Gülay ZÜLKADİR tarafından hazırlanan PAMUKTA LİF UZAMASIYLA İLİŞKİLİ GENLERİN POLİMORFİZMİ” adlı bu tez, jürimiz tarafından 15 /12 /2011 tarihinde oy birliği ile Biyomühendislik ve Bilimleri Anabilim Dalında Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Yüksel BÖLEK (DANIŞMAN)

.....

Biyomühendislik ve Bilimleri Anabilim Dalı, KSÜ

Prof. Dr. Lale EFE (ÜYE)

.....

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, KSÜ

Doç. Dr. İsmail AKYOL (ÜYE)

.....

Zootekni Anabilim Dalı, KSÜ

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Prof. Dr. M. Hakkı ALMA

.....

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

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

Gülay ZÜLKADİR

Bu çalışma KSÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi Başkanlığı tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2011/7-18 YLS

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

PAMUKTA LİF UZAMASIYLA İLİŞKİLİ GENLERİN POLİMORFİZMİ

GÜLAY ZÜLKADİR

ÖZET

Tekstil sanayinin önemli hammaddesi olan pamuk özellikle doğal lifleri için yetiştirilmektedir. Bu nedenle lif oluşumu ve olgunlaşma aşamaları birçok araştırmanın konusu olmuştur. Pamukta lif uzamasıyla ilgili genlerin, pamuk ıslah çalışmalarında sıkça kullanılan germplazm içerisinde dağılımlarını ve polimorfizm durumlarını incelemek amacıyla yapılan bu çalışmada farklı türlere ait toplam 247 adet genotip arasından liflerinin uzun, orta, kısa ve lifsizlik özellikleri dikkate alınarak seçilen 35 adet pamuk genotipi materyal olarak kullanılmıştır.

Seçilen pamuk genotipleri, *Gossypium barbadense* L.(1-9), *Gossypium hirsutum* L.(10-25) ve diğer diploid ve tetraploidler; *Gossypium herbaceum* L. (26), *G.laxum* Phillipe (27), *G.yucatanense* (28), *G.marie galante* (29), *G.mustelinum* Miers ex Watt (30), *G.darwinii* Watt (31), *G.nelsonii* Fryx. (32), *G.Stocksii* Mast. ex Hook. (33), *G.areysianum* Defl. Hutch. (34), *G.bickii* Prokh (35) türlerinden seçilmiştir.

Ayrıca, lifsiz (23), PI 528429 (24) ve PI 528426 (25) genotipleri lifsiz özellikte olup, seçilen yabancı genotipler A, D, AD, C, E ve G genomlarını kapsamaktadır.

Lif uzamasında etkili olduğu düşünülen genler geniş bir literatür taraması yapılarak belirlenmiş ve bunların homolojilerine bakılarak 4 adet primer tasarlanmıştır. Bu primerlerin tamamı kullanılarak pamuk genotiplerinde amplifikasyon yapılmış ve bu sonuçlar doğrultusunda genotipler arasında önemli farklılık gösteren *CesA* genine odaklanılmıştır.

Fenotipleme neticesinde, *G.barbadense* genotipleri uzun ve kaliteli lifler, *G.hirsutum* genotipleri ise orta kalite ve orta uzunlukta lif üretmiştir.

Çalışmada, seçilen genotiplerde lif uzunluğunun ortalama değeri 25,25 mm olup, 0- 36 mm arasında değişmiştir. PI 528896 (1) genotipi 36 mm ile en uzun lif özelliğine sahiptir. Genotiplerin birçoğunun lif uzunluğu 22 - 33 mm arasında değişmiştir. Bununla birlikte, yaklaşık olarak 500-510 bp uzunluğundaki allellerin SNP taşıdığı ve 2 allelde bulunan bu SNP'lerin amino asit değişimine neden olduğu belirlenmiştir. Bu değişimlerin lif kalitesiyle ilişkili olabileceği ve daha detaylı çalışmaların yapılması gerektiği sonucuna varılmıştır.

Anahtar Kelime: Lif Kalitesi, Lif Uzunluğu, Gen, Polimorfizm, *GhCesA*, Pamuk

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyomühendislik ve Bilimleri Anabilim Dalı, Aralık/2011

Danışman: Doç. Dr. Yüksel BÖLEK

Sayfa sayısı: 60

POLIMORFİZİM OF THE GENES RELATED TO COTTON FIBER ELONGATION

GÜLAY ZÜLKADİR

SUMMARY

Cotton is especially grown for natural fibers which is an important raw material for textile industry. For this reason, fiber initiation and maturation steps are the subject of many researches. The goal of this study is to determine polymorphism of the genes related to cotton fiber elongation and distribution throughout the germplasm. Plant materials used in the experiment were total of 35 genotypes that were selected out of 247 according to length character of the fiber.

The species in which cotton genotypes were belong are *Gossypium barbadense* L. (1-9), *Gossypium hirsutum* L. (10-25) and other diploids and tetraploids; *Gossypium herbaceum* L. (26), *G.laxum Phillipe* (27), *G.yucatanense* (28), *G.marie galante*(29), *G.mustelinum* Miers ex Watt (30), *G.Darwinii* Watt(31), *G.nelsonii* Fryx. (32), *G.Stocksii* Mast. ex Hook. (33), *G.areysianum* Defl. Hutch. (34) and *G.bickii* Prokh (35).

Selected genotypes also include fiberless traits in Lifsiz (23), PI 528429 (24) and PI 528426 (25) genotypes. Genes related to fiber elongation were determined after a wide literature search and 4 primers were designed according to their homologies. After screening 35 genotypes with the primers, *CesA* gene had more polymorphism.

Phenotyping resulted long and fine fibers for *G.barbadense* while medium length and quality fibers for *G.hirsutum*.

Averaged fiber length was 25.25 mm and it ranged from 0 to 36 mm. PI 528896 (1) had the longest fiber length that ranged from 22-23 mm for most of the genotypes. With this, alleles (500-510 bp) with SNPs were determined and two of them caused amino acid change in the sequence. This change may be related to fiber length but detailed work is needed.

KeyWords: Fiber Quality, Fiber Elongation, Gene, Polymorphism, *GhCesA*, Cotton

Kahramanmaraş Sütçü İmam University

Institute for Graduate Studies in Science and Technology

Department of Bioengineering and Science December / 2011

Supervisor: Doç. Dr. Yüksel BÖLEK

Page number: 60

TEŐEKKÜR

Arařtırma konusunun seiminden deęerlendirmesine kadar yakın ilgi ve yardımlarını esirgemeyen ve aynı zamanda alıřmalarımı yürüttüęüm yer olan ÜSKİM'in olanaklarından yararlanmamı saęlayan danıřman hocam Do. Dr. Yüksel BÖLEK'e, yardımlarından dolayı Do. Dr. İsmail AKYOL'a, arařtırmanın maddi desteęini saęlayan BAP'a, yüksek lisans alıřmalarımda her zaman bana destek olan aileme ve emeęi geen tüm öęrenci arkadaşlarıma sonsuz teőekkürlerimi sunarım.

GÜLAY ZÜLKADİR

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖZET	I
SUMMARY	II
TEŞEKKÜR	III
İÇİNDEKİLER	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VII
EKLER DİZİNİ	VIII
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	7
3. MATERYAL VE METOT	16
3.1. Materyal	16
3.2. Metot.....	16
3.2.1. Tarımsal işlemler	16
3.2.1.1. Toprağın ekim için hazırlanması	16
3.2.1.2. Ekim.....	16
3.2.1.3. Bakım.....	16
3.2.1.4. Hasat işlemi ve lif uzunluğunun belirlenmesi.....	17
3.3. Moleküler Çalışmalar	18
3.3.1. Biyoinformatik analizler	18
3.3.2. Lif oluşumu ve uzamasıyla ilişkili genlerin Belirlenmesi	18
3.3.3. Sekans analizleri	18
3.3.4. Primer tasarlanması	18
3.4. Genotipleme Çalışmaları	18
3.4.1. DNA izolasyonu	18
3.4.2. İzole edilen genomik DNA'ların agaroz jel elektroforez yöntemi ile gösterimi	19
3.4.3. DNA miktar tayini	20
3.4.4. Genotipik analiz.....	20
3.4.5. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)	20
3.4.6. PCR sonrası agaroz jel analizi	21

	<u>Sayfa No</u>
3.4.7. Nükleik asit ekstraksiyonu.....	22
3.4.8. Dizi sekans.....	22
3.4.9. Verilerin istatistiksel değerlendirilmesi.....	22
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	23
4.1. Lif Analizleri ve Fenotipik Seleksiyon.....	23
4.2. Genlerin Belirlenmesi ve Bu Genlere Ait Primerlerin Tasarlanması.....	26
4.3. Genotipleme Çalışmaları.....	27
4.3.1. DNA izolasyonu ve genomik DNA'ların agaroz jel yöntemiyle gösterimi ..	27
4.3.2. DNA miktar tayini.....	27
4.3.3. Belirlenen genlerin seçilen genotiplerle taranması.....	28
4.3.4. Genotip ve fenotip ilişkisi.....	30
4.3.5. Bantların jelden kesimi, temizlenmesi ve tek banda indirgenmesi.....	32
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	35
KAYNAKLAR.....	36
EKLER.....	48
ÖZGEÇMİŞ.....	60

ŞEKİLLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Şekil 3.1. Ekimi yapılan pamukların tarla görüntüsü	17
Şekil 3.2. Elektroforeze örnek yüklenmesi ve görüntülenmesi	21
Şekil 4.1. Genomik DNA'ların jel görüntüsü.....	27
Şekil 4.2. CesA primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü.....	28
Şekil 4.3. EF1A primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü.....	29
Şekil 4.4. SuSy primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü	29
Şekil 4.5. ACT primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü	30
Şekil 4.6. Korelasyon analizinde kullanılan CesA primeri ve ilgili bantların gösterimi	31
Şekil 4.7. Korelasyon analizinde kullanılan SuSy primeri ve ilgili bantların gösterimi.....	31
Şekil 4.8. Lif uzunluğu ve CesA polimorfizminin ilişkilendirilmesi	31
Şekil 4.9. Seçilen 19 genotip ve bunlardan 1. örneğe ait kesilmiş bant görüntüsü.....	32

ÇİZELGE DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
Çizelge 4. 1. Lif özelliklerine göre moleküler çalışmalarda kullanmak amacıyla seçilen genotipler	24
Çizelge 4.2. Moleküler çalışmalarda kullanmak amacıyla lif uzunluğunu etkileyen genler için tasarlanan primerler	26
Çizelge 4.3. Lif uzunluğ ile amplifikasyonda farklılık gösteren genlerin korelasyonu	30
Çizelge 4.4. Sekanslanan bantlardaki amino asit dizilimlerinin orijinal sekansla karşılaştırılması	34

EKLER DİZİNİ

	<u>Sayfa No</u>
EK-1: Ekimi yapılan 247 adet genotip ve bunlara ait lif analiz sonuçları.....	48
EK-2: Belirlenen genlere ait sekanslar	55

1. GİRİŞ

Pamuk, geniş bir alanda yetiştirilmesi, tohumundan yağ elde edilmesi ve liflerinin tekstil sanayisinde kullanımı açısından dünya çapında önemli bir bitkidir. Ticari olarak pamuk, başta Çin, Amerika, Avustralya, Pakistan, Özbekistan, Afrika, Türkiye ve Hindistan olmak üzere 80'den fazla ülkede yetiştirilmektedir (Lee ve ark., 2007). Pamuk ülkemizde 480 bin hektar alanda ekimi yapılmakta ve 448 kg/da verimle, 2.1 milyon ton kütlü pamuk elde edilmektedir (Anonim, 2010).

Gossypium cinsi tropikal ve subtropikal bölgelerde doğal olarak yetişmekte ve diploid ($2n = 2x = 26$) ve tetraploid ($2n = 4x = 52$) olmak üzere 45 türü bulunmaktadır (Wendel, 1989; Percival ve ark., 1999; Wendel ve Cronn, 2003). Bunlardan; *Gossypium herbaceum* L. ve *Gossypium arboreum* L. türleri diploid ($2n = 26$) olup lifleri; kısa (18-23 mm) ve kalın, kozaları kapalı, verimleri düşüktür. Bu özellikleri bakımından daha çok dolgu maddesi olarak kullanılmaktadır. Soğuk ve kurak bölgelere dayanıklı olmalarından dolayı ekimi yapılsa da kullanım alanı oldukça dardır. *Gossypium hirsutum* L. ve *Gossypium barbadense* L. türleri tetraploid kromozomlu olup Amerikan 'upland' pamuk çeşidi grubunda yer almakta, sıcak ve nemli bölgelerde yaygın olarak yetişmektedir. Lifleri ince ve uzun olup açık kozalı bitkilerdir. Genellikle tekstil sanayisinde normal kalitedeki ürünler için kullanılmaktadır. Lif kalite parametreleri (lif uzunluğu, inceliği ve dayanıklılığı) yönünden *G. barbadense* çeşitleri daha fazla dikkati çekmektedir.

Pamuk lifi tekstil sanayisinde hammadde olarak kullanıldığı için büyük önem taşımakta ve pamuk mahsulünün ekonomik değerinin yaklaşık % 90'ını oluşturmaktadır (Jia, 2005). Pamuk lifi, tohumun epidermal tabakasındaki hücrelerde, her biri tek bir hücrenin farklılaşarak uzamasıyla oluşan trikoma (trichomes) olarak adlandırılan yapılardır (Qin ve Zhu., 2007). Gelişmeleri hücre bölünmesi veya çok hücreli (multicellular) gelişme şeklinde olmaz ve yüksek bitkiler içerisinde en uzun tek hücredir. İlave olarak, olgun liflerin neredeyse tamamı (yaklaşık %90) tek hücre duvarı biyopolimeri olan selüloz'dan oluşmuştur (John ve Crown, 1992).

Lif oluşumu çiçeklenmeyle (anthesis) başlar ve bu evrede tohum yüzeyinde küresel şişkinlikler görülebilir. Bu küresel şişkinlikler, hücre uzamasıyla devam eder. Bu evreden 2-3 gün sonra, lif uçları sivrilmeye ve koni şeklini almaya başlar. Lif hücreleri, anthesis'den sonra 3 hafta içerisinde yaklaşık 30 mm' ye kadar uzayabilirler. Sekonder hücre duvarı (anthesisden

3-6 haftalık dönem) kalın bir duvarın oluşmasıyla önceki safhadan ayrılır (Tokumoto ve ark., 2002).

Liflerin boyuna uzamaları enine büyümelerinden daha hızlı olmaktadır. Uzama liflerin toplam uzunluğuna (20-60 mm) ulaşmaya kadar bitkinin genotipine ve kültüre alındığı ortam şartlarına bağlı olarak yaklaşık 20-30 gün boyunca devam eder. Uzayan hücreler, geniş merkezi bir vakuol ve ince bir sitoplazma tabakası içerirler. Uzama esnasında, 0.2-0.4 µm (mikrometre) kalınlığında primer hücre çeperi oluşur (5-20 DPA). Primer çeperdeki selüloz miktarı yaklaşık %25 civarındadır ve primer duvar oluşumu esnasında selüloz miktarı yaklaşık 1 ng mm⁻¹ (her bir lif uzunluğu ünitesi başına 1 nanogram) olarak sabittir. Ancak sekonder çeper oluşumunda hızlı bir artış göstererek, olgunlaşma aşamasında 130 ng mm⁻¹ 'ye ulaşır (Beasley, 1979). Selüloz içeren sekonder çeper, primer çeperin içerisinde oluşur, sitoplazma tabakasını hücrenin içerisine doğru iter ve vakuolün genişlemesini sağlar. Olgunluk aşamasında (50-60 DPA) koza kabukları açılır ve silindirik yapıdaki lifler ortaya çıkar.

Olgun liflerin selülozik sekonder duvarı en son olarak (yaklaşık olarak) 8-10 µm kalınlığa ulaşır (Basra, 1999) ve lifin mukavemetini (dayanıklılığını) artırır. Bu da lifin daha kaliteli olmasını ve tekstil endüstrisinde daha tercih edilebilir olmasını sağlamaktadır.

Anthesis süresince gelişen ovüllerde, lif oluşumu “quasi-synchronous” olarak adlandırılan; aynı mesajın birden fazla iletilen molekül aracılığıyla aynı hızda yayılması veya iletilmesini kapsayan bir süreç olarak tanımlanmaktadır. Pamukta lif gelişimi 4 safhaya ayrılmıştır: 1. Oluşum (initiation, differentiation) 2. Uzama (expansion, elongation) 3. Sekonder hücre duvarı oluşumu (Secondary wall thickening) ve 4. Olgunlaşma (maturation) (Lee ve ark., 2007; Basra ve Malik, 1984). Lifin gelişme süresi ve oranı direk olarak lif kalitesini etkilemektedir. Lif oluşumu çiçeklenme (anthesis) ile başlar ve uzama aşamasıyla devam eder.

Lif hücrelerinin farklılaşması için gerekli sinyaller mutlaka lif oluşumundan önce gerçekleşmek zorundadır. Başlangıç lif hücreleri (cell initials) ya anthesisde ya da anthesisden önce çıkar ve 5 DPA'ya kadar gelişmeye devam eder. Lif oluşumunda, -2 dpa ile 2 dpa arasında epidermal hücreler farklılaşmaya başlar ve *In vitro*'da kültüre alınan ovüller oksin ve gibberellik asit uygulamasıyla anthesisden 2 gün önce lif oluşturmaya başlamışlardır (Graves ve Stewart, 1988) . Bu aşamadan sonra hücre uzaması ve primer hücre duvarının biyosentezi başlar ve sonunda yaklaşık 5 cm olana dek hızlı bir şekilde uzama gerçekleşir (5-20 DPA).

Selüloz (sekonder hücre duvarı) sentezi yaklaşık 15 DPA'da başlar ve en üst seviyesine 25 DPA'da ulaşır (Meinert ve Delmer, 1977). Takiben olgunlaşma ve kozaların açılması (yaklaşık) 50 DPA'ya kadar sürer. Tohum üzerindeki bütün epidermal hücrelerin lif oluşturma potansiyellerinin olmasına karşın yaklaşık olarak %15-25 kadarı ticari olarak kullanılan lifleri oluşturur (Basra ve Malik, 1984; Kim ve Triplett, 2001; Wilkins ve Jernstedt, 1999; Tiwari ve Wilkins, 1995). Hangi hücrelerin lif oluşturacağını belirlemek, lif veriminin artırılmasında kullanılabilecek önemli bir unsurdur.

Lif kalitesi sanayi açısından çok önemlidir ve çoğunlukla genetik faktörler tarafından kontrol edilmektedir (Paterson ve ark., 2003). Tozlaşmanın hemen ardından gerçekleştiği için lif oluşumunun moleküler aşamaları tam olarak anlaşılammıştır. Bu nedenle lif oluşturan hücrelerin (protodermal cells) lif oluşumuna ne zaman ve nasıl katıldıklarını bilmek çok zordur. Bu konudaki moleküler çalışmalar da oldukça kısıtlıdır. Lif oluşumuna; genler kontrolünde hücre döngüsü, transdüksiyon, hormonlar, sitoskeleton yapısı, karbonhidrat içeriği ve hücre duvarının protein yapısı dolaylı olarak etkide bulunmaktadır. Ancak bunların etkilerinin ne ölçüde olduğu tam olarak bilinmemektedir (Hulskamp, 2004; Hulskamp ve ark., 1994; Hulskamp ve Schnittger 1998; Marks, 1997).

Pamuk lifinin doğasının çeşitliliği nedeniyle, bir genotip ya da bir test örneği için lif uzunluğunun mutlak bir değeri yoktur (Behery, 1993). Tek bir tohum bile, mikropil sonunda (pointed) kısa liflerin bulunması ve salazal (chalaral) sonunda uzun liflerin oluşmasıyla lif uzunlukları önemli derecede çeşitlilik göstermektedir. Ayrıca örnekten örneğe önemli farklılıklar gösteren, lif uzunluğu varyasyon katsayıları, upland pamuk için %40 civarındadır. Tohumdaki lifin konumuna ve genotipe bağlı olarak lif uzunluğundaki çeşitlilik, mikro ve makro çevresel faktörler tarafından düzenlenmektedir (Bradov ve ark., 1997a,b). Çiçeklenme zamanında meydana gelebilecek çevresel değişimler lif oluşumunu sınırlayabilmekte veya lif uzamasının başlangıcını geciktirebilmektedir. Lif uzaması evresinde olması gerekenden düşük olan çevresel koşullarda, lif uzunluğu için gerekli olan genotipik potansiyelin tam olarak gerçekleşmemesi uzama süresinin kısalmasına veya uzama oranının azalmasına neden olabilmektedir (Hearn, 1976).

Her bir tohumdaki lif uzunluğu, lifler tohuma bağlıyken veya çırpırdan sonra elle veya fotoelektrik ölçümlerle (Munro, 1987; Behery, 1993) tespit edilebilmektedir (Gipson ve Joham, 1969; Munro, 1987). Lif uzunluğu dikkate alındığında: kısa (<21 mm), orta (22-25

mm), ortadan biraz uzun (26-28 mm) ve uzun lif (29-34 mm) ve ekstra uzun (> 34 mm) olarak ayrılabilir (Bradov ve Davidonis, 2000).

Genetik faktörlerin yanısıra lif uzunluğu çevresel, yetiştirme ve hasat faktörleri tarafından da etkilenmektedir (Bradov ve Davidonis, 2000).

En yüksek lif uzunluğu genotipe bağlı olarak gece sıcaklığı 19-20 °C olduğunda oluşmuştur (Gipson ve Joham, 1968; Gipson ve Ray, 1970). Lif uzamasının erken evreleri sıcaklığa oldukça bağımlıdır ancak ileriki safhalarda sıcaklıktan bağımsız olarak gerçekleşmektedir (Gipson ve Joham, 1969; Xie ve ark., 1993). Lif uzunluğu, çok yüksek ve çok düşük sıcaklık farklılıklarından olumsuz etkilenmektedir (Hanson ve ark., 1956).

Artış gösteren sıcaklıklarla lif uzunluğu değişiklikleri ayrıca ekim zamanına da bağlıdır (Bradov ve Davidonis, 2000). Gün sıcaklığı 34/15 °C'de ekilen tohumda, lif oluşumu ve lifin erken uzamasında gecikmeler görülmüştür (Xie ve ark., 1993).

Lif uzunluğu ve uzama periyotlarındaki çeşitlilik, bağıl ısı birikimiyle ilişkili bulunmuştur. Regresyon analizlerine göre; uzun lifli genotiplerin ısı-birimi birikim düzeyleri kısa lifli genotiplerden daha çok duyarlıdır (Quisenberry ve Kohel, 1975).

Pamuk-su ilişkisi ve sulama verim açısından incelenmiştir (Hearn, 1976, 1994; Ramey, 1986; Radin ve ark., 1992). Çiçeklenme döneminde su kıtlığının oluşması lif uzunluğunu değiştirmemiştir. Ancak, kuraklık çiçeklenme döneminden sonra meydana geldiğinde, lif uzunluğunda azalma gözlenmiştir (Marani ve Amirav, 1971; Shimishi ve Marani, 1971; Hearn, 1976).

Lif özellikleri çevre şartlarından her ne kadar etkileniyor olsalar da liflerin gelişimleri esnasında yüzlerce gen tarafından aktive olurlar (Wilkins ve Jernstedt, 1999). Bu nedenle de lif özelliğiyle ilgili bir çok gen izole edilmiştir (Ruan ve ark., 2003; Laosinchai ve ark., 2000; Harmer ve ark., 2002; Zhu ve ark., 2003; Wang ve ark., 2004; Kim ve Triplett 2004 ; Li ve ark., 2005; Wang ve ark., 2005; Wu ve ark., 2006; Liu ve Zhang, 2008).

Lif oluşumuyla ilgili klonlanan ve üzerinde çalışılan genlerden bazıları; glutamin sentetaz (GhGS) (Dubois ve ark., 1996; Ochs ve ark., 1999; Yajun ve ark., 2008), brassinosteroid setetaz GhDWF1 (Ming ve ark., 2007), Myb109 ve MYB2 lif oluşumu sırasında ifade edilen (ekspres) transkripsiyon faktörleri (Suo ve ark., 2003), kinesin proteini *GhKCH1* (Preuss ve ark., 2004) ve *GhKCH2* (Xu ve ark., 2009), Sucrose Synthase (SuSy)

(Notle ve ark., 1995), transporter proteini *GhWBC1* (Zhu ve ark., 2003) ve *GhRac1* geni lif uzaması aşamasında yüksek oranda ekspres olmaktadır (Kim ve Triplett, 2004).

Bu genlerden çalışmamızda seçilen CesaA geni, selüloz sentezinin katalitik alt ünitelerini kodlayan ve *Arabidopsis*'de karakterize edilen bir gendir. Genomda bilinen ve bilinmeyen fonksiyonları olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır (Richmond ve Somerville, 2000, 2001). *CESA1*, *CESA3* ve *CESA6* genlerini içeren birinci grup genellikle genişleyen dokularda ifade edilmekte (Desprez ve ark., 2002; Doblin ve ark., 2002; Robert ve ark., 2004) ve *cesA1*, *cesA3* ve *cesA6* mutantları cüce kalmakta veya fideler ölmektedir. *CESA4*, *CESA7*, *CESA8* ve *cesA4*, *cesA7* ve *cesA8* mutantlarını içeren diğer grupta ise ksilemlerdeki karakteristik ikincil kalınlaşmada azalma görülmektedir (Scheible ve ark., 2001; Taylor ve ark., 2000, 2003). Geriye kalan *CESA2*, *CESA5*, *CESA9* ve *CESA10* genlerinin fonksiyonları tam olarak anlaşılmamış olmasına rağmen, son zamanlardaki çalışmalar, bazılarının işlevsel olarak gereksiz olduğunu ve/veya farklı fizyolojik durumlar altında diğer CESA genlerinin fonksiyonlarına yardımcı olabileceğine işaret etmektedir (Desprez ve ark., 2007; Persson ve ark., 2007).

Lif kalitesi üzerine etki eden genlerin yerlerinin, fonksiyonlarının ve bunların ne şekilde aktive olduklarının bilinmesi bize daha verimli ürünler elde etmemiz, bunları daha az zahmetle ve daha kolay elde edebilmemiz açısından büyük imkânlar sağlamaktadır. Bu amaçla da çalışmalarda genellikle DNA markörleri kullanılmaktadır. PCR'ye dayalı DNA markörleri; AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence Repeat), STS (Sequenced-Tagged Sites) ve EST-SSR (Expressed Sequence Tags-SSR) pamukta genetik haritaların yapılmasında geniş bir şekilde kullanılmaktadır (Lacape ve ark., 2003; Mei ve ark., 2004; Zhang ve ark., 2003; Rong ve ark., 2004; Nguyen ve ark., 2004; Han ve ark., 2004, 2006; Guo ve ark., 2007; Yu ve ark., 2007; Wu ve ark., 2009; Lin ve ark., 2005).

DNA markörleri ile belirlenebilen QTL'lerin ilgilenebilen agronomik ve lif özelliklerine katkı sağlaması mümkündür. Pamukta özellikle lif kalite karakterlerini kontrol eden genlerin belirlenmesi ve ıslahatına yönelik çalışmalar artmaktadır (Jiang ve ark., 1998; Shappley ve ark., 1998; Ulloa ve Meredith, 2000; Kohel ve ark., 2001; Ulloa ve ark., 2002, 2005; Zhang ve ark., 2003, 2005; Lin ve ark., 2005; Park ve ark., 2005; Shen ve ark., 2005; 2006; Frelichowski ve ark., 2006; Yu ve ark., 2007; Wu ve ark., 2009). Bu nedenle, gerek rastgele primerler kullanılarak ve gerekse de dizimleri bilinen sekanslardan yararlanarak lif

kalitesini kontrol eden gen veya QTL'lerin belirlenmesi ve bu karakterlere yakın markörlerin haritalanması öncelikli hedefler arasındadır. Ayrıca, bir gen için farklı alellerin belirlenmesi durumunda, gen piramitleme çalışmaları da yapılabilecektir.

Pamuk lif oluşumu ve gelişmesiyle ilişkili bu genlerin açılım gösteren düzenli populasyonlarda araştırılması ve ıslah amacıyla kullanılmaları önemlidir (RFLP-PCR metodu, özellikle tek genle kontrol edilen karakterleri populasyonda taramak ve SNP bulmak amacıyla kullanılan bir yöntemidir). Bu çalışmada, lif kalitesiyle ilgili bulunan genler farklı lif özelliklerinesahip pamuk germplasmı içerisinde taranarak, lif kalitesini nasıl etkiledikleri (polimorfizm durumları) ve MAS amacıyla kullanılma olasılıkları araştırılacaktır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Notle ve ark. (1995), pamuk tohumlarındaki sükroz sentezinin, (a) tohum oluşumunun başlaması sırasında sakkaroz kullanımında, (b) trikoma farklılaşmasında ve (c) hücre duvarı biyosentezi ile lif uzamasını hızlandırmada etkili olduğunu görmüşlerdir. Analizlerde trikoma oluşumunun başlangıcından hemen öncesi ve sonrasında ki dönem üzerinde durulmuştur. İmmün işaretli (immünolabel) trikoma farklılaşmasının en erken görülebilir fazında özellikle epidermal hücrelerde görmüşlerdir. Tozlanmanın ertesi günü bu hücreler 3-5 kat uzamış ve sükroz sentaz immünolabel daha fazla etkili olmuştur. Sükroz sentaz mRNA seviyesi tek başına tozlanmanın olup olmaması dikate alınmaksızın artış göstermiştir.

Whittaker ve ark. (1999), uzama gösteren pamuk liflerindeki α -tübülün transkript düzeyini belirlemek için bu transkript üzerine etki eden genleri araştırmışlardır. Bu araştırmada pamukta α -tübülün transferaz genleri olan *GhTua2/3* ve *GhTua4* düzeylerinin 10-20 DPA da, *GhTua1* ve *GhTua5* transkript düzeylerinin 14 DPA da artış gösterdiğini, 16 DPA da sekonder duvar senteziyle önemli derecede düşütüğünü gözlemlemişlerdir. Ayrıca α -tübülün transkript düzeyi liflerde diğer dokulara nazaran daha fazla bulunmasına rağmen lif hücrelerine özel olmadığını gözlemlemişlerdir.

Mun ve ark. (2000), *Petunia hybrida* ve petal protoplast kültürlerinden yapılan cDNA kütüphanelerinden ADF kodlayan, *PhADF1* ve *PhADF2*, iki cDNA klonu izole etmişlerdir. *PhADF1* ve *PhADF2*, sırasıyla 16,04 ve 16,51 kDa molekül ağırlığıyla 139 ve 143 amino asitlik polipeptid zincirini kodladığını belirlemişlerdir. Birlikte çökme (co-sedimentation) denemesindeki gözlemleri; rekombinant *PhADF1* proteini, pH 7.0 ve tercihen depolimerizasyon pH 8.0'da F-aktin bağlayıcıları *Escherichia coli*'de üretilmiştir. Üç gen analizinde ADF ailesinin dört grupta toplanabileceğini gözlemlemişler ve *PhADF*'ler, petunia genomunda bulunan PhADF genlerinin bir veya iki kopyası olan I. Southern blot analizlerinde gözlemlenen sınıflandırmada bulunmadığını ve diğer birkaç izoformda bulunduğunu gözlemlemişlerdir. Northern blot analizleri, polen hariç bitkinin tüm organlarında bolca ifade edilen ve yakından ilgili olan *PhADF1* ve *PhADF2* genlerinin belirlemişlerdir. Bu çalışmanın sonucunda; petunia ADF transkripsiyon genlerinin gelişimsel olarak farklı şekillerde düzenleyici rol oynadığını gözlemlemişlerdir.

Saxena ve Brown (2000), çalışmalarında glikosiltransferaz ve selüloz sentezini kodlayan genler ve hücre duvarı polisakaritlerinin biyosentezi üzerinde durmuşlardır.

Perrin (2001), çalışmasında selüloz üzerinde durmuş ve selüloz sentezi üzerine etkili olduğu düşünülen *CesA* genlerine değinmiştir. *CesA* izoformlarının dağılımı ve selüloz sentezi rozetlerinin yapısal sonuçlarını değerlendirmiş ve üç farklı sonuç elde etmiştir. Bunlardan ilkinde farklı izoformları farklı dokularda ifade etmişler ve rozetlerin sadece tek tip *CesA* izoformu içerdiğini gözlemlemiştir. İkincisinde; farklı izoformların aynı hücrede bulunduğunu ancak bu rozetlerin rastgele dağılım gösterdiğini gözlemlemiştir. Üçüncüsünde ise; yine farklı izoformların aynı hücrede bulunduğunu fakat bu izoformların rastgele olmadığını, her bir tipteki bir izoformun bir glukan zinciri sentezi için gerekli olduğunu belirtmiştir.

Maciver ve Hussey (2002), de yaptıkları çalışmada *ADF/cofilins*'in aktin- bağlayıcı protein ailesinden olup, hem monomerik hemde filamentöz aktinle *ADF/ cofilins* etkileşimi sonucu aktince zengin kontraktıl halkanın küçüldüğünü gözlemlemiştir. *ADF/ cofilins* aktin filamentlerini kopardığını ve ayrıca filamentlerin ucundan ayrılan monomerlerin oranını artırdığını bildirmişlerdir.

Tokumoto ve ark. (2002), pamuk liflerinin gelişimi esnasında, liflerdeki şeker bileşiklerinin ve matriks polisakkaritlerinde ki değişimi gözlemlemek için hücre duvarı analizleri yapmışlardır. Bunun sonucunda matriks polisakkaritleri; asidik polimerler (galanturonans), β -glucan'lar (B-1,3-glucans), ve ksiloglukan (xyloglukan)'ların miktarlarında önemli ölçüde değişiklikler olduğunu (bazılarının daha fazla sentezlendiği, bazılarının ise degradasyona uğradığı) gözlemlemiştir. Ayrıca, ksiloglukan ve asidik polimer miktarının (tohum başına), lif uzaması aşamasında artarken, bu aşamanın sonlarına doğru azaldığını saptamışlardır.

Ruan ve ark. (2003), çalışmalarında *Sus* baskılayıcı yapılarla pamuk transformasyonunda pamuk lif ve tohumundaki sükröz sentaz geninin rolünü incelemiştir. Bunun için lif ve tohum büyüklüğünün maksimuma ulaştığı zaman lif gelişiminin erken evresi ve taraklanmadan sonra 25 gün ve taraklanmadan sonraki ilk üç gün analizler yapmışlardır. Tohum taslağı epidermisinde *Sus* aktivitesinin %70 veya daha fazla bastırılmasının fenotipte lifsizliğe yol açtığını gözlemlemiştir. *Sus* bastırma seviyesi muhtemelen heksozların azalması sonucu, lif oluşma ve uzama inhibisyon derecesi ile güçlü bir korelasyon içinde olduğunu bildirmişlerdir. Taraklanmadan sonraki 25. günde, meyve tohumlarının bir kısmı, endosperm ve embriyo kısımları hariç sadece tohumlarda ki transfer hücrelerinde ve lif çeperinde *Sus* aktivitesinin bastırıldığını gözlemlemiştir. Bu sonuçlara göre *Sus* geninin liflerin oluşumu ve uzamasında sınırlayıcı bir rol oynadığını ayrıca sadece tohum ve dokuda

Sus baskılanması sonucunda embriyo gelişimi ve tohum boyutu etkilenmeden lif gelişimini baskıladığını gözlemlemişlerdir.

Zhu ve ark. (2003), yaptıkları çalışmada (*Gossypium hirsutum* L.) pamuktan WBC (white/brown complex) alt ailesi proteinin kodlayan *GhWBC1* genini izole etmişlerdir. *GhWBC1* geni gelişmekte olan liflerde yüksek oranda ifade edilen bir gen olup kök haricinde diğer dokularda da transkriptine rastlamışlardır. Transkript seviyesinin özellikle hızla uzayan liflerde en üst seviyeye çıktığını (5-9 DPA) ve sonrada azaldığını gözlemlemişlerdir. Aynı genin lifsiz pamuklarda expression seviyesinin çok düşük olduğunu, buradan da *GhWBC1* geninin lif uzamasıyla ilgili olduğunu vurgulamışlardır.

Preuss ve ark. (2004), *GhKCHI* geninin mikrotübül ve aktin mikrofilamentler arasındaki etkileşimde rol oynadığını düşünmüşlerdir. Yaptıkları *in vitro* actin-binding çalışmasında *GhKCHI*' in CH domainini içeren N-terminal bölgesinin aktin mikrofilamentlerle direk olarak interaksiyonunu bulmuşlardır. Kinesinler, mikrotübüller üzerine, ATP ve hidroliz bakımından etki eden motor proteini olarak bilinmektedirler. Sonuç olarak CH domain'in genellikle actin-binding proteinlerde bulunmasından dolayı, *GhKCHI* (kinesin protein)'in aktin network ağını düzenleyici bir görevi olduğunu bildirmişlerdir.

Kim ve Triplett (2004), yaptıkları çalışmada *GhRac1* genini pamuk tohumlarından izole etmişlerdir. *GhRac1* geni Rac/Rop GTPaz familyasının bir üyesi olup hızlı büyüyen pamuk dokularında fazla miktarda ifade edilmektedir. *In vitro* enzim aktivitesi çalışmasında *GhRac1* geninin *E. coli*'de fazla miktarda ifade edilmesi fonksiyonel GTPaz'ların üretimini sağladığını gözlemlemişlerdir. Pamuk liflerinde bulunan diğer Rac/Rop GTPaz'ların aksine *GhRac1* lif gelişiminin uzama safhasında yüksek seviyede ifade edilmiş ve uzamanın azalmasıyla birlikte ifade (expression) seviyesinin de düştüğünü gözlemlemişlerdir.

Li ve ark. (2005), lif gelişimi esnasında aktin sitoiskeletin rolünü araştırmak üzere 15 adet *G. hirsutum* ACTIN (*GhACT*) cDNA klonunu karakterize etmişlerdir. RNA jel blot ve RT-PCR analiz yöntemleriyle *GhACT* genleri farklı dokulardan expres edilerek dört gruba ayırmışlardır. Bunlardan lif hücrelerinden yoğun olarak çıkarılan *GhACT1* detaylı bir şekilde incelemişlerdir. *GhACT1* geninin RNA ile birlikte oluşturduğu yapının liflerdeki aktin sitoiskeletin ağını bozduğu, protein ve mRNA düzeyini önemli ölçüde azalttığını ve aktin ağının bozulması ile lif uzamasını engellediğini gözlemlemişlerdir.

Wang ve ark. (2005), lif gelişimi süresince *GhPFNI* geninin ekspresyon düzeyini analiz etmişler ve hücrel fonksiyonlarını incelemişlerdir. *GhPFNI* geninin ekspresyonu ile pamuk liflerinin hızlı uzaması arasında sıkı bir ilişki belirlemişlerdir. Ayrıca, *GhPFNI* geninin transgenik bütün hücrelerinde fazla miktarda ifade edilmesinin kalın ve uzun mikrofilament iplikleri içeren hücrelerin uzamasıyla da ilişkili olduğu bulunmuştur. Sonuç olarak *GhPFNI* geninin aktin polimerizasyonunu teşvik ederek pamuk liflerinin hızlı bir şekilde uzamasında etkili olabileceğini bildirmişlerdir.

Shi ve ark. (2006), yaptıkları çalışmada cDNA kütüphanesinden pamuk lif kalitesiyle ilişkili sekans elde etmiş ve microarray yöntemiyle analiz etmişlerdir. Lif uzaması esnasında etilen biosentezinin biyokimyasal açıdan en önemli düzenleyicilerden biri olduğunu bulmuşlardır. Kültüre alınan tohumlardan yayılan çok miktardaki etilenin ACO ekspresyonuyla ilgili olduğu ve lif büyümesiyle orantılı olduğunu gözlemlemişlerdir. Etilenin bu etkisine karşın biosentetik inhibitör olarak L-(2-aminoethoxyvinyl)-glycine (AVG)'nin lif büyümesini engellediğini belirlemişlerdir. Ayrıca etilenin sükröz sentezi, tübülün ve çok sayıda genin ifadesindeki artışa neden olarak hücre uzamasına olumlu etkide bulunduğunu bildirmişlerdir.

Xu ve ark. (2007), pamuk lifleriyle ilgili fonksiyonel genomik çalışmaları incelemişler, pamuk lif transkriptomlarının izolasyonu, lif uzaması esnasında aktive olan enzim kodlayan genleri ve transkripsiyon faktörleri hakkında bilgi vermişler ve bitkide etilen hormonu biosentezinin lif büyümesini düzenleyici etkisinin olduğunu bildirmişlerdir. Prolince zengin proteinler (PRP), arabinogalaktan proteinleri (AGP), expansin, tübülün ve lipid transfer proteinlerinin lif uzamasının erken safhalarında aktive olduğunu ve ayrıca lif uzaması esnasında ihtiyaç olabileceğini belirlemişlerdir.

Wu ve ark. (2007), öncelikle lif oluşturan hücrelerde, primer hücre duvarı ve ekstra hücre membranını (hücre duvarı proteinleri, karbonhidratlar, yağlar ve enzimler) etkileyen genleri saptamışlar, bu genleri 'laser capture microdissection' ve cDNA microarray yöntemi kullanarak analiz etmişlerdir. Bunun sonucunda DNA metabolizmasıyla alakalı bu genlerin aynı zamanda büyüyen/genişleyen lif hücresiyle alakalı olduğu ve hücre içerisindeki endoreduplikasyon olayını sınırladığını gözlemlemişlerdir.

Chu ve ark. (2007), transgenik fidelerde (*Arabidopsis thaliana*) analiz yaparak kök saçakları da dahil olmak üzere bütün organlardan *AtCESA2* genini izole etmişlerdir. Muatant *atcesa2*'lerin *AtCESA2* geninden yoksun olması, mutantlarda selüloz sentezinde azalmaya yol

açması neticesinde hücresel büyüklükte değişime neden olarak, doğal bitkilerde tohum üretiminde azalmaya yol açtığı ve fidelerdeki hipokotillerin büyümesini olumsuz yönde etkilediği gözlemlenmiştir. Bu çalışmanın sonucu olarak *AtCESA2* geninin selüloz sentezini etkileyerek mikrotübüllerin oryantasyonunda ve bitkinin büyümesi ve gelişmesinde etkili olduğu gözlemlenmiştir.

Qin ve ark. (2007), bu çalışmada; 1479 bp uzunluğunda ‘open reading frame’ bölgesi içeren, Arabidopsis’deki CER6 enziminin homoloğu olan 492 amino asitlik bir proteini kodlayan *GhCER6* cDNA izole etmiş ve klonlamışlardır. *In situ* hibridizasyon sonucunda, *GhCER6* mRNA’sını sadece pamuk liflerinin uzamasında tespit etmişlerdir. *Saccharomyces cerevisiae*’nin *elo3* mutantını (26 karbon yağ asiti oluşturamıyor) kullanarak, Mass spektrometre analizi sonucunda *GhCER6*’nın uzun zincirli yağ asidi oluşmasında etkili olduğunu ve bununla hücre uzamasında önemli olduğunu bulmuşlardır.

Zhang ve ark. (2007), tüm ökaryotik hücrelerde çok sayıda bulunan aktin depolimerizasyon faktörü (ADF) aktin filamentleri depolimerizasyonu ve polimerizasyonda anahtar bir rol oynayan düşük moleküler ağırlıklı aktin bağlayıcı proteinler olduğunu belirtmişlerdir. ADF proteinlerini kodlayan dört cDNA (*GhADF2*, *GhADF3*, *GhADF4*, ve *GhADF5* sırasıyla tasarlanan) cDNA kütüphanelerinde (*Gossypium hirsutum*) pamuk liflerinden izole etmişlerdir. *GhADF2* cDNA 705 bp uzunluğunda ve 139 amino asit içeren bir proteinler olduğunu bildirmişlerdir. *GhADF3* cDNA 819 bp uzunluğunda ve 139 amino asitlik bir proteini kodladığını, *GhADF4* cDNA 804 bp uzunluğunda ve 143 amino asit içeren bir protein olduğunu, *GhADF5* cDNA 644 bp uzunluğunda ve 141 amino asitlik bir proteini kodladığını bildirmişlerdir. Bununla birlikte bitkilerdeki ADF genlerinin oldukça fazla bulunduğunu, RT-PCR analizlerinde *GhADF2* geninin liflerde ağırlıklı olarak ifade edildiğini, ancak, *GhADF5* geninin esas olarak kotiledonlarda ifade edildiğini gözlemlenmişlerdir. Diğer taraftan, *GhADF3* ve *GhADF4* genlerinin hiçbir dokuda bulunmadığını, farklı ADF genlerinin ifade düzeylerinin aynı hücre tiplerinde önemli ölçüde değişebildiğini gözlemlenmişlerdir.

Kim ve Triplet (2007), veri bankalarından sınıflandırılmış birbirlerinden farklı on dört *CESA* genini içeren sekans elde etmişlerdir. Bu genlerin ifade desenleri iki sezon boyunca tarlada yetiştirilen liflerde RT-PCR yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. Altı *GhCesA* genini içeren ilk grup, uzayan lif, hipokotil ve köklerde ifade edilmiş, diğer altı *GhCesA* genlerini içeren ikinci grup, özellikle lif gelişiminin ikincil hücre duvarı kalınlaşması esnasında ifade

edilmiştir. Üçüncü bir grupta ise, iki *GhCesA* geni lif gelişimi boyunca ifade edilmişlerdir. Bu sonuçlara göre; *CesA* genlerinin çoğu lif gelişimi esnasında gelişimsel olarak düzenleyici işlev görmekte ve bu *CesA* genlerinin birbirinden farkı pamuk liflerinde birincil veya ikincil selüloz duvarı biyosenteziyle ilgili olduğu belirlenmiştir.

Liu ve ark. (2008), yaptıkları çalışmalarında bitkilerin büyüme ve gelişmelerinde rol oynayan ve ekstraselüler proteoglikanlar olarak bilinen Arabinogalaktan proteinlerin sentezlenmesinde rol oynayan dört AGP (*GhAGP2*, *GhAGP3*, *GhAGP4* ve *GhFLA1*) genini klonlayarak Northern blotting yöntemiyle analiz etmişler. Sonuçlara göre; *GhAGP2* ve *GhFLA1* genlerinin taraklanmadan sonraki 5-20 gün sonra yoğunlaşırken, *GhAGP3* ve *GhAGP4* genlerinin liflerin uzama başlangıcından ikincil (sekonder) duvar oluşumuna kadar olan süreçte çok miktarda bulunduğunu gözlemlemişlerdir. Ayrıca yapılan analizlerde fasciclin-like AGP genlerinin lif uzaması ve sekonder duvar oluşumu esnasında hücreden hücreye iletişim sağladığını gözlemlemişlerdir.

Ruan ve ark. (2008), pamukta sükröz sentezi 3 (*Sus3*) geninin pamuk liflerinin gelişiminde önemli bir rol oynadığını bildirmişlerdir. Bu doğrultuda *Gossypium hirsutum*'dan 5' ucu 1705 bp den başlayan 151 bp uzunluğunda kodlama bölgesi izole etmişlerdir. GUS deneyleri sonucu *Arabidopsis*'de *Sus3* promotoruna göre; direk GUS promotoru trikomları içeren lif dokularında ve kök saçaklarında ifade edildiğini bildirmişlerdir.

Yajun ve ark. (2008), yaptıkları çalışmada 'microarray-based hybridization' yöntemiyle *Gossypium hirsutum*, 7235 ve TM-1 çeşitlerinde glutamin sentetaz (GS) enzimini tanımlamışlardır. Northern-blot yöntemiyle 7235'de GS'yi kodlayan cDNA'yı izole etmişler, Southern-blot yöntemiyle yapılan analizlerle TM-1, 7235 ve diploit progenitor pamuklardan *G. herbaceum* (A-genome) ve *G. raimondii* (D-genome) *GhGS* dizilerini yoğun olarak izole etmişlerdir. Moleküler haritalama ve 'single-marker' analizleri sonucu *GhGS*'nin D7 kromozomu üzerinde olduğunu ve lif dayanıklılığı ile önemli derecede ilgili olduğunu gözlemlemişlerdir. Ayrıca GS aktivitesi, tohumdaki toplam protein ve lifleri test etmişler ve 5-8 DPA'da TM-1 tohumlarındaki GS aktivitesinin 7235 tohumlarındakine nazaran daha yüksek olduğunu gözlemlemişlerdir.

Wang ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada transgenik pamuk bitkisinden ifade edilen (*GhADF1* olarak tasarlanan) *Gossypium hirsutum*'da aktin polimerizasyon faktörü (ADF) ailesinin bir üyesini sınıflandırmışlardır. Yaptıkları çalışmada hem lif uzunluğu hem de dayanıklılığı üzerine etki eden *GhADF1* geninin ifade edilmeyen bitkilerden yabancı tiplere

göre artış gösterdiğini gözlemlemiş ve transgenik lif hücrelerinin kortikal bölgelerinde bolca F-aktin filamentleri içerdiğini belirlemişlerdir. Ayrıca, transgenik lifte ikincil hücre duvarının kalın görüldüğünü ve selüloz içeriğinin kontrol lifinden daha fazla olduğunu bildirmişlerdir. Yaptıkları çalışmanın sonuçlarına göre; aktin sitoiskeleto organizasyonun, *GhADF1* gibi lif gelişimi esnasında ikincil hücre duvarı oluşumunda ve uzama sürecinde kritik bir rol oynayan aktin ilişkili proteinler tarafından düzenlendiğini gözlemlemişlerdir.

Song ve ark. (2009), çalışmalarında RT-PCR analiziyle pamukta 2 adet (*GhECR1* ve 2) Trans-2-enoyl-CoA redüktaz (ECR) genlerini belirlemişler ve bunların pamukta lif uzaması esnasında düzenleyici bir rol oynadığını gözlemlemişlerdir. Yaptıkları analizler neticesinde, *GhECR* genlerinin her ikisi de fonksiyonel enzimler üzerinde bulunan, sınıflandırılmamış NADPH- binding site'leri kodladığını ve pamuk lif gelişimi esnasında yağ asidi uzamasında etkili olduğunu bulmuşlardır.

Machado ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada MYB transkripsiyon faktörlerinden biri olan, yabani tip ve lifsiz mutant pamuklardaki transkriptom benzerliklerinden tanımlanan *GhMYB25* geninin fonksiyonlarını analiz etmişlerdir. *GhMYB25* promotor-GUS yapısını köklerin saçakları hariç kök oluşumu ve kök epidermal tabakasında, polen, anter, petal, stem ve yaprakları içeren çok sayıdaki dokudaki trikomlarda, oluşan ve gelişen liflerde, tohum epidermisinde ifade etmişlerdir. *GhMYB25*-sessizliği tohum üretimi esnasında ve bitkinin diğer kısımlarındaki trikomlarda azalma, liflerin hızlı uzama safhasında artarak değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir. Diğer MYB genleri gibi *GhMYB25* genin de pamuk liflerinin oluşumunda, içeriğinde, epidermal hücrelerin büyümesinde düzenleyici bir rol oynadığı sonucuna ulaşmışlardır.

Li ve ark. (2009), yaptıkları çalışmada; malat sentezinden sorumlu bir enzim olan fosfoenolpirüvat karboksilaz (PEPC)'in pamuk liflerinin uzamasında potansiyel bir role sahip olduğunu, gelişimsel olarak PEPC aktivitesinin liflerin hızlı uzama evresinde yavaş uzama fazına nazaran daha yüksek olduğunu, genotipik olarak ise PEPC aktivitesinin lif uzamasıyla ve lif uzunluğunun sonlanmasına kadar pozitif olarak ilgili olduğunu düşünmüşlerdir. Bu nedenle pamuk liflerinde büyük oranda ifade edilen *GhPEPC1* ve 2 olmak üzere PEPC yi kodlayan iki cDNA'yı klonlamışlar ve RT-PCR analizi yapmışlardır. Bu analiz sonucunda *GhPEPC1* ve 2 genlerinin liflerin hızlı uzama fazında yüksek oranda ifade edildiğini ama uzamanın yavaşlama veya sonlanma fazında zayıf oranda ifade edildiğini gözlemlemişlerdir.

In situ ortamda yapılan hibridizasyonda bir günlük liflerde *GhPEPCI* ve 2 mRNA'ları belirlerlerken lif oluşum safhasında tohum epidermisinde belirleyememişlerdir.

Petrasek ve Schwarzerova (2009), çalışmalarında; bitki sitoskeleton yapısının aktin mikrofilamentleri (AFs) ve mikrotübülleri (MTs) olmak üzere iki büyük protein polimer ağı içerdiğini, bu ağın hücre bölünmesi, hücre içi taşımalar ve hücre şekli için önemli olduğunu bildirmişlerdir. Bu çalışmada hücrel ve gelişimsel ilerlemede rol oynayan ve AFs ve MTs ile etkileşen protein kompleksi veya aday proteinler hakkında bilinenleri geliştirmişlerdir.

Betancur ve ark. (2010), birincil veya ikincil duvarın filogenetik dallarındaki *CesA* genlerinin ikincil duvar kalınlığını destekleyebileceklerini bildirmişlerdir. *CesA* genleri tipik olarak *Arabidopsis* trikomlarındaki birincil duvar sentezini, *AtCesA1,2,3,5*, ve *6* genişlemeyi ve ikincil duvar kalınlığını desteklediğini gözlemlemişlerdir. Buna karşılık, *CesA* genlerinin *Arabidopsis* ksilemlerinde ikincil duvar sentezini desteklediğini, *AtCesA4,7* ve *8* pamuk liflerinin ikincil duvar birikimi için olumlu bir düzenleyici olduğunu gözlemlemişlerdir.

Xiel ve ark. (2011), çalışmalarında, fitohormonlardan brassinosteroidlerin (BRs) hücre genişlemesi ve uzamasını düzenlemede önemli rol oynadığını ve *Arabidopsis*'deki BR ile ilgili mutantların fenotiplerinde önemli düzeyde kısalık görüldüğünü bildirmişlerdir. Selüloz içeriğinin ve selüloz sentez genlerinin (*CESAs*) ifade düzeyinin BR ile ilgili mutantlarda ve onların yabani tip formlarında belirlemişlerdir. BR azlığı veya BR fazlalığı olan mutantlar yabani formlarına göre daha az selüloz içerdiğini gözlemlemişlerdir.

Kim ve ark. (2011), *GhCesA4* ifadesinin yerine göre düzenlenmesinin transgenik *Arabidopsis* ve pamuk dokuları arasında benzerlik gösterdiğini, *GhCesA4* organizatörü (-2574/+56) tarafından düzenlenen GUS aktivitesinin transgenik *Arabidopsis* ve pamukta köklerde vasküler dokularında ve trikomlarında bulunduğunu bildirmişlerdir. -2574/-1824 bölgesinin transgenik *Arabidopsis*'deki kökün vasküler dokularında ve trikomlarında *GhCesA4* ifadesinin düzenlenmesinden sorumlu bulmuşlar, -1824/-1355 bölgesinin *Arabidopsis*'de çoğu vasküler dokularında *GhCesA4* ifadesini olumsuz yönde etkilediğini bildirmişlerdir.

Endler ve Persson (2011), yapmış oldukları çalışmada, bitki hücre duvarının yüksek molekül ağırlığında polisakkarit, protein ve lignin yapılarından oluşan karmaşık bir yapı olduğunu ve duvar polisakkaritler arasından, selülozun bir hidrojen-bağlı β -1,4-bağlı glukan mikrofibril ana taşıyıcı duvar bileşeni ve endüstriyel uygulamalar için önemli bir haberci

olduğunu bildirmişlerdir. Selülozun çok sayıda multimerik selüloz sentaz (CesA) kompleksleriyle sentezlendiğini ve plazma membranında kortikal mikrotübül boyunca iletildiğini, bu komplekslerin sadece bilinen bileşenlerinin selüloz sentaz proteinleri olduğunu bildirmişlerdir.

Guan ve ark. (2011), yaptıkları çalışmada *Arabidopsis*'deki yaprak trikomlarının oluşumunun TRIPTYCHON (TRY) tarafından olumsuz yönde düzenlenen GLABROUS1 (GL1) tarafından aktive olduğunu belirtmişler ve 'Laser capture microdissection ve microarray' analizleri kullanılarak lifli ve lifsiz dokulardan elde edilen ve farklı ifade edilen yapı protein genlerini ve varsayılan MYB transkripsiyon faktörlerini bulmuşlardır. Varsayılan GL1 in homoloğu *Gossypium hirsutum* MYB2 (*GhMYB2*) ve downstream geni *GhRDL1*'yi, lif hücresi oluşumunda yüksek oranda ifade edildiğini belirlemişlerdir. Lifle ilgili bir gen olan *GhRDL1*'in; gövde, sepaller, tohum kabuğu ve polen tanelerinin hücre duvarları etrafında ağırlıklı olarak lokalize olduğunu, GFP:*GhRDL1* ve *GhMYB2*:YFP'nin dış trikomların çekirdeklerinde birlikte lokalize olduğunu bildirmişlerdir. *A. thaliana* Columbia-0 (Col-0) da *GhRDL1* ve *GhMYB2*'nin aşırı ifadesinin tohumların %4-6 sında lif benzeri tüy üretimini aktive ettiğini ve yaprak veya siliques (ince, uzun) trikom gelişimi üzerinde belirgin etkileri olduğunu bildirmişlerdir. *A. thaliana* Col-0 bitkisinde *GhRDL1* ve *GhMYB2* nin birlikte aşırı ifadesinde tohumların yaklaşık %8'inde tüy şekillenmesinde artış gözlemişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Gossypium hirsutum L., *Gossypium barbadense* L., *Gossypium herbaceum* L. ve *Gossypium arboreum* L. türlerini kapsayacak şekilde 247 adet genotip arasından liflerinin uzun, orta, kısa ve lifsizlik özellikleri dikkate alınarak seçilen 35 adet pamuk genotipi materyal olarak kullanılmıştır.

3.2. Metot

3.2.1. Tarımsal İşlemler

3.2.1.1. Toprağın ekim için hazırlanması

Tarla, yabancı ot durumuna göre iki kez kültivatör ile yüzlek olarak işlenmiş, dekara saf olarak 8 kg azot (N) ile 8 kg fosfor (P_2O_5) baz alınarak gübreleme (20-20-0) yapılmış ve iki kez tapan çekilmiştir.

3.2.1.2. Ekim

Araştırma, Kahramanmaraş Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nde (Şekil 3.1), 2010 yılında ve ÜSKİM Bitki Moleküler Genetik laboratuvarında 2011 yılında yürütülmüştür. Denemede yer alan 247 adet genotip (EK-1), 11 Mayıs 2010 tarihinde 5 m'lik sıralara 2 tekerrürlü olarak ekilmiş ve ayrıca el ile parsel etrafına kenar tesiri olarak Famosa çeşidi ekilmiştir.

3.2.1.3. Bakım

Fidelerin kök gelişimi ve yabancı otlardan temizlenmesi amacıyla 4 kez el çapası, 2 kez elle boğaz doldurma ve 2 kez traktör çapası yapılmıştır. İki defa olmak üzere üst gübre uygulaması (8.25 kg/da saf azot olacak şekilde %33'lük Amonyum Nitrat) yapılmıştır. İlkinde 5.2 kg/da ilk sulamadan önce gübre mibzeri ile sıra aralarına uygulanmış ve azotun geri kalan kısmı ise ikinci sulamadan önce gübre mibzeri ile sıra aralarına uygulanmıştır. Bitkinin ihtiyacı ve toprağın durumu dikkate alınarak 8–10 gün aralıkla toplam 6 kez sulama yapılmış ve lifler olgunlaşma sürecini tamamladıktan sonra sulamalara son verilmiştir



Şekil 3.1. Ekimi yapılan pamukların tarla görüntüsü

3.2.1.4. Hasat işlemi ve lif uzunluğunun belirlenmesi

Birinci ve ikinci meyve dalları üzerinde, birinci pozisyondan alınan kozalar lif analizi için 10 Eylül 2010 tarihinde toplanmıştır. Elde edilen lifler, rollergin çırçırında elyaf ve tohum unsurlarına ayrılmıştır. Elyaf özellikleri, HVI 900 Spectrum ile analiz edilmiş ve lif uzunluk (length) değerleri belirlenmiştir (EK-1). Analiz sonuçlarına göre moleküler aşamada kullanılacak 35 adet genotip *Gossypium hirsutum* ve *Gossypium barbadense* türleri içerisinde lif uzunluk değerleri, üretim durumları, agronomik ve genom özellikleri dikkate alınarak seçilmiştir. Seçim işlemi, tarımsal açıdan uygun olanlardan panel oluşturularak, bulunan uygun alleller daha sonra melezlerde kullanılmıştır.

3.3. Moleküler Çalışmalar

3.3.1. Biyoinformatik analizler

3.3.2. Lif oluşumu ve uzamasıyla ilişkili genlerin belirlenmesi

Lif uzunluğu üzerine etkisinin olduğu düşünülen genler EST kütüphaneleri (Gen Bank) ve yayınlanmış makaleler taranarak belirlenmiştir. Belirlenen toplam 4 adet gen, Clone Manager 5 programı kullanılarak analiz edilmiştir. Bu analiz sonucunda eldeki genlerin genelinde bir homoloji tespit edilememiştir. Ancak aralarında homoloji bulunduğu tespit edilen genler kendi aralarında gruplandırılmıştır (EK-2). Bu nedenle de, geniş bir makale taraması yapıldıktan sonra lif uzaması özelliğine katkısı en fazla olduğu düşünülen genler belirlenmiştir.

3.3.3. Sekans analizleri

Bulunan genler DNASTAR software programında analiz edilmiş, NCBI adresindeki Blast software programında genlerin nükleotit dizileri taranmıştır. Elde edilen sekanslar ClustalX software (version 1.81) programında karşılaştırılmıştır (Thompson ve ark. 1997). Filogenetik analiz ise PHYLIP in ClustalX (version 1.81) programı ile yapılmıştır (Thompson ve ark., 1997).

3.3.4. Primer tasarlanması

Belirlenen genlerden mevcut germplasmin taranması ve genlerin yerlerinin haritalanması amacıyla primerler tasarlanmıştır (Çizelge 4.3).

Primerlerin tasarlanması için ilgili genlerin yerleri Clone Manager programı ile analiz edilerek, ilgili bölgeyi tanıyabilecek primerler tasarlanmıştır.

Clone Manager'daki gen analizi neticesinde tasarlanmış olan primerlerin hesaplamaları internet tabanlı olan DNA Calculation (www.sigma-geosys.com/order_DNACalc.asp) programında yapılmıştır.

3.4. Genotipleme Çalışmaları

3.4.1. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu; MACHEREY-NAGEL NucleoMag 96 Plant kiti kullanılarak ve sonrasında KingFisher DNA izolasyon cihazı kullanılarak yapılmıştır. Öncelikle yapraklar sıvı

azot ile öğütülmüş ve 1,5 ml ependorf tüplere öğütülmüş yaprak örneklerinden 10-20 mg eklenerek üzerine 500 µl MC1 buffer ve 10 µl RNaz ilave edilmiştir. Karışım, 57 °C de 30 dakika bekletildikten sonra 5600 devirde 20 dakika santrifüj edilerek yaprak parçalarının çökmesi sağlanmış, üstteki sıvı kısımdan 95 µl 'plate'in A kuyucuğuna eklenmiştir. Sonraki aşamalar:

96'lık DNA izolasyon 'plate'inin; A kuyucuğuna 95µl cleared lysate + 95 µl MC2 buffer + 10 µl C-beads, B kuyucuğuna 180 µl wash buffer MC3, C kuyucuğuna 180 µl wash buffer MC4, D kuyucuğuna 180 µl 80% ethanol, E kuyucuğuna 180 µl wash buffer MC5, F kuyucuğuna 50 µl Elution Buffer MC6 eklenmiş ve KingFisher DNA izolasyon cihazına bırakılıp cihaz çalıştırılmıştır.

KingFisher DNA izolasyon cihazından 'plate' çıkarılarak çözünmüş DNA'lar 0,2 ml PZR tüplere aktarılmıştır ve böylelikle izolasyon işlemi tamamlanmıştır.

3.4.2. İzole edilen genomik DNA'ların agaroz jel elektroforez yöntemi ile gösterimi

1. %1'lik agaroz jel hazırlamak için 2,5 gram agaroz tartılarak 250 ml 1X TAE içerisine konulmuş, mikrodalga fırında taşmamasına özen gösterilerek agaroz tamamen eriyene kadar kaynatılmıştır. Daha sonra oda ısısında veya musluk suyu altında elle dokunulabilir sıcaklığa erişene kadar soğutulup, kabarcıkların oluşmamasına dikkat edilerek tank aparatına dökülmüştür.

2. Jel tarakları elektroforez tankında uygun yerlere yerleştirilerek, 3-5 mm kalınlığında bir jel dökülüp, hava kabarcığı oluşmuş ise pipet ucu veya kağıt peçete yardımıyla ortamdan uzaklaştırılmıştır.

3. Jel tamamen donduktan sonra taraklar kuyucukların bozulmamasına özen gösterilerek çıkartılıp, içerisinde 1X TAE bulunan tanka yerleştirilmiştir. Tampon çözeltisinin agaroz jelin üzerini 1mm'yi aşmamasına dikkat edilmiştir.

4. Jel üzerindeki ilk kuyucuğa DNA standardı yüklenmiştir.

5. İzole edilen genomik DNA örneklerinden 8 µl alınıp, 2 µl jel yükleme tamponu (6X) eklenmiştir. Pipet yardımıyla iyice karıştırılıp, jel üzerindeki kuyucuklara dikkatlice yüklenmiştir.

6. Elektrotların doğru olarak yerleştirildiğinden emin olduktan sonra voltaj 1-5 V/cm olacak şekilde hesaplanmıştır (cm, pozitif ve negatif elektrot arasındaki uzaklıktır). Mini jellerde ise 10-100 ng DNA 30-60 dakika içerisinde 5-20 V/cm olacak şekilde yürütülmüştür.

7. Yükleme tamponunun görülebilir boyları jelin 2/3'üne ulaştığında yürütme durdurulmuştur.

8. Jel transiluminatörde UV ışığı altında gözlemlenmiştir.

3.4.3. DNA miktar tayini

260 nm dalga boyunda spektrofotometrede ölçülen absorbans değerleri (A_{260}) kaydedilerek; DNA ($\mu\text{g/ml}$)= 260nm 'de ölçülen absorbans değeri x sulandırma oranı x çift iplikçikli DNA için standart katsayı ($50 \mu\text{g/ml}$) formülü kullanılarak her örnekteki DNA miktarı hesaplanmıştır. DNA kalitesi ve saflığı hakkında bilgi veren 230 ve 280 nm dalga boylarındaki absorbans değerleri (A_{230} ve A_{280}) de ayrıca incelenmiştir.

3.4.4. Genotipik analiz

Elde edilen primerler kullanılarak pamuk genotipleri PCR-RFLP yöntemi ile taranmıştır.

3.4.5. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

Çalışmada belirlenen 4 adet primer yapılan analizler sonucu belirlenmiştir. Bu primerlerin isimleri, nükleotit dizilimleri, yapışma sıcaklık değerleri (Çizelge 4.3) verilmiştir.

PCR; 0.2 ml hacminde 96'lık PCR tüplerine;

1 μl dNTP karışımı (10mM karışım (A+T+G+C)), 2 μl 10x buffer, 2,5 μl MgCl_2 , primer çifti (1 μl F ve 1 μl R), 1 μl genomik DNA, 11 μl dH_2O ve 0,5 μl DNA polimeraz (5U/ μl , Fermantes) gelecek şekilde toplam 20 μl solüsyon hazırlanmıştır.

PCR reaksiyonları "Eppendorf Mastercycler Gradient" marka PCR cihazında; 94 °C'de 3 dakika çalıştıktan sonra 94 °C (DNA iplikçiklerinin ayrışması) 30 saniye, 65 °C (primerlerin yapışması) 30 saniye ve 72 °C (DNA eşleşmesi)'de 2 dakika çalışarak, 94°C ile 72°C arasında 35 döngü yapması sağlanmış ve son aşamada 72 °C'de 5 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. Bitirilen PCR ürünleri kullanıma kadar -20 °C'de bekletilmiştir.

3.4.6. PCR sonrası agaroz jel analizi

Elektroforez;

1. % 3'lük agaroz [7.5 gr Agaroz + 250 ml 0.5×TBE (Tris-Brote-EDTA Tamponu)] jel hazırlanmıştır.
2. PCR ürünleri yükleme solüsyonu ile yükleme kuyularında 10 µl PCR ürünü ve 3 µl yükleme solüsyonu olacak şekilde karıştırılarak elektroforez tankının içine yerleştirilen jel üzerine yüklenmiş ve 100 W, 50 A'de 5 saat çalıştırılmıştır.
3. Elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra jel etidium bromide solusyonuna (100 ml 1xTBE için 30 µl etidium bromür eklenecek) 20 dakika bırakılarak daha sonra saf su içerisinde 10 dakika bekletilmiştir.
4. Son olarak UV altında görüntülenerek resmi alınmıştır (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. Elektroforeze örnek yüklenmesi ve görüntülenmesi

Görüntüleme neticesinde bantlardaki farklılık daha iyi gözlenmiştir. Bu bantların kurtarılması amacıyla %4'lük agaroz jelle 50 W/25 A 14 saat elektroforez yapılmıştır. Burada görüntülenen her bir DNA bandı temiz bir bistüri yardımı ile dikkatli bir şekilde kesilerek alınmış ve darası alınan temiz bir mikrosantrifüj tüpüne konarak miktarı tespit edilmiştir.

DNA, GF-1 DNA izolasyon kitiyle (FAVORGEN) üretici firmanın talimatlarına göre agaroz jelden arındırılmıştır.

3.4.7. Nükleik asit ekstraksiyonu

Kesilip tartımı yapılan jellerin üzerine kendi ağırlığı kadar Buffer GB (0,1g jele 100 µl GB Buffer) eklenmiş ve 50 °C’de jel tamamıyla eriyinceye kadar inkübe edilmiştir. Eriyen jel pipet yardımıyla kolonlara aktarılmış ve 10,000×g devirde 1 dk santrifüj edilerek alttaki sıvı dökülmüştür. Ardından kolona 750 µl Wash Buffer eklenerek 10,000×g devirde 1 dk santrifüj edilip alta sızan sıvı boşaltılmıştır. Kolonda sıvı kalmaması için tekrar 10,000×g devirde 1 dk santrifüj edilip sızan sıvı boşaltılmıştır. Kolonlar yeni mikrosantrifüj tüplerine alınarak kolon üzerine 30-50 µl Elution Buffer eklenmiş ve 2 dk beklemeye bırakılmıştır. Ardından tekrar 10,000×g devirde 1 dk santrifüj edilmiş ve alta geçen sıvı (DNA) 4 °C veya -20 °C de saklamaya bırakılmıştır.

Elde edilen DNA’lar yeni bir PCR protokolü uygulanarak çoğaltılmıştır.

PCR; 0.2 ml hacminde 96’lık PCR tüplerine; 1 µl dNTP karışımı (10mM karışım (A+T+G+C)), 2 µl 10x buffer, 2 µl MgCl₂, primer çifti (1 µl F ve 1 µl R), 2 µl genomik DNA, 32,5 µl dH₂O ve 0,5 µl DNA polimeraz (5U/µl, Fermantes) gelecek şekilde toplam 42 µl solüsyon hazırlanmıştır. PCR reaksiyonları “Eppendorf Mastercycler Gradient” marka PCR cihazında; 94 °C’de 3 dakika çalıştıktan sonra 94 °C (DNA iplikçiklerinin ayrışması) 30 saniye, 65 °C (primerlerin yapışması) 30 saniye ve 72 °C (DNA eşleşmesi)’de 2 dakika çalışarak, 94°C ile 72°C arasında 35 döngü yapması sağlanmış ve son aşamada 72 °C’de 5 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. Bitirilen PCR ürünleri kullanıma kadar -20 C°’de bekletilmiştir. PCR hazırlandıktan sonra %2’lik agaroz jelde koşturma işlemi yapılmıştır. Elektroforez sonucunda bantların teke düşürülmesi gerçekleştirildikten sonra sekans işlemine geçilmiştir.

3.4.8. Dizi sekans

PCR-RFLP sonucuna göre (bant uzunluklarına ve lif özellikleri dikkate alınarak) yapılan gruplandırmada seçilen örnekler sekanslanmıştır. Oluşturulan sekans bilgileri blast programı ile mevcut dizilerle karşılaştırılmıştır.

3.4.9. Verilerin istatistiksel değerlendirilmesi

Ortalamalar arasındaki farklılıklar ve önem dereceleri SAS programı kullanılarak belirlenmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Lif Analizleri ve Fenotipik Seleksiyon

Denemede ekimi yapılan *G. hirsutum* ve *G. barbadense* çeşitleri ağırlıklı olmak üzere 247 adet genotip hasat edildikten sonra lifler çırçırlanmış sonra HVI 900 Spectrum ile lif uzunluğu analiz edilmiştir (EK-1). Analiz sonuçlarına göre moleküler aşamada kullanılacak 35 adet genotip, *Gossypium hirsutum* ve *Gossypium barbadense* türleri içerisinde lif uzunluk değerleri, üretim durumları, agronomik ve genom özellikleri dikkate alınarak seçilmiştir (Çizelge 4.1).

Ekimi yapılan 247 adet genotipin uzunluk verileri dikkate alınarak (uzun, orta, kısa ve lifsiz olma durumlarına göre) seçim yapabilmek amacıyla karşılaştırma yapılmıştır. Bu karşılaştırma neticesinde Çizelge 4.1’de verilen 35 genotip seçilmiş ve moleküler çalışmalarda kullanılmıştır.

Genotipler PI528806 (1) ve Giza-45 (2)’in lifleri ekstra uzun bulunurken, GB620 Moc/22 (3), Aşkabat-91 (4), Aşkabat-100 (5), Bahar-14 (6), İs-4 (7), Bahar-82 (8), Aşkabat-71 (9) ve Carmen (10) uzun lifli bulunmuştur. Bununla birlikte, genotipler Maraş-92 (11), Nazilli-845 (12), Suregrow-125 (13) ve Stonville-468 (14) ortadan biraz uzun, Ekstrem Okra (15), YB-225 (16), TX 0060-2 (17), YB-141 (18), PI 528420 (19), YB-216 (20), YB-222/2 (21) ve PI 528450 (22) ise kısa lifli olarak ölçülmüştür (Çizelge 4.1).

Lif uzunluğunun ortalama değeri 25,25 mm olup, 0- 36 mm arasında değişmiştir. Genotipler; YB-109 (23), PI 528429 (24) ve PI 528426 (25) lifsiz özellik göstermektedirler. Bununla birlikte PI 528896 (1) genotipinin 36 mm ile en uzun lif özelliğine sahip olduğu gözlenmiştir. Genotiplerin birçoğunun lif uzunluğu 22 - 33 mm arasında değişmiştir.

Lif özellikleri için yapılan varyans analizinde (SAS) çeşitler arasında çok önemli farklılıklar ($p<0.01$) olduğu belirlenmiştir. CV değeri %0,003 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.1).

Lif uzunluğu ve varyans analiz sonuçları incelendiğinde genotiplerin genelinde farklılıklar gözlenmesinin yanı sıra *G.barbadense* ve *G.hirsutum* genotiplerinin kendi içlerinde benzer, birbirleri arasında büyük farklılıkların olduğu bulunmuştur. Ancak *G. hirsutum* (23), PI 528429 (24) ve PI 528426 (25) genotipleri lifsiz olduğu için diğer genotiplerden çok daha fazla farklılık göstermiştir.

Çizelge 4.1. Lif özelliklerine göre moleküler çalışmalarda kullanmak amacıyla seçilen genotipler

No	Tür	Genotip	L.U. (mm)	Lif Özelliği**
1	<i>G.barbadense</i>	PI 528896	36	Lifleri ekstra uzun
2	<i>G.barbadense</i>	Giza-45	34,4	Lifleri ekstra uzun
3	<i>G.barbadense</i>	G.B.620 Moc/22	33,9	Lifleri uzun
4	<i>G.barbadense</i>	Aşkabat-91	33,8	Lifleri uzun
5	<i>G.barbadense</i>	Aşkabat 100	33,1	Lifleri uzun
6	<i>G.barbadense</i>	Bahar-14	33,1	Lifleri uzun
7	<i>Gossypium sp.</i>	İs 4	33	Lifleri uzun
8	<i>G.barbadense</i>	Bahar 82	32,9	Lifleri uzun
9	<i>G.barbadense</i>	Aşkabat-71	32,6	Lifleri uzun
10	<i>G.hirsutum</i>	Carmen	29,4	Lifleri uzun
11	<i>G.hirsutum</i>	Maraş 92	28	Lifler ortadan biraz daha uzun
12	<i>G.hirsutum</i>	Nazilli 845	28,2	Lifler ortadan biraz daha uzun
13	<i>G.hirsutum</i>	Suregrow 125	28	Lifler ortadan biraz daha uzun
14	<i>G.hirsutum</i>	Stonville 468	27,6	Lifler ortadan biraz daha uzun
15	<i>G.hirsutum</i>	Ekstrem Okra (Brown)	23,0	Lifleri kısa
16	<i>G.hirsutum</i>	Kahverengi	22,8	Lifleri kısa
17	<i>G.hirsutum</i>	TX 0060-2	22,7	Lifleri kısa
18	<i>G.hirsutum</i>	Yeşil Lif	22,6	Lifleri kısa
19	<i>G.hirsutum</i>	PI 528420	22,6	Lifleri kısa
20	<i>G.hirsutum</i>	Yeşil Lif	22,1	Lifleri kısa
21	<i>G.hirsutum</i>	Havsız Lifli	27,7	Lifler ortadan biraz daha uzun ve havsız

Çizelge 4.1. Devamı

No	Tür	Genotip	L.U. (mm)	Lif Özelliği**
22	<i>G.hirsutum</i>	PI 528450 (Az Havlı)	23,7	Lifler orta uzunlukta ve havsız
23	<i>G.hirsutum</i>	Lifsiz	0	Lifsiz
24	<i>G.hirsutum</i>	PI 528429 (Lifsiz)	0	Lifsiz
25	<i>G.hirsutum</i>	PI 528426 (Lifsiz)	0	Lifsiz
26	<i>G. herbaceum L.</i>	A Genomu	-	yabani tip (wild type 1 (A))
27*	<i>G. laxum Phillipe</i>	D Genomu	-	yabani tip (D9-3 (P))
28*	<i>G. yucatanense</i>	AD Genomu	-	yabani tip ((AD)1-1469)
29*	<i>G. marie galante</i>	AD Genomu	-	yabani tip ((AD)1-1607)
30*	<i>G. mustelinum Miers ex Watt</i>	AD Genomu	-	yabani tip ((AD)4-9)
31*	<i>G. darwinii Watt</i>	AD Genomu	-	yabani tip ((AD)5-14, (AD)5-3)
32*	<i>G. nelsonii Fryx.</i>	C Genomu	-	yabani tip (C9-1 (P))
33*	<i>G. stocksii Mast. ex Hook.</i>	E Genomu	-	yabani tip (E1-2, E1-1)
34*	<i>G. areysianum (DeFl) Hutch.</i>	E Genomu	-	yabani tip (E3-1)
35*	<i>G. bickii Prokh.</i>	G Genomu	-	yabani tip (G1-4, G1-1 (P))
		Ortalama	25,25	
		Minimum	0	
		Maksimum	36	
		Standart Sapma	10,51	
		CV %	0,003	

*: Lif elde edilemediği için ölçümü yapılamayan ve analize dahil edilmeyen genotipler, **:

Lif özellikleri Bradow ve Davidonis, 2000'e göre sınıflandırılmıştır, LU: Lif uzunluğu.

4.2. Genlerin Belirlenmesi ve Bu Genlere Ait Primerlerin Tasarlanması

Lif uzamasıyla ilişkili genler EST kütüphaneleri ve yayınlanmış makalelerde taranarak belirlenmiştir (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2. Moleküler çalışmalarda kullanmak amacıyla lif uzunluğunu etkileyen genler için tasarlanan primerler

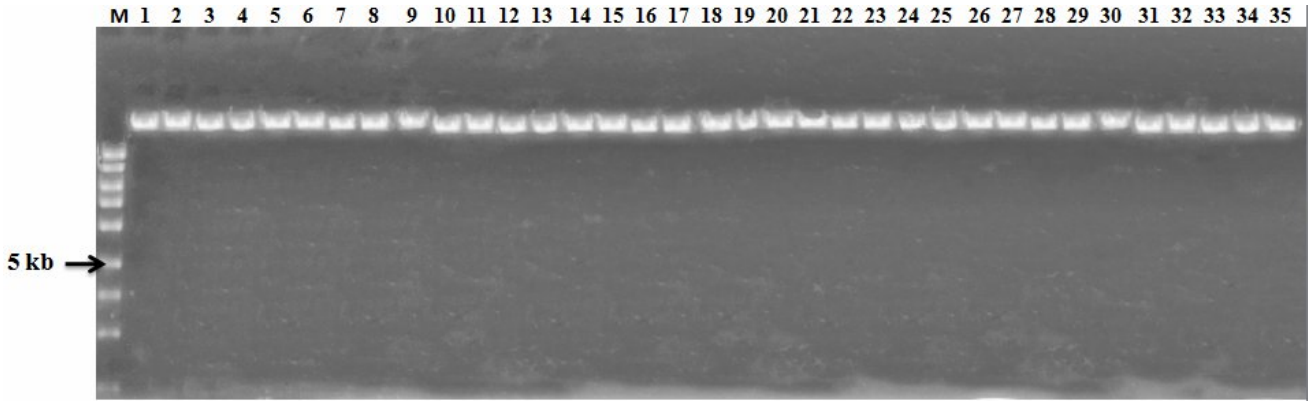
Oluşturulan Genler	Aksesiyon No	Dizilim 5' - 3'	Özellik	Uzunluk (bp)	Kaynak
GhSuSy	FJ713478 AY464055 U73588 U73587	F-CCGCCCAACTCTTCAAAT R-ATGGTGTCTCAGGAGGTAGGG	Sükroz sentaz	236	
GhACT2 GhACT3 GhACT4 GhACT5 GhACT6 GhACT7 GhACT8 GhACT9 GhACT10 GhACT11 GhACT12 GhACT13 GhACT14 GhACT15	AY305724 AY305725 AY305726 AY305727 AY305728 AY305729 AY305730 AY305737 AY305731 AY305732 AY305735 AY305734 AY305733 AY305736	F-TGGCATCATACTTCTACAAC R-TCTCGGTAAGAATCTTCATCA	Aktin	318	Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005 Li ve ark.,2005
GhCesA-5	GQ200734 HQ525184	F-TGGTTCAAGAAAGAAGGGAAA R-CTTCTTTTAAAAGCGTTGCAG	Selüloz sentezi katalitik altünitesi (RWS1)	617	Li ve ark.,2002; Betancur ve ark.,2010
GhEF1A GhEF1A4	AW561930 DQ174250 DQ174251 DQ174253 DQ174254 DQ174258	F-GGTATTGACAAGCGTGTGATT R-ACAATTTTCATCATACTTGCC	Uzama faktörü 1-alfa	416	Lee ve ark.,2006 Xu ve ark.,2007

Belirlenmiş olan bu genler Clone Maneger 5 programı kullanılarak aralarında homoloji olma durumlarına göre incelenmiş, genlerin genelinde bir homoloji tespit edilememesi üzerine lif uzaması özelliğine etkisinin en iyi olduğu düşünülen genler etki mekanizmalarına göre gruplandırılmış ve her bir grubun kendi içindeki homolojilerine bakılarak genler belirlenmiştir. Bulunan genlerin nükleotid dizileri analiz edilerek bu genlere uygun primerler oluşturulmuştur (Çizelge 4.2).

4.3. Genotipleme Çalışmaları

4.3.1. DNA izolasyonu ve genomik DNA'ların agaroz jel yöntemiyle gösterimi

Lif özelliklerine göre belirlenen genotiplerde DNA izolasyonu 2.3.1'de verilen yönteme göre yapılmıştır. İzole edilen genomik DNA'lar %1'lik agaroz jelde koşturularak görüntülenmiştir (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. Genomik DNA'ların jel görüntüsü (%1'lik Agaroz Jel; M: 1 kb)

4.3.2. DNA miktar tayini

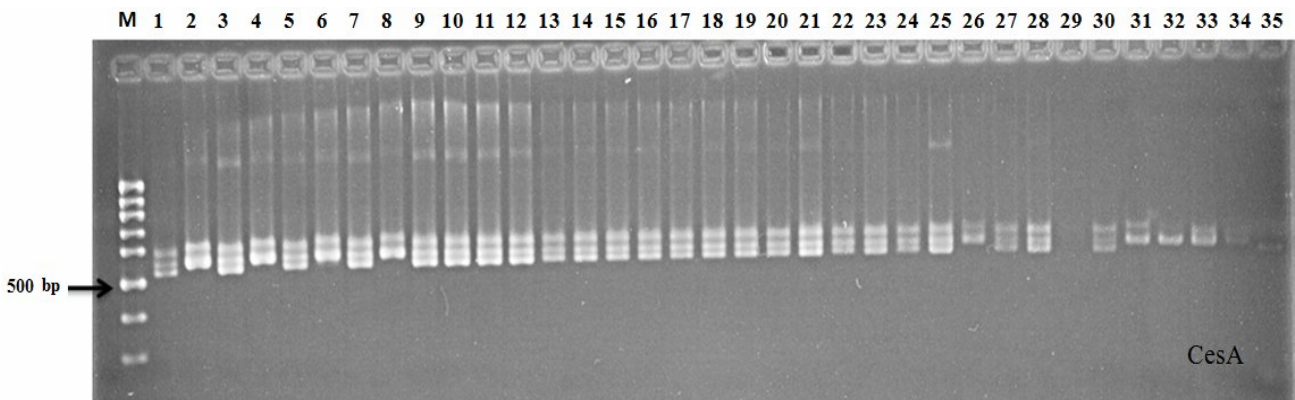
Elde edilen genomik DNA'ların konsantrasyonu Nanodrop cihazında bölüm 2.3.3'de belirtildiği gibi 260 nm dalga boyunda ölçülmüş ve PCR şartlarına en uygun konsantrasyona ayarlanmıştır.

4.3.3. Belirlenen genlerin seçilen genotiplerle taranması

Tasarlanan primerlere uygun olan gen bölgelerine uygulanan PCR ile çoğaltılmış ve jel analizi sonucunda 100 bp'lik markör seviyesinde herbir gene ait uzunluklardan (Çizelge 4.2) daha büyük bantlar meydana geldiği gözlenmiştir.

Selüloz çok sayıda multimerik selüloz sentaz (CesA) kompleksleriyle sentezlenip, plazma membranında kortikal mikrotübül boyunca iletilmektedir. Bu komplekslerin sadece bilinen bileşenleri, selüloz sentaz proteinleridir (Endeler ve Persson, 2011).

Genotiplerin *GhCESA* geniyle taranmasının neticesinde (Şekil 4.2) polimorfik bantlar bulunmuştur. 1-10 arasındaki genotipler *G. barbadense* türüne ait olup bunlar fenotipleme neticesinde uzun ve kaliteli liflere sahip olmasına karşın 1, 3, 5, 7 ve 9. sıradaki genotiplerin genetik bakımdan *G. hirsutum*'a benzer özellik gösterdiği belirlenmiştir. 10-26 arasındakiler *G. hirsutum* türüne ait olup fenotipik olarak orta kalite ve orta uzunlukta lif üretmekte ve genetik olarak ta aralarında farklılık görülmemiştir. Bununla birlikte, 26- 35 arasındaki genotipler ise yabancı tip pamuklardır. Bunlar da ise 27, 28, 29, 30 ve 35. genotiplerde *G.hirsutum* özelliği gözlenirken diğerleri genetiksel açıdan *G. barbadense* özelliği göstermektedir. Bu sonuçlar neticesinde ise 500-510 bp uzunluğundaki allellerin lif uzaması açısından önemli olabileceği yargısına varılmıştır. Çalışma, 2, 4, 6 ve 8 numaralı genotiplerin ve *G. hirsutum* türüne ait genotiplerin sekanslarının karşılaştırılmasıyla daha da netleşecektir.

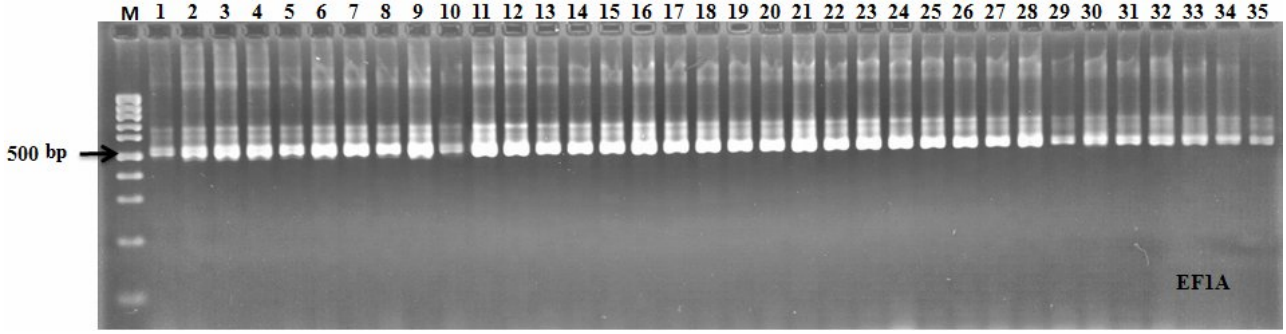


Şekil 4.2. CesA primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü

Diğer taraftan lif uzamasıyla etkili diğer genlere bakacak olursak;

GhEF1A (elongation factor 1A-1,2,4,5 ve 9) uzama faktörünün translasyonunda işlev görmektedir (Xu ve ark.,2007).

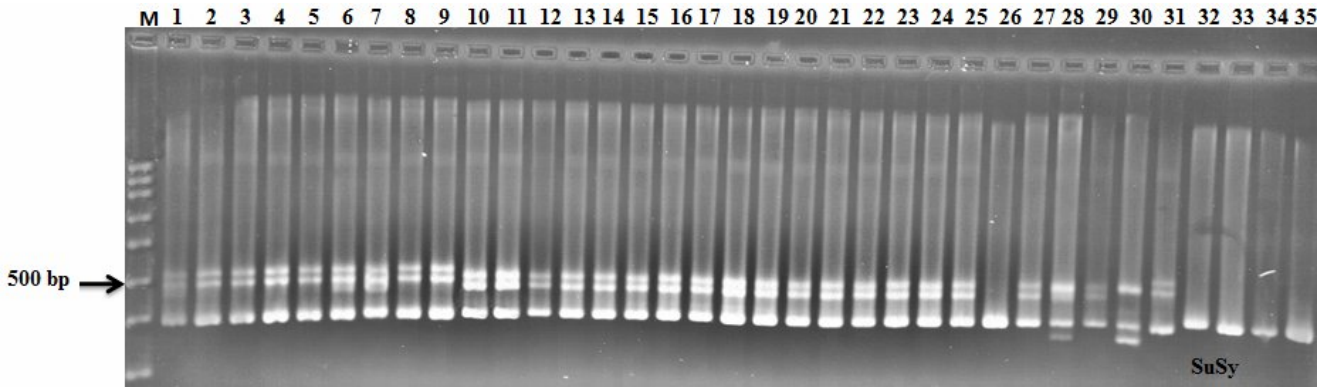
GhEF1A genin 35 genotip üzerinde taranmasının neticesinde (Şekil 4.3) 1, 5, 8, 10, 29, 30, 31, 32, 33, 34 ve 35. genotiplerin diğerlerinden farklı bir sonuç gösterdiği gözlenmiştir. Bu genotiplerde diğerlerinden farklı olarak, yaklaşık 500 bp uzunluğundaki bantlar bulunmamaktadır. Bunun neticesinde de 500 bp uzunluğunda çıkan allellerin bulunması halinde çeşitlerin lif uzunluğunu olumsuz yönde etkileyebileceği sonucuna varılmıştır.



Şekil 4.3. EF1A primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü

Pamukta sükröz sentezi (Sus) pamuk liflerinin gelişiminde önemli bir rol oynamaktadır (Ruan ve ark., 2008). Buna göre; (a) tohum oluşumunun başlaması sırasında sakkaroz kullanımında (b) trikoma farklılaşmasında ve (c) hücre duvarı biyosentezi ile lif uzamasını hızlandırmada etkili olmaktadır (Notle ve ark., 1995).

SuSy geninde ise sonuçlara baktığımızda genotiplerde farklı amplifikasyonlar görülmektedir. Bu farklılıkların fenotipe ne gibi etkileri olduğu tespit edilememiştir (Şekil 4.4).

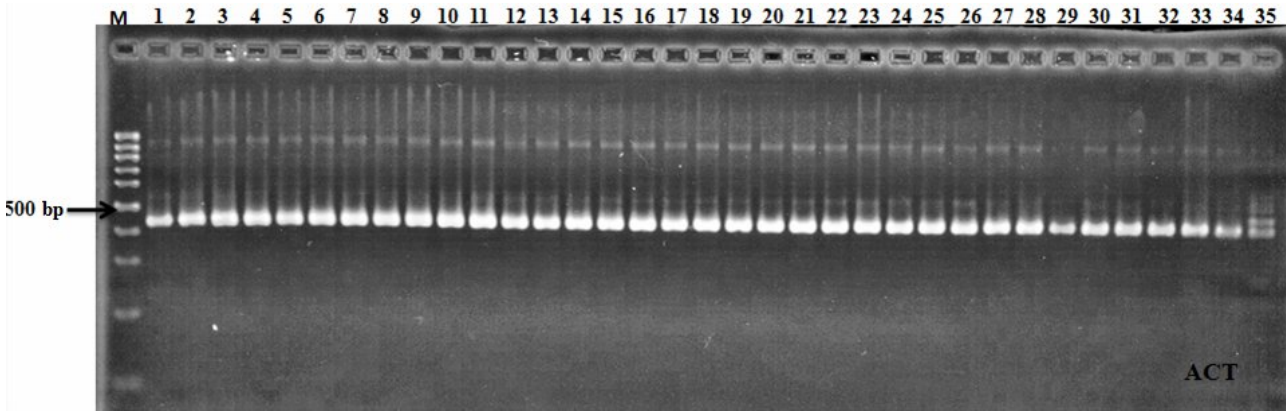


Şekil 4.4. SuSy primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü

GhACT1 geni aktin sitoskeleton ağını düzenlemekte ve bundan dolayı lif uzamasında etkindir. Ancak *GhACT1* geninin RNA ile birlikte oluşturduğu yapı liflerdeki aktin

sitoiskeletoñ ađını bozmakta, protein ve mRNA düzeyini önemli ölçüde azaltmaktadır. Aktin ađının bozulması lif uzamasını engellemektedir (Li ve ark., 2005).

GhACT geninin jel görüntüsü dikkate alındığında (Şekil 4.5) bütün genotiplerde benzer alleller olarak bulunduđu gözlenmiştir. Ancak lifsiz olan çeşitlerde de *GhACT1* geninin iyi ve orta kalitede lif üreten çeşitlerdekiyle aynı allelleri vermesi, Li ve ark. (2005) makalesindeki *GhACT1* geninin RNA ile birlikte oluşturduđu yapının aktin ađını bozduđu ve bunun neticesinde de liflerde uzama olayının gerçekleşmediđi sonucuna varılmıştır.



Şekil 4.5. ACT primeriyle taranan 35 genotipin jel görüntüsü

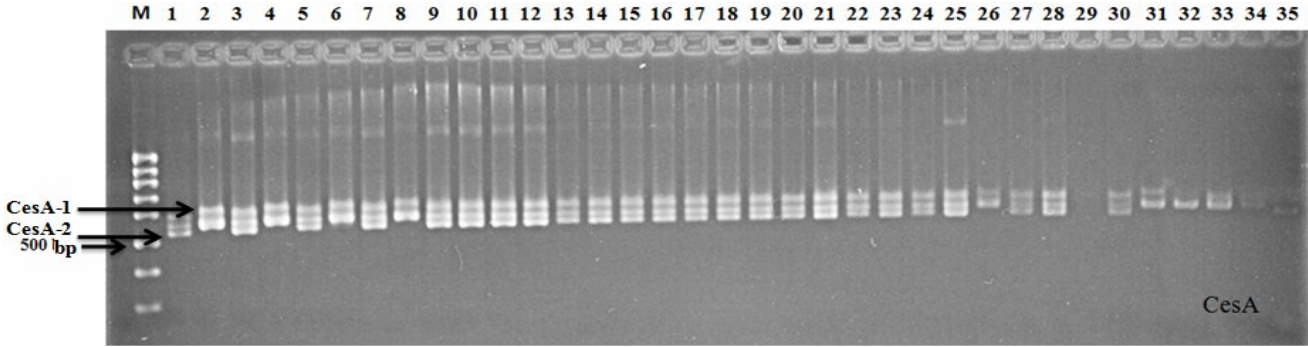
4.3.4. Genotip ve fenotip ilişkisi

Belirlenen 35 genotipin CesA primeriyle taranmasıyla yapılan okumalar ve bu genotiplere ait lif uzunluklarının elde edilen bantlarla korelasyonları incelendiğinde, CesA1 ile lif uzunluđu arasında ($r=0,49$) pozitif ve önemli bir ilişki bulunmaktadır. CesA1 mevcut iken lif uzunluđu da önemli ölçüde artış göstermektedir. CesA2 ile lif uzunluđu arasında ($r=-0,49$) negatif ve önemli bir sonuç bulunmaktadır. Yani CesA2 mevcut iken lif uzunluđu önemli ölçüde azalma göstermektedir. SuSy ile lif uzunluđu arasında ($r=0,88$) pozitif ve çok önemli bir ilişki bulunup, SuSy mevcut iken lif uzunluđu da buna bađlı olarak çok önemli düzeyde artış göstermektedir (Çizelge 4.3).

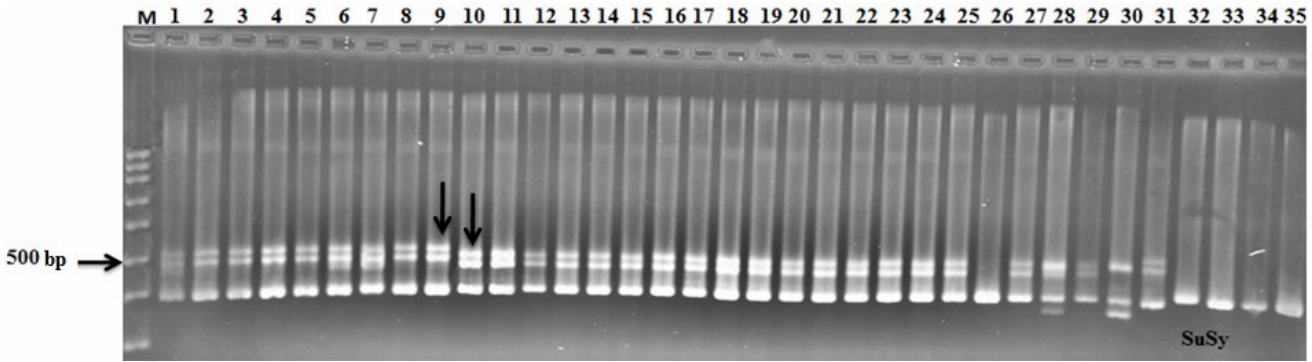
Çizelge 4.3. Lif uzunluđu ile amplifikasyonda farklılık gösteren genlerin korelasyonu

	CesA1	CesA2	SuSy
Lif Uzunluđu	0.49	-0.49	0.88
Önem Derecesi (p)	0.0204	0.0204	<.0001

Korelasyon analizinde kullanılan ve önem seviyelerini etkileyen bantlar Şekil 4.6 ve Şekil 4.7’de detaylı olarak gösterilmiştir.

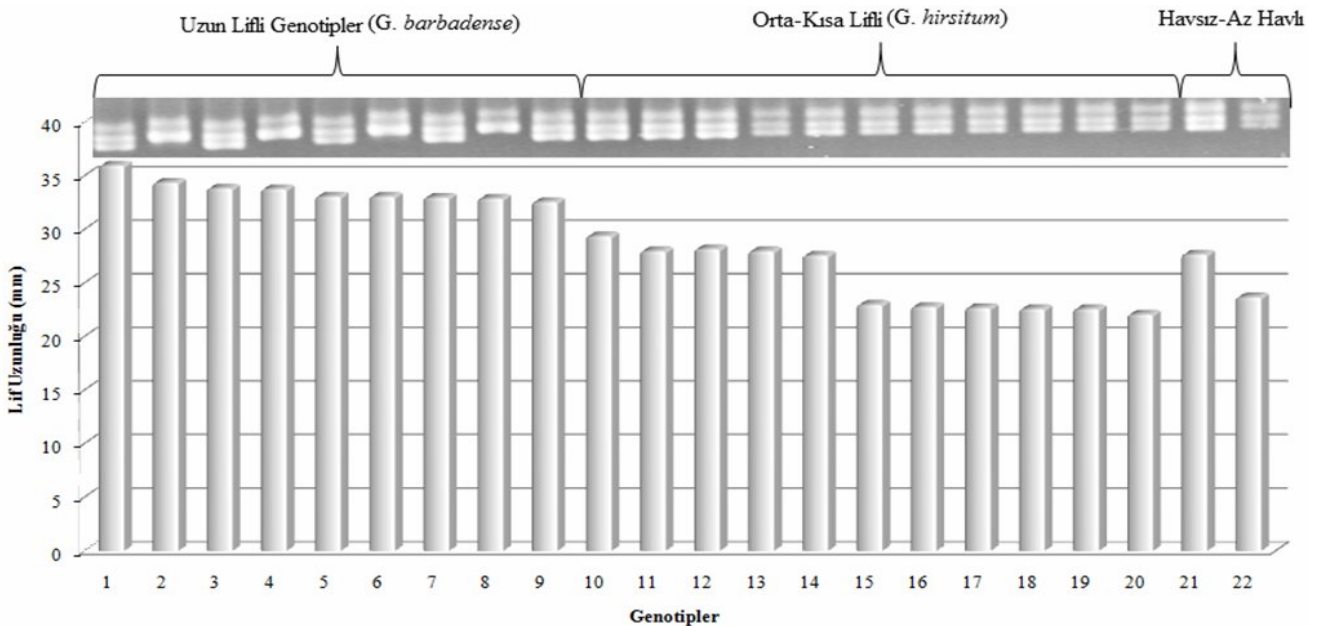


Şekil 4.6. Korelasyon analizinde kullanılan CesA primeri ve ilgili bantların gösterimi



Şekil 4.7. Korelasyon analizinde kullanılan SuSy primeri ve ilgili bantların gösterimi

Bunula birlikte, lif uzunluğuyla *CesA* geni polimorfizminin ilişkilendirilmesi Şekil 4.8’de verilmiştir. Sütunların en altında bulunan ve 500 bp’ye yakın allelin lif uzunluklarına göre değişimi türlere göre farklılık göstermektedir.



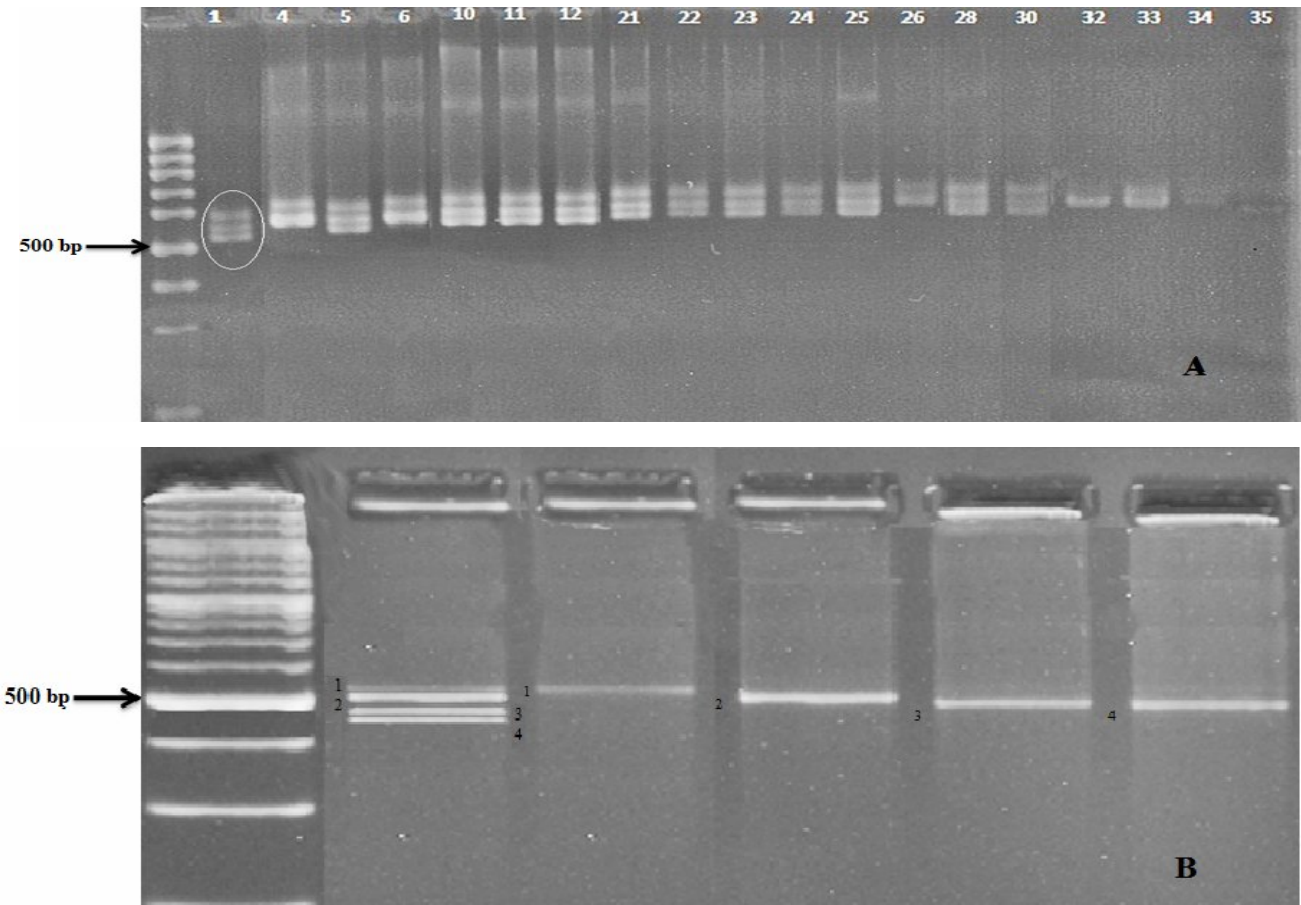
Şekil 4.8. Lif uzunluğu ve CesA polimorfizminin ilişkilendirilmesi

4.3.5. Bantların jelden kesimi, temizlenmesi ve tek banda indirgenmesi

Elde edilen jel görüntüleri incelendiğinde, iş yoğunluğu ve zaman kısıtlaması da dikkate alınarak, 4 gen üzerinde yapılan analizlere tek genle devam edilmiş ve ayrıca kullanılan genotip sayısı kademeli olarak azaltılmıştır. İlk olarak farklı gruplardan (genom durumu, tür ve lif özelliklerine göre) toplam 19 genotip seçilerek agaroz jelde koşturulmuştur (Şekil 4.9-A).

Daha sonra, 19 genotip arasından tüm örnekler arasından benzerlik bakımından gruplandırılma yapılarak her bir grubu temsil edebilecek 1 genotip belirlenmiş ve sekanslama işleminde kullanılmak amacıyla bu genotiplere ait her bir bant ayrı bir numune haline getirilmiştir (Şekil 4.9-B).

Jel üzerinde verilen 1 numaralı örnekten kesme işlemiyle her bir bant ayrı ayrı elde edilip PCR'la çoğaltıldıktan sonra %3'lük agaroz jelde koşturulmuş ve şekil 4.9-B'deki görüntü elde edilmiştir. Bantlarımızın tek olup olmadığını ve sekanslama için gerekli olan yoğunluğa sahip olduğundan emin olunduktan sonra sekanslama işlemine geçilmiştir.



Şekil 4.9. Seçilen 19 genotip ve bunlardan 1. örneğe ait kesilmiş bant görüntüsü

Her bir bant sekanslandıktan sonra elde edilen bantların sekans uzunlukları ve baz çiftleri arasındaki farklılığı görmek için sekanslar karşılaştırılmıştır. Baz dizilimleri arasında farklılığın görülmesi üzerine bu sekansların amino asit dizilimleri karşılaştırılmış ve baz farklılıklarının amino asit dizilimini değiştirip değiştirmediği incelenmiştir. İnceleme sonucunda hem jel görüntüsü üzerinde hem de korelasyon analizinde önemli farklılık gösteren 4. bantın amino asitlerinin CesA sekansına ait amino asitlerden farklı olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.4). Bu farklılıklar 3 ayrı SNP noktası şeklinde olup, ilk farklılık 328. baz olan Guanin'in adenin'e dönüşmesi şeklinde olup, aminoasit sentezinde farklılığa yol açmadığı belirlenmiştir. Diğer SNP noktasında 343. baz olan Timin'in Sitozin'e dönüşmesiyle Lizin (L) amino asitinin Serin'e (S) dönüşmesini sağladığı ve son olarak görülen SNP'nin ise 397. baz olan Adenin'in Guanin'e dönüşmesiyle Histidin (H) aminoasitinin Arjinin'e (A) dönüşmesini sağlamıştır. Ancak, diğer bantların aminoasit karşılaştırmaları dikkate alındığında sadece 2. bantın ortak baz dizindeki 28. bazı olan Guanin'in Timin'e dönüşmesiyle Glisin (G) amino asitinin Valin'e (V) dönüştüğü gözlenmiştir. Hem 2. bantdaki SNP hem de 4. banta ait SNP'lerin amino asit değişimlerinin fenotip üzerine ne şekilde etki ettiğinin daha iyi anlaşılabilmesi için farklı olduğu düşünülen *G. barbadense* ve *G. hirsutum* türlerine ait genotiplerde sekanslama ve karşılaştırma uygulamalarının yapılması gerekmektedir.

Glisin, hücre uzaması sürecinde etkin rol almaktadır. Mangeon ve ark. (2010) çalışmalarında, *A. thaliana* bitkisinde glisin sentezinde rol alan genler üzerine çalışmışlar ve glisinin hücre uzamasında direkt veya indirekt olarak etkili olduğunu, glisin sentezini sağlayan genlerin mutant ve transgenik bitkilerde normal bitkilere nazaran daha az ifade edildiğini belirlemişlerdir.

Lözin hücre proliferasyonu, kök hücre bakımı, hormon algılama gibi gelişimsel ve simbiyotik yaşamda ve yaralanmalara özel veya özel olmayan cevaplar gibi savunma ile ilgili süreçlerde etkilidir (Torii, 2004).

Serin, kloroplast, sitosol ve mitokondriye bağlı olarak sülfat asimilasyonunu ve azaltma yollarında etki göstermektedir (Droux M. 2003). Serin metabolizmada, pürinler, pirimidinler, sistein, triptofan (bakterilerde) ve daha birçok metabolitin biyosentezinde önemli bir role sahiptir (Gulledge ve ark., 2002).

Histidin, dokuları geliştirmeye ve korumaya yardımcı olmaktadır (Ashenberg ve ark. 2011).

Arjinin nitrit oksit oluşumunda etkilidir ve böylelikle de patojen infeksiyonlara karşı savunmada, sinyalizasyon ve sinyal iletimini sağlamaktadır. Kotiledon ve tohumlardaki amino

asitlerde fazla miktarda bulunmakta ve tohumlarda nitrojen birikiminde etkin bir rol oynamaktadır (Slocum, 2005).

Çizelge 4.4. Sekanslanan bantlardaki amino asit dizilimlerinin orijinal sekansla karşılaştırılması

	Amino asit değişimi	Nükleotid değişimi (yeri)
1. Bant	–	A→G (352)
2. Bant	G→V	G→T (28)
2. Bant	–	A→T (29)
3. Bant	–	A→G (139)
4. Bant	–	G→A (328)
4. Bant	L→S	T→C (343)
4. Bant	H→A	A→G (397)

Bu çalışmada, elde edilen sekanslarda ise;

Glisin'in→Valin'e, Lözin'in → Serin'e ve Histidin'in→Arjinin'e değişimi lif kalitesine etkili olabilir. Ancak araştırmanın doğruluğu daha detaylı çalışmayla ortaya konabilecektir.

5.SONUÇ VE ÖNERİLER

Seçilen genotiplere ilişkin lif uzunlukları 0-36 mm arasında değişmiştir.

G.barbadense L. genotipleri daha kaliteli lif üretmiş olup, *G.hirsutum* L. genotipleri orta derecede kaliteli lifler üretmişlerdir.

CesA geni, seçilen genotipler arasında daha fazla polimorfizm oluşturmuştur.

Yaklaşık olarak 500-510 bp uzunluğundaki allellerin SNP taşıdığı ve 2 allelde bulunan SNP'lerin amino asit değişimine neden olduğu belirlenmiştir. Bu değişimlerin lif kalitesiyle ilişkili olabileceği ve daha detaylı çalışmaların yapılması gerektiği sonucuna varılmıştır.

KAYNAKLAR

- Anonim, 2010. <http://www.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul>.
- Ashenberg, O., Rozen-Gagnon, K., Laub, M.T., Keating, A.E., 2011. Determinants of Homodimerization Specificity in Histidine Kinases. *Journal of Molecular Biology*, Volume 413, Pages 222-235.
- Basra, A., Malik, C.P. 1984. Development of the Cotton Fiber. *International Review of Cytology*, 89: 65–113.
- Basra, As., 1999. Cotton Fibers: Developmental Biology, Quality Improvement and Textile Processing. New York: The Haworth Press/Food Products Press.
- Beasley, C.A., 1979. Cellulose Content in Fibers of Cotton Which Differ in Their Lint Lengths and Extent of Fuzz. *Physiologia Plantarum* 45: 77-82.
- Behery, H.M., 1993. Short-Fiber Content and Uniformity Index in Cotton. International Cotton Advisory Committee Review Article on Cotton Production Research, CAB International, Wallingford, UK, vol. 4. p. 40.
- Betancur, L., Singh, B., Rapp, R. A., Wendel, J.F., Marks, D.M., Roberts, A.W., Haigler, C.H., 2010. Phylogenetically Distinct Cellulose Synthase Genes Support Secondary Wall Thickening in Arabidopsis Shoot Trichomes and Cotton Fiber. *Journal of Integrative Plant Biology*, 52 (2): 205–220.
- Bradow, J.M., Davidonis, G.H., 2000. Quantitation of Fiber Quality and the Cotton Production Processing Interface: A physiologist's perspective. *J. Cot. Sci.*, 4: 34-64.
- Chan, J., Eder, M., Crowell, E.F., Hampson, J., Calder, G., Lloyd, C., 2011. Microtubules and CESA Tracks at the Inner Epidermal Wall Align Independently of Those on the Outer Wall of Light-Grown Arabidopsis Hypocotyls. *Journal of Cell Science* 124, 1088-1094.
- Chu, Z., Chen, H., Zhang, Y., Zhang, Z., Zheng, N., Yin, B., Yan, H., Zhu, L., Zhao, X., Yuan, M., Zhang, X., Xie, Q., 2007. Knockout of the AtCESA2 Gene Affects Microtubule Orientation and Causes Abnormal Cell Expansion in Arabidopsis. *Plant Physiology*, January 2007, Vol. 143, pp. 213–224.

- Clement, A.C., Burgman, R., Norris, J.R., 2009. Observational and Model Evidence for Positive Low-Level Cloud Feedback. *Science*, 325, 460-464.
- Desprez, T., Juraniec, M., Crowell, E., Jouy, H., Pochylova, Z., Parcy, F., Hofte, H., Gonneau, M., Vernhettes, S., 2007. Organization of Cellulose Synthase Complexes Involved in Primary Cell Wall Synthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 39, 15572–15577.
- Desprez, T., Vernhettes, S., Fagard, M., Refregier, G., Desnos, T., Aletti, E., Py, N., Pelletier, S., Hofte, H., 2002. Resistance Against Herbicide Isoxaben and Cellulose Deficiency Caused by Distinct Mutations in same Cellulose Synthase Isoform CESA6. *Plant Physiology*, 128, 482–490.
- Doblin, Ms., Kurek, I., Jacob-Wilk, D., Delmer, Dp., 2002. Cellulose Biosynthesis in Plants: from Genes to Rosettes. *Plant and Cell Physiology*, 43, 1407–1420.
- Droux, M., 2003. Plant Serine Acetyltransferase: New Insights for Regulation of Sulphur Metabolism in Plant Cells. *Plant Physiology and Biochemistry*, 41: 619–627.
- Dubois, F., Brugie, R.N., Sangwan, R.S., Hirel, B., 1996. Localization of Tobacco Cytosolic Glutamine Synthetase Enzymes and the Corresponding Transcripts Shows Organ- and Cell-Specific Patterns of Protein Synthesis and Gene Expression. *Plant Molecular Biology*, 31, 803–817.
- Endler, A., Persson, S., 2011. Cellulose Synthases and Synthesis in Arabidopsis. *Molecular Plant*, Volume 4, Number 2, Pages 199–211.
- Frelichowski, J.M., Palmer, M.B., Main, D., Tomkins, J.P., Cantrell, R.G., Stelly, D.M., 2006. Cotton Genome Mapping with New Microsatellites from Acala ‘Maxxa’ Bac-Ends. *Mol. Genet. Genomics*, 275:479–491.
- Gipson, J.R., Joham, H.E., 1968. Influence of Night Temperature on Growth and Development of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) II. Fiber properties. *Agron. J.* 60: 296–298.
- Gipson, J.R., Joham, H.E., 1969. Influence of Night Temperature on Growth and Development of Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) III. Fiber elongation. *Crop Sci.* 9: 127–129.

- Gipson, J.R., Ray, L.L., 1970. Temperature-Variety Interrelationships in Cotton. I. Boll and Fiber Development. *Cotton Growers Rev.* 47: 257–271.
- Graves, A.D., Stewart, M.J., 1988. Chronology of the Differentiation of Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.) Fiber Cells. *Planta* 175:254-258.
- Guan, X., Lee, J., Pang, M., Shi, X., Stelly, D., 2011. Activation of Arabidopsis Seed Hair Development by Cotton Fiber-Related Genes. *Plos One* 6(7): e21301.
- Gulledge, J.B., Aggen, H.B., Huang, A.C., Chamberlin, N.-A.R., 2002. The Microcystins and Nodularins: Cyclic Polypeptide Inhibitors of PP1 and PP2A.
- Guo, W., Cai, C., Wang, C., Han, Z., Song, X., Wang, K., Niu, X., Wang, C., Lu, K., Shi, B., Zhang, T., 2007. A Microsatellite-Based, Gene-Rich Linkage Map Reveals Genome Structure, Function and Evolution in *Gossypium*. *Genetics* 176: 527–541.
- Han, Z., Guo, W., Song, X., Zhang, T., 2004. Genetic Mapping of EST-Derived Microsatellites from the Diploid *Gossypium Arboreum* in Allotetraploid Cotton. *Mol. Genet. Genomics*, 272(3):308–327.
- Han, Z., Wang, C., Song, X., Guo, W., Gou, J., Li, C., 2006. Characteristics, Development and Mapping of *Gossypium Hirsutum* Derived EST-SSRs in Allotetraploid Cotton. *Theor. Appl. Genet.* 112:430–439.
- Hanson, R.G., Ewing, E.C., Ewing, E.C., 1956. Effect of Environmental Factors on Fiber Properties and Yield of Deltapine Cottons. *Agron. J.* 48: 546–581.
- Harmer, S.E., Orford, S.J., Timmis, J.N., 2002. Characterisation of Six Alpha-Expansin Genes in *Gossypium Hirsutum* (Upland Cotton). *Mol Gen Genom*, 268:1–9
- Hearn, A.B., 1976. Response of Cotton to Nitrogen and Water in a Tropical Environment. III. Fibre Quality. *J. Agric., Sci.* 84: 257–269.
- Hearn, A.B., 1994. The Principles of Cotton Water Relations and Their Application in Management. *Proc. World Cotton Conf. I.*, 14–17.
- Hulskamp, M., 2004. Plant Trichomes: A Model for Cell Differentiation. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*, 5: 471–480.

- Hulskamp, M., Misera, S., Jurgens, G., 1994. Genetic Dissection of Trichome Cell Development in Arabidopsis. *Cell*, 76: 555–566.
- Hulskamp, M., Schnittger, A.T., 1998. Spatial Regulation of Trichome Formation in Arabidopsis Thaliana. *Seminars in Cell and Developmental Biology*, 9: 213–220.
- Jia, S.R., 2005. Transgenic Cotton. *Science Press*, Beijing/New York
- Jiang, C., Wright, R.J., El-Zik, K.M., Paterson, A.H., 1998. Polyploid Formation Created Unique Avenues for Response to Selection in Gossypium (Cotton). *Proc. Natl. Acad. Sci., Usa* 95: 4419-4424.
- John, M.E., Crown, L.J., 1992. Gene Expression in Cotton (Gossypium hirsutum L.) Fiber: Cloning of The Mrnas. *Proc Natl Acad Sci., Usa* 89: 5769–5773.
- Kim, H.J., Murai, N., Fang, D.D., Triplett, B.A., 2011. Functional Analysis of Gossypium *hirsutum* Cellulose Synthase Catalytic Subunit 4 Promoter in Transgenic Arabidopsis and Cotton Tissues. *Plant Science*, 180. 323–332.
- Kim, H.J., Triplett, B.A., 2007. Selüloz Cellulose Synthase Catalytic Subunit (Cesa) Genes Associated With Primary or Secondary Wall Biosynthesis in Developing Cotton Fibers (Gossypium hirsutum), *Genomics ve Biotechnology*.
- Kim, H.J., Triplett, B.A., 2001. Cotton Fiber Growth in Planta and *In Vitro*: Models for Plant Cell Elongation and Cell Wall Biogenesis. *Plant Physiology*, 127: 1361–1366.
- Kim, H.J., Triplett, B.A., 2004. Characterization of GhRac1 GTPase Expressed in Developing Cotton (Gossypium Hirsutum L.) Fibers. *Biochimica Et Biophysica Acta.*, 1679: 214– 221
- Kohel, R.J., Yu, J., Park, Y.H., Lazo, G.R., 2001. Molecular Mapping and Characterization of Traits Controlling Fiber Quality in Cotton. *Euphytica*, 121:163-172.
- Lacape, J.M., Nguyen, T.B., Thibivilliers, S., Bojinov, B., Courtois, B., Cantrell, R.G., 2003. A Combined RFLP-SSR-AFLP Map of Tetraploid Cotton Based on a Gossypium *hirsutum* × Gossypium *barbadense* Backcross Population. *Genome*, 46:612–626.

- Laosinchai, W., Cui, X., Brown, J.R. R.M., 2000. A Full Length cDNA of Cotton Cellulose Synthase Has High Homology with the Arabidopsis RSW1 Gene and the Cotton CelA1 Gene. *Plant Physiology*, 122, 291.
- Lee, J.J., Hassan, O.S.S., Gao, W., Wang, J., Wei, E.N., Russel, J.K., 2006. Developmental and Gene Expression Analyses of a Cotton Naked Seed Mutant. *Planta*, 223: 418–432.
- Lee, J.J., Woodward, A.W., Chen, Z.J., 2007. Gene Expression Changes and Early Events in Cotton Fibre Development. *Annals of Botany*, 100:1391-1401.
- Li, C.H., Zhu, Y.Q., Meng, Y.L., Wang, J.W., Xu, K.X., Zhang, T.Z., Chen, X.Y., 2002. Isolation of Genes Preferentially Expressed in Cotton Fibers By cDNA Filter Arrays and RT-PZR. *Plant Science*, 163:1113-1120.
- Li, X. B., Fan, X. P., Wang, X. L., 2005. The Cotton ACTIN1 Gene is Functionally Expressed in Fibers and Participates in Fiber Elongation. *Plant Cell*, 17: 859—875.
- Li, C., Vagin, V.V., Lee, S., Xu, J., Ma, S., Xi, H., Seitz, H., Horwich, M.D., Syrzycka, M., Honda, B.M., Kittler, E.L., Zapp, M.L., Klattenhoff, C., Schulz, N., Theurkauf, W.E., Weng, Z., Zamore, P.D., 2009. Collapse of Germline piRNAs in the Absence of Argonaute3 Reveals Somatic piRNAs in Flies. *Cell*, 137(3): 509-521.
- Lin, Z., He, D., Zhang, X., Nie, Y., Guo, X., Feng, C., 2005. Linkage Map Construction and Mapping QTL for Cotton Fibre Quality Using SRAP, SSR and RAPD. *Plant Breed.*, 124:180–187.
- Liu, D., Zhang, X., 2008. Gene Cloning: Exploring Cotton Functional Genomics and Genetic Improvement. *Front Agric China* 2: 1–9.
- Machado, L., Cadarso-Suarez, C., Una, A. J., Andersen, P.K., 2009. Multi-State Models for the Analysis of Time to Event Data. *Statistical Methods in Medical Research*, 18, 195-222.
- Maciver, S.K., Hussey, P.J., 2002. The ADF/Cofilin Family: Actin Remodeling Proteins. *Genome Biol.*, 3: reviews 3007. 1–3007. 12.
- Mangeon, A., Junqueira, R.M., Sachetto-Martins, G., 2010. Functional Diversity of the Plant Glycine-Rich Proteins Superfamily. *Plant Signal Behav.*, 5(2): 99–104.

- Marani, A., Amirav, A., 1971. Effects of Soil Moisture Stress on Two Varieties of Upland Cotton in Israel. I. The Coastal Plain region. *Exp. Agric.* 7: 213–224.
- Marks, Md., 1997. Molecular Genetic Analysis of Trichome Development in Arabidopsis. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 48: 137–163.
- Mei, M., Syed, N.H., Gao, W., Thaxton, P.M., Smith C.W., 2004. Genetic Mapping and QTL Analysis of Fiber-Related Traits in Cotton (*Gossypium*). *Theor. Appl. Genet.*, 108: 280–291.
- Meinert, M.C., Delmer, D.P., 1977. Changes in Biochemical Composition of the Cell Wall of the Cotton Fiber During Development. *Plant Physiol.*, 59: 1088-1097.
- Ming, L., Zhong-Yi, X., Yue-Hua, X., Xian-Bi, L., Jian-Ping, Z., Ming-Yu, H., Yan, P., 2007. Cloning and Expression Analysis of a Brassinosteroid Biosynthetic Enzyme Gene, GhDWF1, from Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Agricultural Sciences in China*, 6(11): 1297-1305.
- Mun, J.H., Yu, H.J., Lee, H.S., Kwon, Y.M., Lee, J.S., Lee, I., Kim, S.G., 2000. Two Closely Related cDNAs Encoding Actin-Depolymerizing Factors of Petunia are Mainly Expressed in Vegetative Tissues *Gene*, 257. 167–176.
- Munro, J.M., 1987. Cotton. 2nd ed. John Wiley & Sons, New York, NY.
- Nguyen, T.B., Giband, M., Brottier, P., Risterucci, A.M., Lacape, J.M., 2004. Wide Coverage of the Tetraploid Cotton Genome Using Newly Developed Microsatellite Markers. *Theor. Appl. Genet.*, 109:167–175.
- Notle, K.D., Hendrix, D.L., Radin, J.W., Koch, K.E., 1995. Sucrose Synthase Localization During Initiation of Seed Development and Trichome Differentiation in Cotton *Ovules*. *Plant Physiol*, 109: 1285–1293.
- Ochs, G., Schock, G., Trischler, M., Kosemund, K., Wild, A., 1999. Complexity and Expression of the Glutamine Synthetase Multigene Family in the Amphidiploid Crop Brassica Napus. *Plant Molecular Biology*, 39, 395–405.
- Park, Y.H., Alabady, M.S., Ulloa, M., Sickler, B., Wilkins, T.A., Yu, J., 2005. Genetic Mapping of New Cotton Fiber Loci Using EST-Derived Microsatellites in an

- Interspecific Recombinant Inbred Line Cotton Population. *Mol. Genet. Genomics*, 274:428–441.
- Paterson, A.H., Saranga, Y., Menz, M., Jiang, C.X., Wright, R.J., 2003. QTL Analysis of Genotype-Environment Interactions Affecting Cotton Fiber Quality. *Theor Appl Genet.*, 106: 384–396.
- Percival, A.E., Wendel, J.F., Stewart, J.M., 1999. Taxonomy and Germplasm Resources. In: Smith CW, Cothren JT, Eds. Cotton: Origin, History, Technology, and Production. New York, NY: John Wiley & Sons, 33–63.
- Perrin, R.M., 2001. Cellulose: How Many Cellulose Synthases to Make a Plant? *Current Biology*, 2001, 11:R213–R216
- Persson, S., Paredez, A., Carroll, A., Palsdottir, H., Doblin, M., Poindexter, P., Khitrov, N., Auer, M., Somerville, C., 2007. Genetic Evidence for Three Unique Components in Primary Cell-Wall Cellulose Synthase Complexes in Arabidopsis. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 39, 15566–15571.
- Petrasek, J., Schwarzerova, K., 2009. Actin and Microtubule Cytoskeleton Interactions *Current Opinion in Plant Biology*, 12:728–734)
- Preuss, M., Kovar, D., Lee, Y., Staiger, C., Delmer, D., Liu, B., 2004. A Plant-Specific Kinesin Binds to Actin Microfilaments and Interacts with Cortical Microtubules in Cotton Fibers. *Plant Physiol*, 136:3945-3955.
- Qin, Y., Zhu, Y., 2007. A Brief Summary of Major Advances in Cotton Functional Genomics and Molecular Breeding Studies in China. *Chinese Science Bulletin*, Vol.52,No.23, 3174-3178.
- Qin, Y.M., Pujol, F.M., Hu, C.Y., Feng, J.X., Kastaniotis, A.J., Hiltunen, J.K., 2007. Genetic and Biochemical Studies in Yeast Reveal that the Cotton Fibre-Specific GhCER6 Gene Functions in Fatty Acid Elongation. *Journal of Experimental Botany*, 58: 473–481.
- Quisenberry, J.E., Kohel, R.J., 1975. Growth and Development of Fiber and Seed in Upland Cotton. *Crop Sci.*, 15: 463–467.

- Radin, J.W., Reaves, L.L., Mauney, J.R., French, O.F., 1992. Yield Enhancement by Frequent Irrigation During Fruiting. *Agron. J.*, 54: 551–557.
- Ramey, H.H.J., 1986. Stress Influences on Fiber Development. In J.R. Mauney and J. McD. Stewart Cotton physiology. The Cotton Found., Memphis, TN. p. 315–359.
- Richmond, T., Somerville, C., 2000. The cellulose synthase superfamily. *Plant Physiology*, 124, 495–498.
- Richmond, T., Somerville, C., 2001. Integrative approaches to determining Csl function. *Plant Molecular Biology, Reporter* 47, 131–143.
- Robert, S., Mouille, G., Hofte, H., 2004. The mechanism and regulation of cellulose synthesis in primary walls: lessons from cellulose-deficient Arabidopsis mutants. *Cellulose II*, 351–364.
- Rong, J., Abbey, C., Bowers, J.E., Brubaker, C.L., Chang, C., Chee, P.W., 2004. A 3347-Locus Genetic Recombination Map of Sequence-Tagged Sites Reveals Features of Genome Organization, Transmission and Evolution of Cotton (*Gossypium*). *Genetics*, 166:389–417.
- Ruan, Y., Llewellyn, D., Furbank, R., 2003. Suppression of Sucrose Synthase Gene Expression Represses Cotton Fiber Cell Initiation, Elongation, and Seed Development. *The Plant Cell*, 15: 952–964.
- Ruan, Q.X., Zhou, P., Hu, B.W., Ji, D., 2008. An Investigation Into the Effect of Potassium Ions on the Folding of Silk Fibroin Studied by Generalized Two-Dimensional NMR-NMR Correlation and Raman Spectroscopy. *FEBS J.*, 275: 219-232.
- Saxena, I.M., Brown, R.M., 2000. *Curr. Opin. Plant Biol.*, 3: 523–531.
- Scheible, W., Eshed, R., Richmond, T., Delmer, D., Somerville, C., 2001. Modifications of cellulose synthase confer resistance to isoxaben and thiazolidinone herbicides in Arabidopsis *Ixr1* mutants. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 98, 10079–10084.
- Shappley, Z.W., Jenkins, J.N., Meredith, W.R., Mccarty, J.C., 1998. An RFLP Linkage Map of Upland Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 97: 756–761.

- Shen, X., Guo, W., Zhu, X., Yuan, Y., Yu, J., Kohel, R., 2005. Molecular Mapping of QTLs for Fiber Qualities in Three Diverse Lines in Upland Cotton Using SSR Markers. *Mol. Breed.*, 15: 169–181.
- Shen, X., Zhang, T., Guo, W., Zhu, X., Zhang, X., 2006. Mapping Fiber and Yield QTLs with Main, Epistatic, and QTL \times Environment Interaction Effects in Recombinant Inbred Lines of Upland Cotton. *Crop Sci.*, 61–66.
- Shi, Y., Zhu, S., Mao, X., Feng, J., Qin, Y., Zhang, L., 2006. Transcriptome Profiling, Molecular, Biological, and Physiological Studies Reveal A Major Role for Ethylene in Cotton Fiber Cell Elongation. *The Plant Cell*, 18: 651–664.
- Shimishi, D., Marani, A., 1971. Effects of Soil Moisture Stress on Two Varieties of Upland Cotton in Israel. II. The northern Negev region. *Exp. Agric.*, 7: 225–239.
- Slocum, R.D., 2005. Genes, Enzymes and Regulation of Arginine Biosynthesis in Plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, Volume 43, Pages 729-745.
- Song, Y., Cook, N.R., Albert, C.M., Van-Denburgh, M., Manson, J.E., 2009. Effect Of Homocysteine-Lowering Treatment with Folic Acid and B Vitamins on Risk of Type 2 Diabetes in Women: A Randomized, Controlled Trial. *Diabetes*; 58: 1921–1928
- Suo, J., Liang, X., Pu, L., Zhang, Y., Xue, Y., 2003. Identification of GhMYB109 Encoding a R2R3 MYB Transcription Factor that Expressed Specifically in Fiber Initials and Elongating Fibers of Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Biochim. Biophys. Acta*, 1630: 25-34.
- Taylor, N., Howells, R., Huttly, A., Vichers, K., Turner, S., 2003. Interactions among three distinct Cesa proteins essential for cellulose synthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 100, 1450–1455.
- Taylor, N., Laurie, S., Turner, S., 2000. Multiple cellulose synthase catalytic subunits are required for cellulose synthesis in Arabidopsis. *The Plant Cell*, 12, 2529–2540.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, Dg., 1997. The Clustalx Windows Interface: Flexible Strategies for Multiple Sequence Alignment Aided by Quality Analysis Tools. *Nucleic Acids Res*;24: 4876–82.

- Tiwari, S.C., Wilkins, T.A., 1995. Cotton (*Gossypium hirsutum*) Seed Trichomes Expand Via Diffuse Growing Mechanism. *Canadian Journal Of Botany*, 73: 746-757.
- Tokumoto, H., Wakabayashi, K., Kamisaka, S., Hoson, T., 2002. Changes in the Sugar Composition and Molecular Mass Distribution of Matrix Polysaccharides During Cotton Fiber Development. *Plant Cell Physiol.*, 43(4):411-418.
- Torii, K.U., 2004. Leucine-Rich Repeat Receptor Kinases in Plants: Structure, Function, and Signal Transduction Pathways. *International Review of Cytology*, Volume 234, Pages 1-46.
- Ulloa, M., Meredith, W.R., 2000. Genetic Linkage Map and QTL Analysis of Agronomic and Fiber Traits in an Intraspecific Population. *J. Cotton Sci.*, 4: 161–170.
- Ulloa, M., Meredith, W.R., Shappley, Z.W., Kahler, A.L., 2002. RFLP Genetic Linkage Maps From Four F2.3 Populations and a Joinmap of *Gossypium Hirsutum* L. *Theor. Appl. Genet.*, 104:200–208.
- Wang, S., Wang, J.W., Yu, N., Li, C.H., Luo, B., Gou, J.Y., Wang, L.J., Chen, X.Y., 2004. Control of Plant Trichome Development by a Cotton Fiber MYB Gene. *Plant Cell*, 16: 2323-2334.
- Wang, H.Y., Y.U., Y., Chen, Z.L., 2005. Functional Characterization of *Gossypium hirsutum* Profilin 1 Gene (GhPFN1) in Tobacco Suspension Cells. Characterization of In Vivo Functions of a Cotton Profilin Gene. *Planta*, 222: 594—603.
- Wang, Z., Glenn, H., Brown, C., Valavanis, C., Liu, J.X., Seth, A., Thomas, J.E., Karlstrom, R.O., Schwartz, L.M., 2009. Regulation of muscle differentiation and survival by Acheron. *Mech. Dev.* 126(8-9):700-709.
- Wendel, J., 1989. New World Tetraploid Cottons Contain Old World Cytoplasm. *Proceedings of The National Academy of Sciences of The Usa* 86: 4132–4136.
- Wendel, J., Cronn, R., 2003. Polyploidy and The Evolutionary History of Cotton. *Advances In Agronomy* 78: 139–186.
- Wilkins, T., Jernstedt, J., 1999. Molecular Genetics of Developing Cotton Fibers. In: Basra Am, Ed. *Cotton Fibers*. New York, Ny: Hawthorne Press, 231–267.

- Whittaker, D.J., Triplett, B.A., 1999. Gene-Specific Changes in Alpha-Tubulin Transcript Accumulation in Developing Cotton Fibers. *Plant Physiol.* 121, 181–188.
- Wu, J., Gutierrez, O.A., Jenkis, J.N., Mccarty, J.C., Zhu, J., 2009. Quantitative Analysis and QTL Mapping for Agronomic and Fiber Traits in and R1 Population of Upland Cotton. *Euphytica* 165:213-245.
- Wu, Y., Llewellyn, D., White, R., Ruggiero, K., Al-Ghazi, Y., Dennis E., 2007. Laser Capture Microdissection and cDNA Microarrays Used to Generate Gene Expression Profiles of The Rapidly Expanding Fibre Initial Cells on The Surface of Cotton Ovules. *Planta*, 226: 1475–1490.
- Wu, Y., Machado, A., White, R., Llewellyn, D., Dennis, E., 2006. Expression Profiling Identifies Genes Expressed Early During Lint Fibre Initiation in Cotton. *Plant Cell Physiology*, 47: 107–127.
- Xie, W., Trolinder, N.L., Haigler, C.H., 1993. Cool Temperature Effects on Cotton Fiber Initiation and Elongation Clarified Using *In Vitro* Cultures. *Crop Sci.*, 33: 1258–1264.
- Xiel, L., Yang, C., Wang, X., 2011. Brassinosteroids can Regulate Cellulose Biosynthesis by Controlling the Expression of CESA Genes in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*, Page 1 of 12.
- Xu, T., Qu, Z., Yang, X., Qin, X., Xiong, J., Wang, Y., Ren, D., Liu, G., 2009. A cotton kinesin GhKCH2 interacts with both microtubules and microfilaments. *Biochem J.* doi, 10.1042/BJ20082020.
- Xu, W., Wang, X., Wang, H., Li, X., 2007. Molecular Characterization and Expression Analysis of Nine Cotton GhEF1A Genes Encoding Translation Elongation Factor 1A. *Gene*, 389: 27–35.
- Yajun, H., Wangzhen, G., Xinlian, S., Tianzhen, Z., 2008. Molecular Cloning and Characterization of a Cytosolic Glutamine Synthetase Gene, a Fiber Strength-Associated Gene in Cotton. *Planta*, 228:473–483

- Yu, J., Yu, S., Lu, C., Wang, W., Fan, S., Song, M., Lin, Z., Zhang, X., Zhang, J., 2007. High-Density Linkage Map of Cultivated Allotetraploid Cotton Based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP Markers. *J. Integr. Plant Biol.*, 49(5): 716–724.
- Zhang, T., Yuan, Y., Yu, J., Guo, W., Kohel, R.J., 2003. Molecular Tagging of a Major QTL for Fiber Strength in Upland Cotton and Its Marker-Assisted Selection. *Theor. Appl. Genet.*, 106:262–268.
- Zhang, Z., Xiao, Y., Luo, M., Li, X., Luo, X., Hou, L., 2005. Construction of a Genetic Linkage Map and QTL Analysis of Fiber-Related Traits in Upland Cotton (*Gossypium Hirsutum* L.). *Euphytica*, 144(1):91–99.
- Zhang, Y.C., Rossow, W.B., Stackhouse, P.W., Romanou, A., Wielicki, B.A., 2007. Decadal Variations of Global Energy and Ocean Heat Budget and Meridional Energy Transports Inferred from Recent Global Data Sets. *J. Geophys. Res.*, 112, D22101.
- Zhu, Y.Q., Xu, K.X., Luo, B., Wang, J.W., Chen, X.Y., 2003. An ATP-Binding Cassette Transporter GhWBC1 from Elongating Cotton Fibers. *Plant Physiology*, Vol. 133, Pp. 580–588.

EKLER

EK-1: Ekimi yapılan 247 adet genotip ve bunlara ait lif analiz sonuçları

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB164	PI 528896		36,0
YB224	Wild Type 35		35,7
YB51	Giza-45	<i>G.barbadense</i>	34,4
YB110	G.B.620 Moc/22	<i>G.barbadense</i>	33,9
YB19	Aşkabat-91	<i>G.barbadense</i>	33,8
YB23	Bahar-14	<i>G.barbadense</i>	33,1
YB111	Aşkabat 100	<i>G.barbadense</i>	33,1
YB130	İs 4	<i>Gossypium sp.</i>	33,0
YB22	Bahar 82	<i>G.barbadense</i>	32,9
YB18	Aşkabat-71	<i>G.barbadense</i>	32,6
YB35	Delcerro	<i>G.hirsutum</i>	32,1
YB20	Aydın-110	<i>G.hirsutum</i>	31,5
YB189	PI 163760		31,5
YB288	Siokra 1/4		31,3
YB272	Sju 86		31,2
YB50	Giza 70	<i>G.barbadense</i>	31,0
YB52	Giza-75	<i>G.barbadense</i>	31,0
YB244	Semand 542		31,0
YB 180	PI 529128		30,6
YB 280	Nazilli 84		30,6
YB 7	8106-2	<i>G.barbadense</i>	30,4
YB 136	S.J.V.Visalia Elmer		30,4
YB 262	Siokra L 22		30,4
YB 25	Belserroms-30		30,2
YB 108	NGF-63	<i>G.hirsutum</i>	30,2
YB 45	Fibermax 832		30,0
YB 145	Acala 1517-99		30,0
YB 185	PI 163615		30,0
YB 258	SG 96		30,0
YB 43	Europa-1752		29,9
YB 104	Veramine	<i>G.hirsutum</i>	29,9
YB 254	Menderes 2005		29,9
YB 137	Sealand 542	<i>G.hirsutum</i>	29,8
YB 44	Fibermax 819		29,7
YB 65	Nazilli 342	<i>G.hirsutum</i>	29,7
YB 70	Nieves	<i>G.hirsutum</i>	29,7
YB 100	Taşkent-6	<i>G.hirsutum</i>	29,7
YB 113	İs 10	<i>Gossypium sp.</i>	29,7
YB 144	Acala Royale		29,7
YB 291	Fantom		29,7
-	Erşan 92		29,7

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB30	Corina	<i>G.hirsutum</i>	29,6
YB 40	DPL-5409	<i>G.hirsutum</i>	29,6
YB 56	Kashinat	<i>Gossypium sp.</i>	29,6
YB 95	Tamcot Cabcs	<i>G.hirsutum</i>	29,6
YB 121	DPL 529	<i>G.hirsutum</i>	29,6
YB 154	Spnxhqbpis-1-94		29,6
YB 157	Cabcsv506s-1-94		29,6
YB 248	DP 493		29,6
YB 278	Tropical 225		29,6
YB 282	İdeal		29,6
YB 27	Ca-228	<i>G.hirsutum</i>	29,5
YB 116	108-F	<i>G.hirsutum</i>	29,5
YB 123	Ege 69	<i>G.hirsutum</i>	29,5
YB 131	İs 8	<i>Gossypium sp.</i>	29,5
YB 252	Cooker 100 A2		29,5
YB 28	Carmen	<i>G.hirsutum</i>	29,4
YB 47	G.B.58	<i>G.barbadense</i>	29,4
YB 115	Ujchi 2 Uzbek	<i>G.hirsutum</i>	29,4
YB 134	Nazilli 87	<i>G.hirsutum</i>	29,4
YB 162	Delcerro		29,4
YB 169	TX 0061-2		29,4
YB 236	Tamcot H 095		29,4
YB 264	DKG 658		29,4
YB 64	Nata	<i>G.hirsutum</i>	29,3
YB 85	SG 501	<i>G.hirsutum</i>	29,3
YB 101	Teks		29,3
YB 269	Veret		29,3
YB 285	SG 1001		29,3
YB 2	152-F	<i>G.hirsutum</i>	29,2
YB 75	P.D.0648		29,2
YB 94	Şahin 2000		29,2
YB 126		<i>G.hirsutum</i>	29,2
YB 143			29,2
YB 147	Acala 1517-95		29,2
YB 259	Adana 98		29,2
YB 270	Ba 525		29,2
YB 283	Vurcano		29,2
YB 69	Nektarsız		29,1
YB 87	Siocra	<i>G.hirsutum</i>	29,1
YB 90	STG 14		29,1
YB 132	Kurak-1	<i>G.hirsutum</i>	29,1
YB 138	Siokra 133	<i>G.hirsutum</i>	29,1

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB209	Acala 1517-99		29,1
YB 241	GSN 12		29,1
YB 245	Flora		29,1
YB 249	H-23		29,1
YB 276	Dicle 2002		29,1
-	Stv 453		29,1
YB 5	Campo (308)		29,0
YB 46	Fibermax 958		29,0
YB 89	Sphinx V	<i>G.hirsutum</i>	29,0
YB 96	Tamcot Luxor	<i>G.hirsutum</i>	29,0
YB 207	528758 Acala Wild 1517		29,0
YB 253	Cabu Cs 2-1-8-3		29,0
-	Maraş 92		29,0
YB 11	Acala-172	<i>G.hirsutum</i>	28,9
YB 127	H-88029	<i>G.hirsutum</i>	28,9
YB 149	Acala Maxa		28,9
YB 274	Sicala 33		28,9
-	Famosa		28,9
YB 67	Nazilli M503	<i>G.hirsutum</i>	28,8
YB 78	R-5 (Stg-6)	<i>G.hirsutum</i>	28,8
YB 122	DPL 90	<i>G.hirsutum</i>	28,8
YB 179	PI 528678		28,8
YB 279	STV 373		28,8
YB 49	Gedera-5		28,7
YB 53	Golda		28,7
YB 55	Is-2	<i>Gossypium sp.</i>	28,7
YB 68	Nazilli M-503	<i>G.hirsutum</i>	28,7
YB 99	Tamcot Sphinx	<i>G.hirsutum</i>	28,7
YB 118	Acala S.J.2	<i>G.hirsutum</i>	28,7
YB 234	Coker 312(W75)		28,7
YB 10	Acala Maxa	<i>G.hirsutum</i>	28,6
YB 32	Çırpan 603	<i>G.hirsutum</i>	28,6
YB 36	Deltaopal	<i>G.hirsutum</i>	28,6
YB 41	DPL-5614	<i>G.hirsutum</i>	28,6
YB 42	Erşan-92	<i>G.hirsutum</i>	28,6
YB 160			28,6
YB 98	Tamcot Sp 37-N	<i>G.hirsutum</i>	28,5
YB174	TX 0091-1		28,5
YB 4	2421-A	<i>G.hirsutum</i>	28,4
YB 8	Lider (919)		28,4

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB 83	Semu SS7G	<i>G.hirsutum</i>	28,4
YB 139	Stoneville K311	<i>G.hirsutum</i>	28,4
YB 152	PD22CUBQWS-1-95		28,4
YB 238	Cooker 100 Ahıl		28,4
YB 61	Mc Nair-235-612	<i>G.hirsutum</i>	28,3
YB 86	Sindos 80	<i>G.hirsutum</i>	28,3
YB 117	Acala 3080	<i>G.hirsutum</i>	28,3
YB 140	Stoneville 506	<i>G.hirsutum</i>	28,3
YB 237	Nazilli		28,3
YB 242	HT1		28,3
YB 251	Celia		28,3
YB 266	DP 396		28,3
YB 6	4-Sb	<i>G.hirsutum</i>	28,2
YB 12	Acala-552	<i>G.hirsutum</i>	28,2
YB 38	DPL-20	<i>G.hirsutum</i>	28,2
YB 66	Nazilli 845	<i>G.hirsutum</i>	28,2
YB 119	Coker 413/68	<i>G.hirsutum</i>	28,2
YB 197	Giza 45		28,2
YB 257	DP 5111		28,2
YB 268	Primera		28,2
YB 275	HT2		28,2
YB 281	4 Sb		28,2
YB 76	Paymaster 2379	<i>G.hirsutum</i>	28,1
YB 114	Samon	<i>G.hirsutum</i>	28,1
YB 146	Acala Prema		28,1
YB 156	Hgpihqbpıh-2-94		28,1
YB 233	Tm-1(W74)		28,1
YB 255	S-9		28,1
YB 21	Azerbaycan 3038	<i>G.hirsutum</i>	28,0
YB58	Maraş-92	<i>G.hirsutum</i>	28,0
YB93	Suregrow 125	<i>G.hirsutum</i>	28,0
YB 112	Orgosta 644	<i>G.hirsutum</i>	28,0
YB 267	DP 419		28,0
YB 290	STV 474		28,0
YB 48	Garant	<i>G.hirsutum</i>	27,9
YB 88	Sivon		27,9
YB 91	STG 8A		27,9
YB 97	Tamcot Pyramid	<i>G.hirsutum</i>	27,9
YB 158			27,9
YB 222	Wild Type 22		27,9
YB 223	Wild Type 13		27,9
YB 271	DP 5690		27,9

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB 284	STV 478		27,9
YB 92	Stoneville-453	<i>G.hirsutum</i>	27,8
YB 150	Hqculhqph-1-95		27,8
YB 246	Napa		27,8
YB 4	222-2		27,69
YB 72	Okra 201	<i>G.hirsutum</i>	27,7
YB 103	Togo	<i>G.hirsutum</i>	27,7
YB 135	Özbek 142	<i>G.hirsutum</i>	27,7
YB 235	Sicala 3/2		27,7
YB 247	Ba 119		27,7
YB 263	Coşkun-1		27,7
YB 9	93 Ff 01		27,6
YB 71	Nsch-777	Gossypium sp.	27,6
YB 77	Paymaster 330	<i>G.hirsutum</i>	27,6
YB 81	Sayar-314	<i>G.hirsutum</i>	27,6
YB 155	Hgpıg14qh-1-94		27,6
YB 161			27,6
YB 193			27,6
YB 289	STV 468		27,6
YB 57	Lachata	<i>G.hirsutum</i>	27,5
YB 82	Semerkant Uzbekistan	<i>G.hirsutum</i>	27,5
YB 133	Lockette	<i>G.hirsutum</i>	27,5
YB 239	Nazilli 954		27,5
YB 29	Caskot Br-1	<i>G.hirsutum</i>	27,4
YB 102	Tky-9409	<i>G.hirsutum</i>	27,4
YB 129	Hyc-76/59	<i>G.hirsutum</i>	27,4
YB 151	Lgqwılbegs-1-95		27,4
YB 256	H-10		27,4
YB 261	Tamcot Sp 21-9		27,4
YB 15	Albania-6172	<i>G.hirsutum</i>	27,3
YB 16	Aleppo 1	<i>G.hirsutum</i>	27,3
YB 33	Çukurova 1518	<i>G.hirsutum</i>	27,3
YB 37	Dp-388	<i>G.hirsutum</i>	27,3
YB 273	Blightmaster		27,3
YB 13	Ak-4	<i>G.hirsutum</i>	27,2
YB 84	SG 404	<i>G.hirsutum</i>	27,2
YB 120	DPL 15/21	<i>G.hirsutum</i>	27,2
YB 287	Nazilli 303		27,2
YB 54	Gürelbey Ms 34/1	<i>G.hirsutum</i>	27,1
YB 182	TX 0091-2		27,1
YB 74	Okra-Frego		27,0

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB 200	TX 0175-2		27,0
YB 250	GSN 22		27,0
YB 265	Naz M 39		27,0
YB 14	Aktaş-3	<i>G.hirsutum</i>	26,9
YB 24	Beli İzvor-432	<i>G.hirsutum</i>	26,9
YB 39	DPL-50	<i>G.hirsutum</i>	26,9
YB 62	Mc Namara	<i>G.hirsutum</i>	26,9
YB 148	Stoneville 132		26,9
YB 195			26,9
YB 243	Naz.143		26,9
YB 63	Nakbe1-14/2	<i>G.hirsutum</i>	26,8
YB 79	Rknr 261		26,8
YB 107	Kurak 2	<i>G.hirsutum</i>	26,8
YB 17	Aleppo 40	<i>G.hirsutum</i>	26,6
YB 194	Glandless		26,6
YB 211	TX 0091-2		26,6
YB 286	Barut 2005		26,6
YB 1	1118-Glandless	<i>G.hirsutum</i>	26,4
YB 73	Okra 204	<i>G.hirsutum</i>	26,4
YB 166	TX 0175-2		26,4
YB 190	PI 529869		26,4
YB 240	Paymaster404		26,4
YB 26	Bsc-4	<i>G.hirsutum</i>	26,3
YB 188	PI 528525		26,2
YB 260	Çun S-2		26,2
YB 153	Spnxcbgp6h-1-95		26,1
YB 184	PI 165325		26,1
YB 80	Sahel 1	<i>G.hirsutum</i>	26,0
YB 159			26,0
YB 105	Zeta 2	<i>G.hirsutum</i>	25,9
YB 125	Ekşi 911	<i>G.hirsutum</i>	25,9
YB 277	Semu 55/6		25,8
YB 3	153-F	<i>G.hirsutum</i>	25,6
YB 34	Çun S-1	<i>G.hirsutum</i>	25,6
YB 196			25,4
YB 128	Hint Ç.9	<i>G.hirsutum</i>	25,3
YB 215			25,2
YB 59	Marcel Leaf	<i>G.hirsutum</i>	25,1
YB 226			24,9
YB 31	Crinle Leaf	<i>G.hirsutum</i>	24,5
YB 168	TX 0175-1		24,5

EK-1 Devamı

Genotip No	Genotip Adı	Tür	Ortalama Lif Uzunluğu (mm)
YB 199	TX 0175-1		24,1
YB 214			24,0
YB 178	PI 173332		23,8
YB 187	PI 528450		23,7
YB 106	Deve Tüyü	<i>G.hirsutum</i>	23,2
YB 124	Ekstrem Okra	<i>G.hirsutum</i>	23,0
YB 220	Wild Type 1		23,0
YB 225			22,8
YB 172	TX 0060-2		22,7
YB 141		<i>G.hirsutum</i>	22,6
YB 163	PI 528420		22,6
YB 60	Maydos Yerlisi	<i>G.herbaceum</i>	22,5
YB 216			22,1
YB 186	PI 528429		-
YB 109		<i>G.hirsutum</i>	-

EK-2: Belirlenen genlere ait sekanslar

>gi|8440067|gb|AW561930.1|AW561930 IPPGHZ0019 Cotton fiber and embryo Lambda Zap Express Library Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (AB019427) elongation factor-1 alpha [*Nicotiana paniculata*], mRNA sequence

```
CTCCTTCTGTTTTCTGGTCAAGCCAATCTCAAAAGACTCCCCTTTTAGCTCACAGCTCCTCTCTTGTAGTACTATAATGGGTAAGGAGAAGGTTACATCAACATTGTGGTCATTGGC  
CATGTGCTGACTCTGGGAAGTCTACAACCACTGGTCATTTGATCTACAAGCTTGGTGGTATTGACAAGCGTGTGATTGAGAGGTTTTGAGAAGGAGGCTGCTGAGATGAACAAAAGGTC  
ATTTAAGTATGCATGGGTGCTTGACAAGCTTAAGGCCGAGCGTGAACGTGGTATTACCGATATTGCCCTCTGGAAAGTTTTGAGACTACCAAATACTACTGTACTGTCAATTGATGCC  
CTGGACATCGTGACTTCATCAAGAACAATGATTACTGGTACCTCACAGGCTGACTGCGCTGTTCTCATTATCGACTCGACCACTGGTGGTTTTCAAGCTGGTATCTCAAAGGATGGT  
CAGACACGTGAGCATGCTTTGCTTGCGTTTTACCTTTGGTGTCAAGCAGATGATTTGCTGCTGCAACAAGATGGATGCAACAACCTCCAAAATCTCCAAGGCAAGGTATGATGAAATT  
GTGAAGGAAGTCTCCTCATATCTTAAGAAAAGTTGGGTACAACCCCTG
```

>gi|74486727|gb|DQ174250.1| Gossypium hirsutum translation elongation factor 1A-1 (EF1A1) mRNA, complete cds

```
ATGGGTAAGGAGAAGGTTACATCAACATTGTGGTCATCGGCCATGTGCTGACTCTGGGAAGTCTACAACCACTGGTCATTTGATCTACAAGCTTGGTGGTATTGACAAGCGTGTGAT  
TGAGAGGTTTTGAGAAGGAGGCTGCTGAGATGAACAAAAGGTCATTTAAGTATGCATGGGTGCTTGACAAGCTTAAGGCCGAACGTGAACGTGGTATTACCATCGATATTGCCCTCT  
GGAAGTTTTGAAACTACCAAATACTACTGCACGTCAATTGATGCCCTGGACACCGTACTTCATCAAGAACAATGATTACTGGTACCTCACAGGCTGACTGTGCTGTTCTCATTATC  
GACTCGACCACTGGTGGTTTTGCAAGCTGGTATCTCAAAGGATGGTCAGACACGTGAGCATGCTTTGCTTGCGTTTTACCTTTGGTGTCAAGCAGATGATTTGCTGCTGCAACAAGAT  
GGATGCAACAACCTCCAAAATACTCCAAAGGCAAGGTATGATGAAATTTGTGAAGGAAGTCTCCTCATATCTTAAGAAAAGTTGGTTACAACCCCTGACAAGATCCCATTTGTCCTCAATCT  
CTGGATTTGAGGGTGATAACATGATTTGAGAGGTCTACCAACCTTGACTGGCACAAGGGTCCCCTCTCCTTGAGGCTCTTGACCAGATCAATGAGCCCAAGAGGCCTTCAGACAAG  
CCACTTCGGCTCCCCTTCAGGATGCTTACAAGATTGGTGGCATTGGAACGTGCCCCGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
TGCTCTGACCACTGAAGTTAAGTCTGTGAGATGCACCATGAAGCCCTCCTGAGGCCTCCCCGGTGACAATGTTGGATTCAACGTCAAGAACGTTGCTGTTAAGGATCTCAAGC  
GTGGTTTTGCTTTCAAACCTTAAGGATGATCCTGCAAAGGAGGCTGCCAGCTTCACCTCTCAGGTCATCATGAACCACCTGGGCAGATTGGAAACGGATATGCCCCAGTC  
CTTGACTGCCATACTCCACATTGCTGTGAAGTTTTCTGAATTTGCTGACCAAGATCGACAGCGGATCTGGAAAGGAGCTTGAGAAGGAGCCCAAGTTCTTGAAGAAATGGTGTATC  
AGGGATGATAAAGATGGTTCCCAACCAAGCCATAGTTGTTGGGAGACTTTTCTGAGTACCCACCCCTTGGACGGTTTTGCTGTCAAGGACATGCGTCAGACTGTGGCTGTTGGTGTCA  
TCAAGAGCGTTGAGAAGAAGGATCCAACCCTGCTAAGGTACCACAATCTGCTGCCAAGAAAGTATGAGATTGCATTTGATAGTATCAAAGCCTTTTTGATTTTTGTTTTCTATGTA  
GTCTGGTACTTAACAGTTTTTTTAGACCAATTTTTGATATGTGTTCAATTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT  
TCAAAGAATGCTAGTTTTGATATTTCTTGTTTTTCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

>gi|74486729|gb|DQ174251.1| Gossypium hirsutum translation elongation factor 1A-2 (EF1A2) mRNA, complete cds

```
ATGGGTAAGGAAAAGACTCACATTAACATTGTGGTCATCGGCCACGTGCTGATTCTGGGAAATCAACCACCCTGGCCACCTGATTTACAAGCTTGGTGGTATTGACAAGCGTGTGAT  
TGAAAGGTTTCGAGAAAGAAGCTGCTGAGATGAACAAGAGGTCATTTCAAGTATGCTTTGGGTGCTTGACAAGCTCAAGGCTGAGCGTGAGCGTGGTATCACCATTGATATTGCCCTTGT  
GGAATTTGAGACCACCAAATACTACTGCACGTGTGATTTGATGCACCTGGACACCGTACTTTATCAAGAATAATGATTACTGGTACGTACAGGCTGACTGTGCTGTTTTGATTAT  
GATTCACCACCTGGTGGTTTTGAGGCTGGTATCTCAAAGGATGGTCAGACTCGTGGAGCAGCATTTGCTTGCTTTTACCTTTGGTGTCAAGCAAATGATTTGCTGTTGCAACAAGAT  
GGATGCCACTACCCCTAAAATACTCGAAGGCTAGGTATGATGAAATTTGTGAAGGAAGTCTCTCCTACTTGAAGAAGGTGGGATACAACCTGACAAGATTCATTTGTTCCCATT  
CTGGTTTTGAGGGTGACAACATGATTGAGAGGTCTACCAACTTGACTGGTACAAGGGCCCTACTCTTCTTGAGGCTCTTGACCAGATCAACGAGCCCAAGAGGCCTTCAGACAAG  
CCTCTCCGCTCCCCTTCAGGATGTTTACAAGATTGGTGGTATTGGAACGTTCACAGTCGGCCGTGTTGAAACCGGTGTTGAAAGCCTGGTATGGTGTGACCTTTGGCCCCGC  
TGGTCTGACAACCTGAAGTTAAGTCAATTGAGATGCACCATGAAGCTTTACAGAAGCACTTCCCCTGGTATAATGTTGGGTTCAATGTTAAAAACGTTGCTGTTAAGGATCTCAAGC  
GTGGTTTTGTGCTCAACTCCAAGGATGACCTGTCTAAGGAGGCTGCCAACCTCACTTCTCAGGTCATCATTATGAACCACCTGGACAAATGGAAATGGATATGCCCCAGTC
```

CTTGACTGCCACACGTCACACATTGCTGTAAAGTTTGTGAGCTTTTGACCAAGATTGACAGGCGATCTGGTAAGGAGCTTGAGAAGGAACCCAAGTTCTTGAAGAACGGTGATGC
TGGTATGATTAAGATGATTCCCTACCAAGCCCATGGTTGTGGAGACCTTCTCTGAGTACCCACCCCTGGGTGCTTTTGTGCTGTGAGGGACATGCGTCAGACCGTGGCTGTTGGTGTTA
TCAAGAGTGTGAGAAGAAGGACCCAACCGGTGCCAAGGTACCAAGTCTGCTGCTAAGAAGAAGTGAAGAGGCCAAAAGTTTTAGCGGTGAAGCAGATTGAGTGTTTTTATCTT
TGGTTATATGTGGTTTTGAAGTTTTTGCCTGTTTTATGTAGGATTTTTAAAGTTTGTAGATGCTTTGGTTTTGCCAAGGCATCTTAGTCAAGTTTTGTGTCTGATCTTGCAGAACTATA
CTTTGTTTTTTCTATATATTTGTCTGTTTTCTTTTTTCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|74486733|gb|DQ174253.1| Gossypium hirsutum translation elongation factor 1A-4 (EF1A4) mRNA, complete cds

ATGGGTAAGGAGAAGGTTACATCAACATTTGTGGTTCATCGGCCATGTCGACTCTGGGAAGTCTACAACCACCTGGTCAATTTGATCTACAAGCTTGGTGGTATTGACAAGCGTGTGAT
TGAGAGGTTTGAGAAGGAGGCTGCTGAGATGAACAAAAGGTCAATTTAAGTATGCATGGGTGCTTGACAAGCTTAAGGCCGAACGTGAACGTGGTATTACCATCGATATTGCCCTCT
GGAAGTTTGAACCTACCAAATACCTGACATGTCATTTGATGCCCCGGACACCGTGACTTCAACAAGCATGATTACTGGTACCTCACAGGCTGACTGTGCTGTTCTCATTATC
GACTCGACCACCTGGTGGTTTTCAAGCTGGTATCTCAAAGGATGGTCAGACACGTGAGCATGCTTTGCTTGCCTTTACCCCTGGTGTCAAGCAGATGATTTGCTGCTGCAACAAGAT
GGATGCAACAACCTCCAAAATACCTCAAAGGCAAGGTATGATGAAATTTGTGAAGGAAGTCTCCCTCATATCTTAAGAAAAGTTGGTTACAACCCTGACAAGATCCCATTTGCCAATCT
CTGGATTTGAGGGTGATAACATGATTGAGAGGCTACCAACCCTTGACTGGTACAAGGGTCCCCTCTCCCTTGAGGCTCTTGACCAGATCAATGAGCCCAAGAGGCCCTCAGACAAG
CCACTTCGGCTCCCCTCAGGATGCTTACAAGATTGGTGGCATTGGAACCTGTCCTGTTGGTCTGTTGAGACTGGTGTCTTAAGCCTGGAATGGTGTGACCTTTGGCCCTC
TGGTCTGACCCTGAAGTTAAGTCTGTTGAGATGCACCATGAAGCCCTCTCTGAGGCTCTCCCGGTGACAATGTTGGATTCAACGTCAAGAACGTTGCTGTTAAGGATCTCAAGC
GTGGTTTTGCTTGCCTCAAACCTTAAGGATGATCTGCAAAGGAGGCTGCCAGCTTACCTCTCAGGTCACTCATGAACCACCCCTGGGCAGATTGGAAACGGATATGCCCCAGTC
CTTGACTGCCATACCCTCCACATTTGCTGTGAAGTTTTCTGAATTTGCTGACCAAGATCGACAGGCGATCTGGAAAGGAGCTTGAGAAGGAGCCCAAGTTCTTGAAGAATGGTGTGATGC
AGGGATGATAAAGATGGTTCCCACCAAGCCTATGGTTGTGGAGACTTTCTCTGAGTACCCACCCCTTGGACGGTTTTGCTGTGAGGGACATGCGTCAGACTGTGGCTGTTGGTGTCA
TCAAGAGCGTTGAGAAGAAGGATCCAACCGGTGCTAAGGTACCAAATCTGCTGCCAAGAAGAAATGAGATTGCAATTTGATAGTATCAAAGCCTTTTGAATTTGGTTTTCTATGTA
GTCCTGGTACTTAACAGTTTTTTAGACCAATTTTGTATATGTGTTTCAATTTGGTTGAGACTGGCATCTGCCACGGATTGTGTGTTTGTCTTTTCCGTGTCAATTTGATTTGAATTCCT
TCAAAGAATGCTAGTTTTGATATTTCTTTGTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|74486735|gb|DQ174254.1| Gossypium hirsutum translation elongation factor 1A-5 (EF1A5) mRNA, complete cds

ATGGGTAAGGAGAAGGTTACATCAACATTTGTTGTCAATTTGGCCATGTTGACTCTGGAAAAGTCAACCACAACGGGTCACTTGATATACAAGCTTGGAGGTATTGACAAGCGTGTGAT
CGAGAGGTTTCGAGAAGGAAGCTGCTGAGATGAACAAAAGGTCAATTCAGTATGCCCTGGGTGCTCGACAAGTTGAAGGCTGAGCGTGAGCGTGGTATCACCATTTGATATTGCCCTTGT
GGAAGTTTGAACAACCAAGTACTACTGCACCTGTCATTTGATGCTCCTGGACATCGCGACTTTATTAAGAATATGATTACGGGTACTTCTCAAGCTGACTGTGCTGCTTATCATT
GACTCCACAACCTGGAGGTTTTGAAGCTGGTATTTCCAAGGATGGGCAGACCCGTGAGCATGCTCTCCCTTGCCTTACCCCTGGTGTCAAGCAAATGATTTGCTGCTGCAACAAGAT
GGATGCCACAACCCCAAGTACTCAAAGGCAAGGTATGATGAAATTTGTTAAGGAAGTTTTCTTCTTACCTGAAGAAGGTTGGTTACAACCCTGAGAAGATTCCATTCGTCCTCCATCT
CTGGTTTTGAGGGTGACAACATGATTGAGAGGTCACCAACCCTCGATTTGGTACAAGGGTCCAACCCTCCTTGGAGGCTCTTGACCAGATCAATGAGCCCAAGAGACCCTCTGACAAG
CCCCTCCGCTCCTCCACTCAGGATGCTTACAAGATTGGTGGTATTGGAACCTGTCACAGTGGGTGCTGTTGAAACTGGAATCCTCAAGCCTGGAATGGTGTGTTACATTCGGACCTTC
TGGATTGACCCTGAAGTTAAGTCTGTTGAGATGCATCAAGCTCTTCAAGAGGCTCTTCCCTGGTGACAATGTTGGGTTCAATGTGAAGAATGTTGCTGTCAAGGATCTCAAGC
GTGGATTTGTTGCTCCAACTCAAAGGATGATCTGCCAAGGAGGCAGCCAACCTCACCTCCCAAGTTATCATCATGAACCACCCAGGACAGATTGGAAATGGCTATGCACCGGTC
CTCGATTGCCACACCTCCCATATTGCTGTCAAGTTTTGCAGAGCTTTGACCAAGATTGACAGGCGATCTGGTAAGGAGCTTGAGAAGGAGCCTAAGTTCTTGAAGAATGGTGTGATGC
TGGTATGATTAAGATGGTTCCGACCAAGCCCATGGTTGTGGAAACTTTCTCCGAGTACCCTCCACTTGGACGTTTTTGCCTTAGGGACATGAGACAGACTGTTGCTGTTGGTGTGA
TCAAGAGTGTGGAGAAGAAGGACCCAACTGGAGCCAAGGTGACGAAGTCTGCTGCCAAGAAGGGCAAGTGAACCTCAGGGGATTTTGTGATTCAACAACAGTTTTATCATGGTTAC
TACAATAAACTTTGGTTTCAATGTTAGTAGGTCATCACTGGACGTTTAGTTACATGTTTTAATGGTTTACCCTCATCTCTTGGATATTGGTCCCAGAACGGGTTCTTGATAGGCG
GTGGTGAGGTTTTATCTTTGGAGTTTCAATGTTGTCATCATTAATGTTTATTTATGCCCTTATCGAGCTATAAACTTCTTGATATTTTTTGTCCCATTTTTCCACCAAAGTGGTCTCG
AGCTTTAGGCTGTTTCCCTGGGCTCCGTTCCCTTCACTCAATGTTCTATCTAAACGTTTTTATATTATACAACCTTAAAACTTGTTTTCTGTTTTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|74486743|gb|DQ174258.1| Gossypium hirsutum translation elongation factor 1A-9 (EF1A9) mRNA, complete cds

ATGGGTAAGGAGAAGGTTCCACATCAACATTGTTGTCAATTGGCCATGTTGACTCTGGAAAAGTCAACCACAACAGGTCACCTTGATCTACAAGCTTGGAGGTATTGACAAGCGTGTGAT
CGAGAGGTTTCGAGAAGGAAGCTGCTGAGATGAACAAAAGGTCATTCAAGTATGCCTGGGTGCTCGACAAAATTGAAGGCTGAGCGTGAGCGTGGTATCACCATTGATATTGCCCTTGT
GGAAGTTTGAGACGACCAAGTACTACTGCACGTGCAATTGATGCTCCTGGACATCGCGACTTTTATTAAGAATATGATTACGGGTACTTCTCAAGCTGACTGTGCTGCTTATCATT
GACTCCACAACCTGGAGGTTTTGAAGCTGGTATTTCCAAGGATGGGCAGACCCGTGAGCATGCTCTCCTTGCCTTCACCCCTTGGTGTCAAACAAATGATTTGCTGCTGCAACAAGAT
GGATGCCACAACCCCAAGTACTCAAAGGCAAGGTATGATGAAATGTTAAGGAAGTTTCTTCTTACCTGAAGAAGGTTGGCTACAACCCCTGAGAAGATTCATTCGTCGCCATCT
CTGGTTTTGAGGGTGACAACATGATTGAGAGGTCCACCAACCTCGATTGGTACAAGGGTCCAACCCCTCCTTGAAGGCTCTTGACCAGATCAATGAGCCCAAGAGACCCCTCTGACAAG
CCCCCTCCGTCTCCCCTTCCAGGATGCTTACAAGATTGGTGGTATTGGAACCTGTCACAGTGGGTGCTGTTGAACTGGAATCCTCAAGCCTGGAATGGTGTACATTCGGACCTTC
TGGATTGACCCTGAAGTTAAGTCTGTTGAGATGCATCATGAAGCTCTTCAAGAGGCTCTTCCCTGGTGACAATGTTGGGTTCAATGTGAAGAATGTTGCTGTCAAGGATCTCAAGC
GTGGATATGTTGCCCTCCAACCTCCAAGGATGATCCTGCCAAGGAGGCAGCCAACCTCACCTCCCAAGTTATCATCATGAACCACCCAGGACAGATTTGGAATGGCTATGCACCGGTC
CTCGATTGCCACACCTCCCATATTGCTGTCAAGTTTGCAGAGCTCTTGACCAAGATTGACAGGCGATCTGGTAAGGAGCTTGAGAAGGAGCCTAAGTTCTTGAAGAATGGTGTATGC
TGGTATGATTAAGATTGGTTCCGACCAAGCCATGCTTGTGGAACTTTCTCCGAGTACCCTTGAGCTTTTGGCCGTTTAGGGACATGAGACAGACTGTTGCTGTTGGTGTGA
TCAAGAGTGTGGAGAAGAAGGACCCAACTGGAGCCAAGGTGACGAAGTCTGCTGCCAAGAAGGGCAAGTGAACCTCGGGATTTTGTGATTTCGACAAAAGTTTATCATGTTACTC
CAATGAAATTTGGTTCAATGTTAGTAGGTCCATCACTGGACGTTTTAGTTACATGTTTTAATGCTTACCCTCATCTCTTGGATATTGTTCCAGAACTGGGTTCTTGATAGGCGGTG
TGAGGTTTTATTTGGAGTCAATAGTGTGTATTAATATTTATGCGTTTATCGAGCTATAAGCTCCTTGATAGTTTTTGTTCCTCCGTTTTTCCACCAAAGTGGTCTCGGAGCT
TTAGGTCTGTTCTGGGCTCCTTTCTTCACTCAATGTTCTATCTACACGTTTTTATATTATCCAACCTCTAAAACCTTGTTTCTGTTTTATTTAAAAA

>gi|3420238|gb|AF059484.1| Gossypium hirsutum actin gene, complete cds

ATTGTTGTGATGTTGTTCTTATTTCCACGTTTTAGTTATTACAAGATGGCTGATGGTGAAGATATTCAACCCTTGTCTGCGACAATGGAACCTGGAATGGTCAAGGTAACAGTTT
AGGATACCTTATCATGTTTCATATATATATGATATTTTCTAATGATGTGTTTCTCTTTTTTAGGCTGGATTTGCTGGTGACGATGCTCCAAGGGCTGTGTTCCCTAGCATCGTGG
GGCGTCCACGTCACACTGGTGTGATGGTTGGTATGGGTCAAAAAGATGCATATGTTGGGGATGAGGCTCAGTCCAAAACGTGGTATTTTAACTCTGAAGTATCCGATTGAACACGGT
ATTGTTAAACAACCTGGGATGATATGGAAAAGATTTGGCATCATACCTTTTTATAATGAACCTTCGTGTGGCTCCAGAAGAACATCCGGTTCTTCTTACCGAGGCACCTCTTAAACCTAA
AGCCAATCGTGAGAAAATGACCCAAATCATGTTTGGAGACCTTCAATGCACCGGCTATGTATGTTGCTATCCAGGCTGTTCTCTCCCTATATGCCAGTGGTTCGTACAACCTGGTAAAGT
AATTTTTTACTGCAATCCATCTATGTTCTCTGATTTTGGGGTAAAGTCTTGGATAAGGGTAAACTCAATCGTTTTCTATGTTTTTCCATACATTTAGAGGGATGGACTTGGAGTTCGA
TCTTTATATCCTTTATCTAGATATGTGCTGGATACATGTATTTATGGAAAAATGAAGATGCGGACGAATATGGCTCTTAGTATCTTGGATAAAAACCTTGAGTTAATTTATGGAAGAAT
TTGAAGTGCCTGATGGTGTATCCCATTTCTACCTATAAATTAGTACTTTGCTCATTTTTTATCTATTAACCATTTCTCTAAAACCTTGGATGTAGGTATTGTTTTGGACTCTGGAGAT
GGGGTGAGTCACTGTCCCATATATGAAGGATATGCCCTCCCTCATGCCATCCTCCGCTCTGACTTAGCGGGTCTGATCTTACTGATGCCCTTATGAAAATCTTGAAGTGAACG
TGTTTATTCATTCACCCTACAGCTGAGCGTGAATTTGTGAGGGATGTGAAAGAGAAGCTGGCATATATTGCACTCGACTATGAACAAGAGCTAGAAAACCTCCAAAACCTAGTTCTT
CCATTGAGAAGAGCTACGAGTTGCCGATGGCCAAGTATCACCATCGGCGCTGAGCGCTTCCGATGCCAGAAAGTCTTTTCCAACCTTCCATGATTGGAATGGAAGCTGCTGGC
ATTCATGAAACCACGTACAACCTTATCATGAAGTGCATGTCGACATTAGGAAGGATTTGTATGGAAACATTTGTTCTCAGTGGTGGAACTACTATGTTCCCTGGAATGCTGATAG
AATGAGCAAGGAAATCCTGCTTAGCCCAAGCAGCATGAAAATTAAGGTGGTGGCTCCACCTGAAAGGAAATACAGTGTCTGGATTGGAGGCTCCATCTTAGCATCTCTCAGTA
CTTTCCAGCAGGTATTGTTCACTTAAACAGACTAAATGCTTTAACTCTTACAAAACAGAGGCGTTTCTCAAAAATTTCTAGCATTTTTTCCAGGGCTAAAACATAAATTTTACCATTTAAAA
TTTATGAACTTTGAGGGGTCTAAAGAAGCAATTTCCCATTCGCCCCCTGCTTATAAATCAGTCCGGACTGTGAGGGATTTTTAGTTTCTTGTGCTTCAAGAAATTCGATTTTCCAGA
AACTATTAGGTTAATTACACATGATAGAACAACATTCGTATATTTTTGATCTTGTATTCGGTTTTTAGTCATATTCGTACTGAAAACATCTACTCATTTGTGATCGGAATACAGATGT
GGATTGCTAAGGCGGAGTACGATGAATCCGGCCCCCTATTTGTGCACAGGAAGTCTTCTAATTTCTTCAAAGAGTGCAGAGGGCGCAAAAGTAATG

>gi|32186887|gb|AY305723.1| Gossypium hirsutum actin (ACT1) mRNA, complete cds

CAGTATTGTAAGATGGCCGACGGTGAGGCTATTCAACCCCTCGTCTGTGATAATGGAACCTGGAATGGTGAAGGCCGGTTTTGCTGGTGATGATGCTCCAAGGGCAGTTTTTCCC
AGTATCGTTGGTTCGTCCTCCCGGCACACTGGTGTATGGTTGGGATGGGTCAGAAGGATGCCTATGTAGGAGATGAAGCACAATCTAAAGGAGGTATCCTTACTTTGAAATATCCTAT
TGAGCATGGTATTGTGAGCAATTGGGATGATATGGAAAAGATCTGGCATCATACATTCTACAACGAACTCCGTGTTGTTCCCTGAGGAGCTCCCTGTGCTACTCACGGAAACACCTC
TCAACCCCAAGGCCAATAGAGAAAAGAAGACTCAGATCATGTTTGAGACCTTCAATGTACCTGCTATGTATGTTGCCATCCAGGCCGTTCTCTCTCTGTATGCCAGTGGTTCGTACA
ACAGGTATTGTGCTGGATTCCGGTGATGGTGTTCCTCACATCGTGCCAATCTATGAAGGATATGCCCTTCCACATGCCATCCTCCGTCTTGACCTTGACAGGTGCTGATCTAACCGA
TGCCTTGATGAAGATCTTACCAGAGAGAGTTACATGTTACCACCCTGCTGAACGGGAAATTTGCCGTCACATGAAAAGAGAAGCTTGCCTTATGTTGCCCTGGACTATGAGCAGG
AGCTGGAGACTGCCAAGAGCAGCTCATCTGTTGAGAAGAACATATGAGTTGCCGACGGACAAGTTATTACTATTGAAGCTGAGAGATTCCGTTGCCCGGAAAGTCCCTCTCCAGCCA
TCTTTTATCGGGATGGAAGCTGCTGGAATCCATGAACTACCTACAACCTATCATGAAGTGTGATGTGGATATCAGGAAGGATCTCTACGGTAACATTGTGCTCAGTGGGGGTTT
AACCATGTTCCCGGTATTCAGACCCGATGAGCAAGGAGATCAGTGCACCTTGCCTCAAGCAGCATGAAGATTAAGGTCCGTTGCGCCACCAGAGAGAAAAGTACAGTGTCTGGATTG
GAGGATCTATCTTGGCATCACTCAGCACCTTCCAGCAGATGTGGATTTCCAAAGGGTGAGTATGATGAATCCGGTCCATCCATTGTCCACAGGAAGTGCCTCTAAGTTTTGTAATTG
CTTTTGATGGTGTACTACATTTTGCATTTAGTTGGCTCTTTTTTGGCGTCCGCTCAAGTGAACCTCAAAAAGTCTGGTTTTATGTGCGGGAAGTTAGGGATCATTGTAGGATGGTGT
ACCTGATATTGACGTATTATTTATTTTAGCCTTTTACCCTATCACCACCTAAGCTGATGGGCCCTAAGGAGATGGCGGTGGACGGACAATTGGTGCCTTAATTCCTCCCTACAAT
CCATCTTTGAACCATGCTGCTTAAAAGGATGTTTGGAGCGGGAGACTGGATTGTGGTGCCTTTTATTTTTTTTATTTTAAATTTCAAGGTTTTTGAGAACATTAATGTTAATAGC
TATTATTGTACGAGATTTTTTTTAAAAAAGTTAGTCCCAGTTTGCAGGTTTCAACTTCTGGGAAAATTTATTTTAAATAAAAATCATATTGTGAATCCTTTTTTGTAAAAA
AAAAAAAAAAAA

>gi|4733945|gb|U73588.2| Gossypium hirsutum sucrose synthase mRNA, complete cds

ATGGCTGAGCGTGCCTCACTCGCGTCCACAGTCTCCGTGAGCGTTTGGATGAGACCTTCTTGCTCACAGGAACGAGATTTTGGCCTTGCTCTCAAGGATCGAGGGCAAAGGAAA
AGGAATTCGCAACACCATCAAATTTATCTAGAGTTTGAAGCTATCCCTGAAGAGAACAGAAAAGGCTCGCTAATGGTGCATTTTTTGAAGTATTGAAGGCTAGTCAGGAAGCGA
TCGTGTTGCCCTCCATGGGTTGCACCTTGCCTGTTCTGTTCCAAGCCCTGGTGTGGGAGTACATTAGAGTGAATGTTACGCCCCTGTTGTTGAGGAACTCACTGTTGCTGAGTATCTC
CACTTCAAGGAAGAGCTTGTGATGGAAGTTCAAATGGAACCTTTGTTTTGGAATTTGGATTTTGGAGCCCTTCAACTCATCATTTCCCCCGCCCAACTCTTCAAATCCATTGGTAA
TGGTGTGGAGTTCCATAATCGTCACTTTTCCGCAAAATTTGTTCCATGACAAGGAGAGCATGCACCCTTTGCTCGAATTCCTCAGAGTCCATTGTCACAAGGGCAAGAACATGATGT
TGAATGACAGAATTCAGAACTTGAATGCTCTTCAACATGTTTTGAGGAAAGCAGAGGAGTATCTTGGTACCCTACCTCCTGAGACACCATGTGCCGAATTCGAACACCGGTTCCAG
GAAATCGGTTTGGAAAGAGGTTGGGGTGACACCGCAGAACGCGTGTCTGAGATGATCCAACCTCTTTTGGATCTTCTTGAGGCAACTGATCCTTGCAACCCTTGAGAAGTTCCCTGG
GAGAATCCCCATGGTGTTCATGTTGTGATTTCTCACTCCCCACGGATACTTCCGCTCAAGACAATGTTTTGGGGTATCCCGACACCGGTGGGCAGGTTGTTTACATCTTGGATCAAG
TCCGAGCTTTGGAGAATGAGATGCTCCCTCCGTATAAAGCAACAAGGACTCAACATCACCCTCGAATCCTCATTATTACTAGACTTCTTCTGATGCTGTCGGAACAACATGCGGT
CAACGACTTGAGAAAGTATACGGAACAGAGCACCTCGGATATTTCTCGAGTACCCTCAGAACAGAAAAGGGAAATGTTTCGAAAATGGATCTCAAGATTTGAAAAAGTCTGGCCATA
CTTGGAAACCTACACAGAGGATGTTGCTCATGAAATCTCCAAAGAGTTGACGGCACGCCAGATCTGATCATCGGAAACNACAGCGACGGCAATATCGTGCCTCCTTGCTCGCAC
ATAAATTAGGTGTCACACAGTGCACCATCGCCATGCTTTGGAGAAGACAAAATATCCAGATTCAGATATCTATTGGAAGAAGCTTGAAGACAAAATACCATTTCTCTTGCCAAATTT
ACAGCTGATCTTTTTGCAATGAACCATACAGATTTTCACTACCTTCCAGGAAATTCAGGAAGCAAGGACACTGTTGGTCAATACGAGAGCCACACTGCTTTCACTCT
TCCCTGGTCTCTACCGTGTGTTGATCATGGTATCGATGTTTGTATCCCAAATTAACATTTTCCCTGGTGTGATATGGAGATATACTTCCCTTACACCGAAGAGAAGCGGAGGT
TGAAGCATTTCCATCCTGAGATCGAAGACCTTTCTTTACACCAAAGTTGAGAATGAAGAACACTTATGTTGTGCTCAATGACCGCAACAAGCCAAATTTCTGTTCACAATGCCAAGGCTT
GATCGTGTCAAGAACCTAACCGGACTCGTCTGAGTGGTGCAGCAAGAACCCAAAGTTGCGTGTGAGTTGGCTAACCTCGTAGTTGTAGGTGGTGTAGGCGAAAAGGAATCTAAAGATTT
GGAAGAGAAGGCTGAAATGAAGAAAATGTTTGGAGCTGATCGACAAGTACAACCTTGAACGGCCAAATTCAGATGGATATCATCTCAAATGAACAGAAATCCGAAATGTTGAACTTTACC
GATACATTTGCGACACGAAAGGTGCCCTTTGTACAGCTGCTATGATGAAGCTTTGGATTGACAGTTGTGGAGGCAATGACTTGCAGGTTTGCCTAACATTCGCAACCTGTAACGGT
GGACCAGCCGAGATTTATGTTCCATGGGAAATCTGGTTTCAACATTTGATCCTTACCATGGTGTGATCAAGCTGCTGACATACTCGTTCGATTTCTTTGAAAAGTGTAAAGAAAGATCCATC
TCACTGGGATAAGATCTCCCAAGGAGGCTTGAACGAATAGAGGAGAAGTATACATGGAAGATTTACTCGGAGAGACTATTGACCCTGACAGGAGTGTATGGATTCTGGAAGCATG

TTTCCAACCTTGAACGCCGTGAGAGTCGTCGTTACCTTGAGATGTTTTATGCTCTTAAGTACCGTAAGCTGGCTGAATCAGTTCCATTGGCAGAGGAGTAAATTGAACCTGTTAAA
TAACATTGGGCCGGTTTTTCTTGGAGAATAATATTCTGTTTTGTAAATTTCAATTGGAGAAGCTCCTTTGTATTTCATCTTGTCTTTTCTTTTCTTTTTCGCCGGCATTGTTTG
AACATGGGGTTGTGCGCCCGTCAATTCAGTTAAATATGGTGACTTTTTGTTTTTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

>gi|317172965|gb|HQ525184.1| Gossypium herbaceum clone NBRI_Gh_C_4278 simple sequence repeat marker, mRNA sequence

TGGTTCAGAAAGAAGGGAAAGAGTGGGAAAAAAAAAACATTTGACAAGAAGAGGGCAGCTAAGAGAACTGAATCGACCATCCCTATTTTCAATATGGAAGACATTGAGGAGGGTGT
AGAAGGATATGAGGAAGAAAGATCTCTTCATGTCFCAGAAGAGACTAGAGAAGCGATTTGGTCAGTCACCGGTATTTATCGCTGCTACCTTCATGGAACAAGGAGGCATTCCAC
CATCAACCAATCCTGCAACACTTTTAAAAAGAAG

>gi|242205329|gb|GQ200734.1| Gossypium hirsutum cultivar Xu-142 cellulose synthase catalytic subunit (cesA7) mRNA,
partial cds

GCACGAGGAGCTCCTGAGTTTTCTTTTGCTCAAAAGATTGATTATCTAAAGGACAAGATAAAGCCTTCTTTTGTCAAGGAGCGTCGTGCAATGAAGAGAGAATATGAAGAATTCAA
GGTGC GGATCAATGCCCTTGTGGCAAAGCTCAGAAAATGCCGTAAGAAGGTTGGACAATGCAGGATGGAACGCCATGGCCGGAAACAACCCGAGAGATCATCCAGGAATGATAC
AGGTGTTTTCTAGGACATAGTGGGGGACTCGATACTGATGGAAATGAGCTACCTCGCCTTATCTATGTTTTCTCGTGAGAAGCGACCTGGCTTCCAACACCACAAAAAGCTGGAGCC
ATGAATGCTTTGATTTCGAGTTTCAGCTGTTCTTACCAATGGGGCATAATTTGTTGAATGTGATTCGATTCATTAACAGTAAAGCTCTTAAAGAAGCAATGTGTTTCAT
GATGGATCCTGCCATGGAAGGAAGACGTGCTATGTGCAGTTCCCTCAACGTTTTGATGGCATTGACTTGCACGATCGATAAGCAATAGGAATATTGTGTTCTTTGATATTAAC
TGAAAGGGTTAGATGGCATCCAAGGTCCTGTCTATGTGGAACTGGTTGCTGTTTCAACAGGCAAGCTCTATATGGGTATGATCCGGTTCGACAGAAGCAGATTTGGAACCAAA
ATTTATTGTTAAGAGTTGTTGTGGTTCAAGAAAGAAGGGAAAGAGTGGGAATAAAAAATACATTGACAAGAAGAGGGCAGCTAAGAGAACTGAATCGACCATCCCTATTTTCAATAT
GGAAGACATTGAGGAGGGTGTAGAAGGATATGAGGAAGAAAGATCTCTTCTCATGTCFCAGAAGAGACTAGAGAAGCGATTTGGTCAATCCCCGTATTTATCGCTGCTACCTTCA
TGGAACAAGGAGGCATTCCACCATCAACCAATCCTGCAACGCTTTTAAAAAGAAGCAATCCATGTAATTAGTTGTGGATATGAGGACAAGACTGAATGGGGCAAGGAGATTGGATGG
ATTTATGGTTCGTGTTACAGAAGATATTTTACTGGTTTTTAAAGATGCATGCCCGCGGGTGGATATCAATTTATTGCATGCCCTCCTCGTCCAGCATTCAGGGATCTGCTCCTATCAA
TCTTTCTGATCGTTTGAACCAAGTGCTTCGATGGGCCTTGGGTTCTATTGAGATTTTGTGCTGAGTAGACATTGCCCCATATGGTATGGTTACAAAGGAAGATTGAGGCTTCTGGAGA
GACTGGCATAACATTAACACCATTGTTTACCCCTCACCTCTATTCCTTTGCTTGTCTTATTGTATGCTTCCCTGCTTTTGGCTTCTGACAGGAAAAATTTATCATTCCTGAGATAAGC
AACTTTGCTAGCATGTGGTTCAATCTCCTTTTCTGCTCCATTTTTGCTACTGGAATTTCTTGGAGCTTAGGTGGAGTGGTGTGAGTATCGAAGACTGGTGGAGAAACGAACAGTTCTG
GGTCATTTGGTGGGACATCAGCTCATCTCTTTGCTGTTTTCCAGGGACTTCTGAAAGTGCCTTGTGGAATAGATAACCAACTTCACTGTCACTTCAAAGGCGTCTGATGATGATGGCG
ATTTTGGCCGAACTTTATGTTTTCAAATGGACATCACCTTCTCATTCCTCCAACCACAGTACTCATTATCAACCTGGTGGGCAATTTGGCCGGCGTGTGATGCTATAAACAGTGGT
TACCAATCCTGGGGTCCCTCTTTTGGCAAGCTTTTCTTTGCCATCTGGGTGATTGCTCATTTGTATCCTTTCTTGAAGGTTTGGTGGGTGCTGCTAAAATCGTACCCCAACAATGT
CATCGTGTGGTCTATACTTCTGGCTTCCATCTTCTCATTTGCTGTGGGTGCGTATCGACCCCTTCACTCAGAAGCTACAAAAGCTGCTGCTAATGGTCAATGTGGCATCAACTGTT
AGTTTTCGTTTTCCGGATTATTTTATTCCAGTAAACCTCTCTCCTTCAAGTTGGATATTGTGTATATAACCAAGGAAAAAGAGA

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Adı, soyadı : Gülay ZULKADİR
Uyruğu : T.C.
Doğum tarihi ve yeri : 11.10.1985 Kahramanmaraş
Medeni hali : Bekar
Telefon : 0 (507) 995 29 58
e-posta : gulayzulkadir@hotmail.com

Eğitim

Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet tarihi
Yüksek lisans	KSÜ /Biyomühendislik ve Bilimleri	2011
Lisans	KSÜ/ Biyoloji bölümü	2008
Lise	Yabancı Dil Ağırlıklı Fatih Lisesi	2004

İş Deneyimi

Yıl	Yer	Görev
2008-2008	(Özel) Mostaş Hastanesi	Laborant

Yabancı Dil

İngilizce