



T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KAHRAMANMARAŞ KOŞULLARINDA YEREL CİN  
MISIR (*Zea mays everta*) POPULASYONLARININ  
MORFOLOJİK, AGRONOMİK VE KALİTE  
ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ VE DNA  
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLER İLE  
KARAKTERİZASYONU**

**GÜLAY ZULKADİR**

**DOKTORA TEZİ  
TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI**

**KAHRAMANMARAŞ 2018**

T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**KAHRAMANMARAŞ KOŞULLARINDA YEREL CİN  
MISIR (*Zea mays everta*) POPULASYONLARININ  
MORFOLOJİK, AGRONOMİK VE KALİTE  
ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ VE DNA  
MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLER İLE  
KARAKTERİZASYONU**

**GÜLAY ZULKADİR**

**Bu tez,  
Tarla Bitkileri Anabilim Dalında  
DOKTORA  
derecesi için hazırlanmıştır.**

**KAHRAMANMARAŞ 2018**

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Gülay ZULKADİR tarafından hazırlanan “KAHRAMANMARAŞ KOŞULLARINDA YEREL CİN MISIR (*Zea mays everta*) POPULASYONLARININ MORFOLOJİK, AGRONOMİK VE KALİTE ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ VE DNA MOLEKÜLER İŞARETLEYİCİLER İLE KARAKTERİZASYONU” adlı bu tez, jürimiz tarafından 08/02/2018 tarihinde **oy birliği** / oy çokluğu ile Tarla Bitkileri Anabilim Dalında Yüksek Lisans / Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Leyla İDİKUT

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, KSÜ

Prof. Dr. Mustafa ÇÖLKESEN

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, KSÜ

Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, KSÜ


Prof. Dr. Hüseyin GÖZÜBENLİ

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Mustafa Kemal Üni.

Prof. Dr. Mehmet ATAĞ

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Mustafa Kemal Üni.











Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylıyorum.

Doç.Dr. MUSTAFA ŞEKKELİ

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, alıntı yapılan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

**Gülay ZULKADİR**



Bu çalışma Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No:2014/3-27 D

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.

**KAHRAMANMARAŞ KOŞULLARINDA YEREL CİN MISIR (*Zea mays everta*)  
POPULASYONLARININ MORFOLOJİK, AGRONOMİK VE KALİTE  
ÖZELLİKLERİNİN BELİRLENMESİ VE DNA MOLEKÜLER  
İŞARETLEYİCİLER İLE KARAKTERİZASYONU**

**(DOKTORA TEZİ)**

**GÜLAY ZULKADİR**

**ÖZET**

Türkiye' nin her bölgesinde, tarımla uğraşan çiftçiler tarafından uzun yıllardan beri aile gereksinimini karşılamak amacıyla cin mısırı yetiştiriciliği yapılmaktadır. Bu çalışmada; Türkiye'nin farklı bölgelerinden temin edilen 34 yerel cin mısır (*Zea mays everta*) populasyonu ve standart çeşit olan Nermin Cin kullanılmıştır. Yerel cin mısır populasyonlarında morfolojik, agronomik ve kalite özelliklerinin incelenmesi ve 20 SSR markörü kullanılarak genetik çeşitliliğin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Çalışmada incelenen özelliklerden tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, bitkide sap kalınlığı, bitkide yaprak sayısı, üçüncü yaprak açısı, üçüncü yaprak alanı, bitki başına koçan sayısı, koçan uzunluğu, koçan kalınlığı, koçanda sıra sayısı, koçan sırasında tane sayısı, koçanda tane ağırlığı, koçanda tane oranı, tane verimi, bin tane ağırlığı, patlama hacmi, patlayan tane oranı, patlamayan tane oranı, tanede protein oranı, tanede nişasta oranı, tanede yağ oranı, tanede kuru madde oranı bakımından tüm genotipler arası farklılık istatistiksel olarak ( $p<0.01$ ) önemli bulunmuştur. Yıllar açısından koçan sırasında tane sayısı ve tanede yağ oranı özellikleri düşük varyasyon ( $p<0.05$ ) görülmüştür. Yıl x genotip interaksyonu açısından tepe ve koçan püskülü çıkış sürelerinin haricinde ki diğer özelliklerin istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu belirlenmiştir.

İncelediğimiz özelliklerden bitkisel ve kalite kriterleri yönünden önemlilik arz eden bazı özelliklerden tepe püskülü çıkışını en erken 35 nolu populasyondan, en geç 12 nolu populasyondan; bitki başına koçan sayısı en fazla 2, 16 ve 6 nolu populasyonlardan, en az 28 nolu populasyondan; tane verimi en fazla 34 ve 22, en az 30 ve 15 nolu populasyonlardan; patlama hacmi en fazla 5, en az 32 nolu populasyondan; patlayan tane oranı en fazla 16, en az 26 nolu populasyonlardan elde edilmiştir. Araştırma sonucunda tüm genotiplerin bölgede yetiştirilebileceği, 34, 22, 3, 17, 6, 25, 7, 4 ve 19 nolu genotiplerin 750 kg da<sup>-1</sup> üzerinde verim değerine sahip olduğu ve patlama hacmi yönünden 20 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> üzerinde olan 5, 2, 29, 31, 24, 3, 28 ve 21 nolu genotipler olduğu belirlenmiştir.

Tüm özellikler toplu olarak değerlendirildiğinde birbirine benzerlik yönünden en yakın olan populasyonların öncelikle 3 (Balıkesir-Sarı) ve 7 (Eskişehir-Sarı); daha sonra 22 (Eskişehir-Sarı) ve 35 (Muğla-Beyaz) nolu populasyonlar olduğu belirlenmiştir. Birbirleri ile benzerliği en az olan populasyonlar öncelikle 1 (Çanakkale-Sarı) ve 22 (Eskişehir-Sarı), daha sonra 1 (Çanakkale-Sarı) ve 11 (Eskişehir-Turuncu) nolu populasyonlar olmuştur.

Her populasyondan 5 adet bitki seçilerek 175 genotipin moleküler analizi sonucunda toplam 66 adet allel elde edilmiş, bu allellerden 65 adetinin polimorfizm

gösterdiği ve polimorfizm oranının % 98.5 olduğu kaydedilmiştir. Kullanılan 20 SSR primerinde 19 adeti polimorfik olurken geriye kalan 1 SSR primeri (phi084) ise monomorfik özellik gösterdiği belirlenmiştir. Her SSR lokusu için ortalama allel sayısı 3.3 bulunmuş olup, allel sayısı 1 ile 5 arasında değişim göstermiştir. PIC değeri SSR lokusları için ortalama 0.57 hesaplanmış olup 0.00 ile 0.89 arasında değişmiştir.

Genotiplere ait polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi sırasıyla 29-47 ve % 43.94-71.21 arasında değişmekle birlikte ortalama 39.114 ve % 59.265 olduğu belirlenmiştir. Primerlerin oluşturduğu 66 lokusta gözlenen allel sayısı (na) 1 ile 2 arasında değişmiş ve ortalama gözlenen allel sayısı 1.99 olarak tespit edilmiştir. Etkili allel sayısının (ne) lokuslar arasında 1.00-1.99 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 1.65 olduğu belirlenmiştir. Gen frekanslarının  $f_0$  değerleri 0 ile 0.98 arasında değişmiş ve ortalama  $f_0$  değeri 0.58 olmuştur.  $f_1$  0.02 ile 1.00 arasında değiştiği, ortalama  $f_1$  değerinin 0.42 olduğu tespit edilmiştir. Toplam genetik çeşitlilik değerlendirildiğinde lokusların 0.13 ile 0.50 arasında değişiklik gösterdiği, ortalama olarak 0.36 olduğu tespit edilmiştir. Lokuslar arasında popülasyon içi genetik çeşitlilik değerlerinin tüm lokuslar için 0.00-0.421 arasında değiştiği, genetik farklılaşmanın 0.129-0.671 arasında değiştiği ve buna bağlı olarak lokuslarda ki gen akışı değerlerinin 0.246-3.377 arasında değiştiği belirlenmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarından elde edilen filogenetik ağaçta genetik değişim miktarı 0.05 olarak belirlenmiş ve genotipler arası genetik farklılığın % 14.7-97.1 arasında değiştiği gözlenmiştir. Genotipler arasındaki buna göre en düşük genetik uzaklık değeri % 14.7 ile Eskişehir-Balıkesir (8-9), Kastamonu-Eskişehir (18-22) ve Ordu/Kovanlı-Muğla (33-34) popülasyonları arasında gözlenirken, en yüksek genetik uzaklık değeri % 97.1 ile Afyon-Tokat (15-26) popülasyonları arasında gözlenmiştir.

Mısır bitkisi açık tozlanan genetik yapıya sahip olduğundan araştırmada kullanılan cin mısır genotiplerinin incelenen özellikler yönünden birbirleri ile bağlantılı gruplar oluşturması ve zengin varyasyon yaratması çalışmamızın doğruluğunu göstermektedir. Bu çalışma sonucunda araştırılan cin mısırı popülasyonunun ülkedeki genetik varyasyonu tespit edilmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Patlak mısır, yerel popülasyon, SSR markör.

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, 08/02/2018

Danışman: Prof. Dr. Leyla İDİKUT.

Sayfa sayısı: 316

**DETERMINATION OF MORPHOLOGICAL, AGRONOMIC AND QUALITY  
CHARACTERISTICS OF LANDRACES POPCORN (*Zea mays everta*)  
POPULATIONS IN KAHRAMANMARAŞ CONDITIONS AND  
THEIR CHARACTERIZATION WITH DNA MOLECULAR MARKERS**

**(PhD. THESIS)**

**GÜLAY ZULKADİR**

**ABSTRACT**

Popcorn cultivation has been performed by farmers in every region of Turkey for the purpose of meeting families' needs from many years. In this study; the standard variety (Nermin Cin) and 34 landraces popcorn (*Zea mays everta*) populations obtained from different regions of Turkey were used. Investigation of morphological, agronomical and quality-related features in these landraces popcorn populations as well as the determination of their genetic diversity by using 20 SSR markers were aimed.

Of the characteristics studied in the study, days to tasseling, days to silking, plant height, height of the first ear, stem diameter; number of leaf in plant, third leaf angle, third leaf area, number of ear per plant, length of ear, diameter of ear, number of rows per ear, number of grains per cob row, weight of grains per ear, ratio of grains per ear, grains of yield, 1000 grain weight, popping volume, popping grain ratio, not-popping grain ratio, protein ratio, starch ratio, fat ratio and dry matter content ratio were found to vary significantly ( $p < 0.01$ ) among all genotypes. In terms of years, the number of grains per ear row and the fat percentage characteristics showed a low variation ( $p < 0.05$ ). The other features except for the tasseling and silking times were determined as statistically significant with regard to year x genotype interaction.

Among the features examined, when the ones which are important for the botanical and quality criteria are considered, tasseling was found to be observed in population 35 earliest and in population 12 the latest while the number of ear per plant was counted as the highest in populations 2, 16 and 6 and the lowest in population 28. Besides, grain yield was at maximum in populations 34, 22 and 30, and it was at its minimum in population 15 whereas popping volume was the highest in population 5 and the lowest in 32. . As for popping grain ratio, the highest value was observed in population 16, and the lowest was in 26. At the end of the study, it was determined that all genotypes could be grown in the region and that genotypes numbered as 34, 22, 3, 17, 6, 25, 7, 4 and 19 had grain yields above 750 kg da<sup>-1</sup> and the popping volumes of the genotypes 5, 2, 29, 31, 24, 3, 28 and 21 were larger than 20 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>.

When the parameters were considered altogether, the most similar populations were found to be primarily 3 (Balıkesir-Yellow) and 7 (Eskişehir-Yellow) followed by 22 (Eskişehir-Yellow) and 35 (Muğla-Beyaz). The least similar of the populations were observed mainly between 1 (Çanakkale-Yellow) and 22 (Eskişehir-Yellow), and between 1 (Çanakkale-Yellow) and 11 (Eskişehir-Orange) .

As a result of molecular analysis of 175 genotypes gathered by picking 5 plants from each population, it was recorded that a total of 66 alleles was obtained, out of these

alleles, 65 of these alleles showed polymorphism and the polymorphism rate was 98.5%. Among 20 SSR primers used in the study, the numbers of the polymorphic and monomorphic ones were determined as 19 SSR and 1 SSR (phi084), respectively. The average number of alleles for each SSR locus was 3.3, and the number varied from 1 to 5. The PIC value was calculated to be 0.57 for SSR locus and ranged from 0.00 to 0.89.

It was determined that the number and percentage of polymorphic loci of the genotypes varied between 29 and 47 and between 43.94 and 71.21%, respectively while the mean values were calculated as 39.114 and 59.265 %. The number of alleles ( $n_a$ ) observed in 66 locus formed by primers ranged from 1 to 2 and the average number of the observed alleles was determined as 1.99. The average of effective alleles number ( $n_e$ ) were founded to be 1.65, ranging from 1.00 to 1.99 loci. The  $f_0$  values of the gene frequencies ranged from 0 to 0.98 and the mean  $f_0$  value was 0.58.  $f_1$  varied between 0.02 and 1.00, and the average  $f_1$  value was 0.42. When total genetic diversity was evaluated, it was detected that the loci ranged from 0.13 to 0.50. the average value was 0.36. Additionally, it was observed that the intra-population genetic diversity values for all loci were varied between 0.00 and 0.421, the genetic differentiation was ranged from 0.129 to 0.671, and consequently, the values of gene flow were between 0.246 and 3.377.

The amount of genetic change in the phylogenetic tree obtained from landraces popcorn populations was determined as 0.05, and the genetic difference between genotypes varied between 14.7-97.1%. According to this, the lowest genetic distance among genotypes was observed between Eskişehir-Balıkesir (8-9), Kastamonu-Eskişehir (18-22) and Ordu / Kovanlı-Muğla (33-34) as %14.7. The highest genetic distance value, %97.1, on the other hand, was observed among of Afyon-Tokat (15-26) populations.

Since the maize plant has an open dusty genetic structure, the facts that popcorn genotypes generated related groups in terms of the features studied and created a rich variation have proven the accuracy of our research. As a result of this study, the genetic variation of popcorn populations investigated in the country has been determined.

**Keywords:** Pop corn, landraces population, SSR marker.

Kahramanmaraş Sütçü İmam University  
Institute for Graduate Studies in Science and Technology  
Department of Crop Field, 08/02 / 2018

Supervisor: Prof. Dr. Leyla İDİKUT

Page number: 316



## TEŐEKKÜR

Bu tez alıőması sűresince engin bilgi ve tecrűbelerinden faydalandıđım ve alıőmamın her aőamasında sađladıđı bilimsel katkılardan dolayı Prof. Dr. Leyla İDİKUT'a,

Arazi denemelerim esnasında yardım ve desteklerini esirgemeyen ok deđerli hocam Prof. Dr. Mustafa ÖLKESEN ve molekűler alıőmalarım esnasında bilimsel katkıları ile bana destek olan Do. Dr. Ziya DUMLUPINAR hocama,

Doktora űđrenimim boyunca yanımda yer almıő deđerli arkadaőlarıma ve dostlarıma,

Tűm hayatım ve eđitim sűrecim boyunca bugűnlere ulaőmamda sonsuz emekleri olan űncelikle anneciđim Sultan ZULKADİR, ok sevgili babam Tefvik ZULKADİR ile, desteklerini hibir zaman esirgemeyen kardeőlerim Yasemin (ZULKADİR) KÖYLű, Nuray ZULKADİR, Ali Samed ZULKADİR'e teőekkűr ederim.

**Gűlay ZULKADİR**

## İÇİNDEKİLER

	<b>Sayfa No</b>
ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	xi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xiv
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	4
2.1. Morfolojik ve Agronomik Çalışmalar.....	4
2.2. Moleküler Çalışmalar.....	15
3. MATERYAL ve METOD.....	33
3.1. Materyal.....	33
3.1.1. Bitki materyali.....	33
3.1.2. Deneme alanının toprak özellikleri.....	34
3.1.3. Deneme alanına ait iklim özellikleri.....	36
3.2. Metot.....	38
3.2.1. Morfolojik, agronomik ve kalite analizleri.....	39
3.2.1.1. Deneme planı.....	39
3.2.1.2. Ekim-bakım işleri.....	39
3.2.1.3. Araştırmada incelenen morfoloji, agronomik ve kalite özellikleri.....	42
3.2.1.4. Morfolojik, agronomik ve kalite özelliklerine ait verilerin değerlendirilmesi.....	47
3.2.2. Moleküler analizler.....	48
3.2.2.1. Yaprak örneklerinin hazırlanması.....	48
3.2.2.2. DNA izolasyonu.....	48

3.2.2.3	DNA konsantrasyon ayarı.....	49
3.2.2.4	Kullanılan primerler.....	50
3.2.2.5	Polimeraz zincir reaksiyonları.....	53
3.2.2.6	Moleküler analizlere ait verilerin değerlendirilmesi ...	54
4.	BULGULAR ve TARTIŞMA.....	57
4.1.	Morfolojik, Agronomik ve Kalite Özellikleri.....	57
4.1.1.	Tepe püskülü çıkış süresi (gün).....	57
4.1.2.	Koçan püskülü çıkış süresi (gün).....	62
4.1.3.	Bitki boyu (cm).....	68
4.1.4.	İlk koçan yüksekliği (cm).....	76
4.1.5.	Bitkide Sap Kalınlığı (mm).....	84
4.1.6.	Bitkide yaprak sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ).....	89
4.1.7.	Yaprak Açısı (°).....	94
4.1.8.	Üçüncü yaprak alanı (cm <sup>2</sup> ).....	99
4.1.9.	Bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ).....	104
4.1.10.	Koçan uzunluğu (cm).....	110
4.1.11.	Koçan kalınlığı (mm).....	115
4.1.12.	Koçanda sıra sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ).....	120
4.1.13.	Koçan sırasında tane sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ).....	127
4.1.14.	Koçanda tane ağırlığı (g koçan <sup>-1</sup> ).....	132
4.1.15.	Koçanda tane oranı (%).....	139
4.1.16.	Tane verimi (kg da <sup>-1</sup> ).....	144
4.1.17.	Bin tane ağırlığı (g).....	151
4.1.18.	Patlama hacmi (cm <sup>3</sup> g <sup>-1</sup> ).....	157
4.1.19.	Patlayan Tane Oranı (%).....	164
4.1.20.	Patlamayan Tane Oranı (%).....	169

	<b>Sayfa No</b>
4.1.21. Tanede protein oranı (%).....	176
4.1.22. Tanede nişasta oranı (%).....	181
4.1.23. Tanede Yağ Oranı (%).....	186
4.1.24. Tanede kuru madde miktarı oranı (%).....	191
4.1.25. Agro-morfolojik Tüm Özelliklerin İncelenmesi .....	195
4.2. Genotipler Arasında Genetik Farklılığın Belirlenmesi.....	197
4.3 Genotipik Verilere Göre Structure Analizi.....	213
4.4 Structure Analizine Göre Oluşturulan Gruplara Ait Filogenetik Ağaç ...	218
4.5 Popülasyonlar Arasında Moleküler Farklılıkların Morfolojik Analiz Sonuçları ile Kıyaslanması.....	220
5. SONUÇ ve ÖNERİLER.....	223
6. KAYNAKLAR.....	231
EKLER.....	260
ÖZGEÇMİŞ.....	287

## SİMGELER VE KISALTMALAR

**AFLP** : Amplified Fragment Length Polimorphisms

**ALP**: Alkalin Fosfataz

**AMY**: Amiloz

**AP-PCR**: Arbitrarily Primed Polymerase Chain Reaction

**Bç.** : Baz Çifti

**°C**: Santigrat Derece

**CAPS**: Kesilerek Çoğaltılmış Polimorfik Dizi (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence).

**CIMMYT**: The International Maize and Wheat Improvement Center

**DEX**: Dekstroz

**dH<sub>2</sub>O**: Distile Su

**DNA**: Deoksiribo Nükleik Asit

**EDTA**: Ethylene Diamine Tetra Asetik Asit

**EST**: Eksprese Dizi Etiketleri (Expressed Sequence Tags)

**EtOH**: Etanol

**F**: İleri (Forward)

**FAO**: Gıda-Tarım Organizasyonu (Food Agricultural Organization)

**GS**: Genetik benzerlik

**G<sub>st</sub>**: Genetik Farklılaşma Düzeyi

**H/I**: Shannon Bilgi İndeksi (Shannon's Information Index)

**h**: Genetik Çeşitlilik

**H<sub>e</sub>** : Gen Çeşitliliği

**H<sub>s</sub>**: Popülasyon İçi Genetik Çeşitlilik

**H<sub>t</sub>**: Toplam Genetik Çeşitlilik

**IGC**: Uluslar arası Jeoloji Kongresi (International Geological Congress)

**ISSR**: Kısa Dizi Tekrarları Arası (Inter-Simple Sequence Repeat)

**MAS**: Markörlere Dayalı Seleksiyon

**µl**: Mikro Litre

**mm**: Milimetre

**MRD**: Modifiye Roger Uzaklık

**MTA**: Maden, Tetkik ve Arama

**n**: Gözlenen Allel Sayısı

**ne:** Etkili Allel Sayısı  
**ng :** Nanogram  
**Nm:** Gen Akışı  
**Ort :** Ortalama  
**PER:** Perikarp  
**PCR :** Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)  
**PIC :** Polimorfik Bilgi İçeriği (Polymorphism Information Content)  
**POPGEN :** Populasyon Genetik Analiz Programı  
**QTL :** Quantitative Trait Loci  
**R :** Geri (Reverse)  
**RAPD :** Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (Random Amplified Polimorphic DNAs)  
**RFLP:** Kesilmiş Parça Uzunluğu Polimorfizmi (Restriction Fragment Length Polymorphism)  
**SNP:** Tek Nükleotit Polimorfizmi (Single Nucleotid Polymorphism)  
**SSAP:** Diziye Özgü Çoğaltılmış Polimorfizm (Sequence-Specific Amplified Polymorphism)  
**SSCP:** Tek İplikli Konformasyon Polimorfizmi (Single-Strand Conformation Polymorphism)  
**SSR:** Basit Dizi Tekrarları (Simple Sequence Repeats)  
**STS:** Dizi Etiketli Bölgeler (Sequence-tagged Sites)  
**SUC:** Sükroz  
**UHK:** Ulusal Hububat Konseyi  
**TBE:** Tris-Borate-EDTA  
**TÜİK:** Türkiye İstatistik Kurumu  
**UPGMA:** Unweighted Pair-Group Method with Arithmetical Averages  
**ÜSKİM:** Üniversite - Sanayi - Kamu İşbirliği Geliştirme, Uygulama ve Araştırma Merkezi

## ŞEKİLLER DİZİNİ

	<b>Sayfa No</b>
Şekil 3.1. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait yağış verileri.....	37
Şekil 3.2. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait ortalama sıcaklık verileri.....	37
Şekil 3.3. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait nispi nem verileri.....	38
Şekil 3.4. Ekim öncesi toprak hazırlığı ve ekim sonrası yağmurlama sistemi kurulumu.....	39
Şekil 3.5. Yerel mısır popülasyonlarının çıkışı ve el çapası ile yabancı ot temizliği.	40
Şekil 3.6. Yerel mısır popülasyonlarına ait bitkilerin 50-60 cm boylanması.....	40
Şekil 3.7. Yerel mısır popülasyonlarına ait bitkilerin çizgili yeşil kurt ilaçlaması ve listeri ile üst gübre uygulanması.....	41
Şekil 3.8. Denemeye ait genel bir görünüm.....	41
Şekil 3.9. Deneme hasatı ve koçanların danelenmesi.....	42
Şekil 3. 10. Denemeye ait bitkilerden birine ait koçan püskülü ve denemenin morfolojik özelliklerinin ölçümleri.....	43
Şekil 3.11. Denemeden elde edilen koçanlar.....	44
Şekil 3.12. Deneme materyalinin patlatma özelliklerine ait ölçümler ve patlatılmış mısır.....	46
Şekil 3.13. Deneme materyaline ait tane örnekleri ve tanelerin öğütülmüş hali.....	46
Şekil 3.14. Yaprak örneklerinin sıvı azot içerisinde öğütülmesi ve izolasyonun yapılması.....	49
Şekil 3.15. Yerel cin mısır popülasyonlarında her bir popülasyonu temsilen birer genotipe ait genomik DNA agaroz jel görüntüsü.....	50
Şekil 3.16. Deneme materyallerinin PCR reaksiyonu hazırlanması ve PCR ürünlerinin jel elektroforez analiz işlemi.....	54
Şekil 4.1. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tepe püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma.....	61
Şekil 4. 2. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma .....	66

Şekil 4. 3.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki boyu (cm) verilerine ait karşılaştırma .....	73
Şekil 4.4.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait karşılaştırma .....	81
Şekil 4.5.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma .....	87
Şekil 4.6.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak sayısı (adet) verilerine ait karşılaştırma .....	92
Şekil 4.7.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak açısı (°) verilerine ait karşılaştırma .....	98
Şekil 4.8.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında üçüncü yaprak alanı (°) verilerine ait karşılaştırma .....	103
Şekil 4.9.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma .....	108
Şekil 4.10.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan uzunluğu (cm) verilerine ait karşılaştırma .....	113
Şekil 4.11.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma.....	119
Şekil 4.12.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda sıra sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma.....	125
Şekil 4.13.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan sırasında tane sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma.....	131
Şekil 4.14.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane ağırlığı (g koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma.....	137
Şekil 4.15.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	142
Şekil 4.16.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tane verimi (kg da <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma.....	149
Şekil 4.17.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bin tane ağırlığı (g) verilerine ait karşılaştırma.....	156
Şekil 4.18.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlama hacmi (g cm <sup>-1</sup> ) verilerine ait karşılaştırma.....	162



	<b>Sayfa No</b>
Şekil 4.19. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	168
Şekil 4.20. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlamayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	174
Şekil 4.21. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede protein oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	179
Şekil 4.22. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede nişasta oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	185
Şekil 4.23. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede yağ oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	189
Şekil 4. 24. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait karşılaştırma.....	195
Şekil 4.25. Yerel cin mısır genotiplerinin incelenen tüm agro-morfolojik özellikler açısından değerlendirilmesi sonucu oluşan gruplandırma.....	196
Şekil 4.26. Yerel cin mısır genotiplerinde SSR primerlerinin oluşturduğu allel sayısının dağılımı.....	201
Şekil 4.27. UPGMA farklılık indeksine dayanan filogenetik ağaç.....	212
Şekil 4.28. Genotiplerin gruplandırma analizi için belirlenen ideal K değeri hesaplama grafiği.....	213
Şekil 4.29. Yerel cin mısır genotiplerinin STRUCTURE programı kullanarak bar-plot tabanlı kümeleme analizi.....	214
Şekil 4.30. Yerel cin mısır genotiplerinin STRUCTURE programı kullanarak bar plot tabanlı kümeleme analizi.....	216
Şekil 4.31. Yerel cin mısır genotiplerinin structure analizi sonucu oluşturulmuş olan 15 gruba ait genetik uzaklık matrisi.....	219
Şekil 4.32. Farklı bulunan 15 nolu popülasyon, standart çeşit ve diğer 33 popülasyona ait ortalama morfolojik ve agronomik veriler.....	222

## ÇİZELGELER DİZİNİ

		Sayfa No
Çizelge 3.1	Araştırmada kullanılan bitki materyalinin Genotip No, Kayıt No, Lokal İsmi, Coğrafi Bölgesi, İl, Yöre, Yükseklik, Materyalin Rengi ve Toplanma Yılına ait veriler.....	33
Çizelge 3.2.	Deneme alanı topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri.....	35
Çizelge 3.3.	Deneme alanlarına ait 2015-2016 yıllarında üretim dönemine ait iklim verileri ve bu verilere ait uzun yıllar ortalaması.....	36
Çizelge 3.4.	Denemeye ait popülasyonlardan elde edilen DNA örneklerinden bazılarına ait konsantrasyon.....	50
Çizelge 3.5.	Araştırmada kullanılan SSR primerlerinin Adı, Bulunduğu Kromozom, DNA dizilimleri, Baz Sayısı ve Referans.....	51
Çizelge 4.1.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tepе püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	57
Çizelge 4.2.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tepе püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	59
Çizelge 4.3.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait varyans analiz sonuçları	63
Çizelge 4.4.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	65
Çizelge 4.5.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki boyu (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	69
Çizelge 4.6.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki boyu (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	71
Çizelge 4.7.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	77
Çizelge 4.8.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	79
Çizelge 4.9.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	84

	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.10.	bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	86
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.11.	bitkide yaprak sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	89
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.12.	bitkide yaprak sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	90
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.13.	yaprak açısı (°)verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	94
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.14.	yaprak açısı (°) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	96
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.15.	üçüncü yaprak alanı (cm <sup>2</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	99
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.16.	üçüncü yaprak alanı (cm <sup>2</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	100
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.17.	bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	104
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.18.	bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	106
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.19.	koçan uzunluğu (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	110
	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş	
Çizelge 4.20.	koçan uzunluğu (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	112

Çizelge 4.21.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan kalınlığı (mm) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	115
Çizelge 4.22.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan kalınlığı (mm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	117
Çizelge 4.23.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda sıra sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları	120
Çizelge 4.24.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda sıra sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	122
Çizelge 4.25.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan sırasında tane sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	127
Çizelge 4.26.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan sırasında tane sayısı(adet koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	129
Çizelge 4.27.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane ağırlığı (g koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları	133
Çizelge 4.28.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane ağırlığı (g koçan <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	135
Çizelge 4.29.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	139
Çizelge 4.30.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	141
Çizelge 4.31.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tane verimi (kg da <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	144

Çizelge 4.32.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tane verimi (kg da <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	147
Çizelge 4.33.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bin tane ağırlığı (g) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	151
Çizelge 4.34.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bin tane ağırlığı (g) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	154
Çizelge 4.35.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlama hacmi (cm <sup>3</sup> g <sup>-1</sup> ) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	157
Çizelge 4.36.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlama hacmi (cm <sup>3</sup> g <sup>-1</sup> ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	160
Çizelge 4.37.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlayan tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	164
Çizelge 4.38.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlayan tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler, standart hata değerleri ve oluşan gruplar.....	166
Çizelge 4.39.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlamayan tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	170
Çizelge 4.40.	Yerel cin mısır ( <i>Zea mays</i> everta) genotiplerinde 2015, 2016 ve 2015-2016 yıllarının birleştirilmiş patlamayan tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	172
Çizelge 4.41.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede protein oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	176
Çizelge 4.42.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede protein oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	177
Çizelge 4.43.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede nişasta oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	181
Çizelge 4.44.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede nişasta oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	183

Çizelge 4.45.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede yağ oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	186
Çizelge 4.46.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede yağ oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	188
Çizelge 4.47.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları.....	192
Çizelge 4.48.	Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	193
Çizelge 4.49.	Yerel cin mısır popülasyonlarında moleküler karakterizasyonunda kullanılan SSR markörleri, allel büyüklüğü, allel sayısı ve PIC değerleri.....	198
Çizelge 4.50.	Popülasyonlara ait polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi.....	202
Çizelge 4.51.	Tüm lokuslara ait genetik varyasyon istatistiği.....	205
Çizelge 4.52.	Belirlenen SSR lokuslarındaki toplam genetik çeşitlilik, popülasyon içi genetik çeşitlilik, popülasyonlar arası genetik farklılaşma ve gen akış verileri.....	208
Çizelge 4.53.	Yerel cin mısır genotiplerinin structure analizi sonucu oluşturulmuş olan 15 gruba ait genetik uzaklık matrisi.....	218
Çizelge 4.54.	Farklı bulunan 15 nolu popülasyon, standart çeşit ve diğer 33 popülasyona ait ortalama morfolojik ve agronomik veriler.....	220

## 1. GİRİŞ

Tüm canlılar dünyaya gözünü açmasıyla birlikte beslenme ve barınma sorunuyla yüz yüze gelmektedir. Beslenmede canlılar bitkisel ve hayvansal ürünlerden yararlanmaktadır. Bitkisel ürünle beslenmek, hayvansal ürünlere göre daha ekonomik olmaktadır. Gelişmekte olan ve gelişmemiş ülkelerin insanları çoğunlukla bitkisel ürünle beslenmektedir. Beslenmede tahıl grubu bitkileri en çok kullanılan bitkisel ürünlerdendir. Bu nedenle kısa sürede daha fazla verim veren ürünlere yönelinerek, daha fazla nüfusun beslenmesi için çalışılmaktadır. Tahıl grubu bitkileri içinde kısa sürede yetişen ve yüksek verim veren bitkilerden biri mısır bitkisidir.

Mısır bitkisi, iklim koşullarının uygun olduğu her yerde yetiştirilmeye çalışılmaktadır. Mısırın kullanım alanı da sürekli artmaktadır. Dünyada mısır ekim alanı 2014 yılında 184 milyon hektar, verimi 5615.7 kg ha<sup>-1</sup> (FAO, 2017). Türkiye’de ekim alanı 6.800 hektar, verimi 9420 kg ha<sup>-1</sup>, Kahramanmaraş ilinde ekim alanı 264 hektar, verimi 7950 kg<sup>-1</sup> dır (TÜİK, 2016). Mısır bitkisi tane karakterlerine göre yedi grup altında toplanmaktadır. Atdışi, sert mısır, cin mısır ve şeker mısır ekonomik olarak en çok kullanılan varyeteleridir.

Mısır bitkisi Türkiye’de daneleri insan gıdası ve hayvan yemi ve endüstri hammaddesi (nişasta, yağ, şeker, protein, selüloz ve etil alkol üretimi) olarak kullanımı açısından önemli bir tahıl bitkisi olmuştur (Kırtok, 1998; FAO, 1992). Mısır tanesi kuru madde bazında yaklaşık olarak % 60-78 nişasta, % 6-12 protein, %3.1-5.7 yağ, %1.0-3.0 şeker ve %1.1-3.9 kül içeriğine sahiptir. Mısırın tanesi B vitamini, embriyosu ise E vitamini açısından zengindir. Embriyodan elde edilen mısır yağı doymamış yağ asitlerince zengindir. Mısırın yüksek enerji, nişasta ve yağ içeriği, hayvan yemi, insan gıdası ve sanayi ürünleri olarak çok geniş kullanım alanına sahip olmasına neden olmaktadır. Hayvan yemi olarak, ezme, kabuk, kepek, karma yem ve silaj şeklinde kullanılırken, insan beslenmesinde, haşlama, konserve, kırma, kavurma, mısır patlağı, irmik, un, çerez, cips, yağ, glüten, nişasta, dekstrin ve şurup olarak direkt ya da pastacılık ürünleri, şekerleme, çikolata başta olmak üzere sayısız gıda maddesinin üretiminde kullanılmaktadır. Ayrıca mısırın işlenmiş ürünleri, etanol üretiminde, temizlik malzemeleri, patlayıcı, ilaç, tekstil ve kozmetik sanayinde de kullanılmaktadır (UHK, 2012). Tahmini olarak dünya mısır üretiminin % 57’si yem, %11’i insan gıdası, %26’sı endüstri sanayisi ve %16’sı etanol üretiminde kullanılmaktadır (IGC, 2016).

Mısır bitkisinin çok amaçlı kullanılması, bitki üstünde yoğun araştırmaların yapılmasına da neden olmuştur. Mısırdaki ıslah çalışmaları bölgeye uyum, yetiştiricilik, kalite

kriterleri, verim gibi özelliklerde amaca uygunluk sağlamak için farklı ıslah metotları uygulanmaktadır. Islah çalışmalarında gerekli olan varyasyonu elde edebilmek için; tescilli çeşitlerden, yerel çeşitlerden ve yabancı akrabalarından yararlanılmaktadır. Bu nedenle, bu materyallerin taranması ve belirlenen uygun genlerin geliştirilmiş tekniklerle kültür çeşitlerine aktarılması gerekirken, bitki ıslahındaki başarı her şeyden önce etkin, doğru ve hızlı bir seleksiyonla sağlanmaktadır (Frankel, 1972). Moleküler markörler araştırılan genotiplerde istenen bir geni veya özelliği DNA düzeyinde belirlemede yaygın olarak kullanılmaktadır (Yıldırım, 2007). Moleküler markörler; kesilen parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP), rastgele çoğaltılan polimorfik DNA markörleri (RAPD), çoğaltılan parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP), dizisi etiketlenmiş sekanslar (STS), mikrosatellitler (SSR), bölünerek çoğaltılmış polimorfik dizi (CAPS), tek iplik tamamlama polimorfizmi (SSCP), ampikon uzunluk polimorfizmi (ALP), basit sekans tekrarlamaları arası polimorfizm (ISSR), ifade edilmiş dizi etiketleri (EST) ve tek nükleotid polimorfizmi (SNP) gibi farklı tekniklerden oluşmaktadır (Khlestkina ve Salina, 2006; Korzun ve Ebmeyer, 2003; Rafalski, 2002; Röder ve ark., 2004). Moleküler markör tekniklerinin her birinin diğerlerine kıyasla avantaj ve dezavantajları bulunmaktadır. Ancak moleküler markörler birbirleriyle karşılaştırıldığında günümüzde polimorfizm düzeyi oldukça yüksek olduğu için SSR ve SNP markörlerinin daha çok tercih edildiği görülmektedir (Yıldırım, 2007).

Moleküler markör teknikleri tahıllar başta olmak üzere birçok türde genotip tanımlamak amacıyla kullanılmaktadır. Tahıl türleri içerisinde tarımı en çok yapılan buğday, çeltik, arpa ve mısır gibi bitki genomlarının gen içeren bölgeleri sırasıyla % 10, % 35, % 15 ve % 25 olarak tanımlanmıştır (Erayman ve ark., 2004). Bu dört bitki türüne ait son 20 yılda üretilmiş 20.000'den fazla moleküler markör (RFLP, STS, AFLP, SSR ve EST) bulunmaktadır (Anonim, 2017). Bu markörlerden özellikle RFLP ve SSR markörleri tahıllarda yaygın olarak kullanılırken, SNP markörlerinin ise tahıllardaki yüksek ploidi düzeyinden dolayı diğer markör tiplerine göre daha az kullanılmaktadır. Sonuç olarak; markör destekli seleksiyon (MAS) tekniği, özellikle tahıllarda yabancı gen kaynaklarından gen transferleri, resesif allellerin yönlendirilmesi ve seleksiyonu, gen piramitlerinin oluşturulması, geri melez ıslahında, erken seleksiyon gibi kullanımının yanı sıra gen izolasyonu ve klonlanmasında da kullanılabilir. Bu teknik oldukça hızlı, etkin, doğru ve ekonomik bir seleksiyon tekniğidir. Böylelikle klasik ıslahın başarısını artırıcı tamamlayıcı ve yardımcı bir teknik olarak görülmektedir (Eserkaya Güleç ve ark., 2010).



Patlak mısır ile ilgili olarak genetik çeşitliliğe dair araştırmalar, dar genetik tabanı ve genetik yetiştirme programları için büyük önem taşımaktadır (Ziegler ve Ashman, 1994). Bu yüzden, moleküler markörler kullanan bazı araştırmacılar, patlak mısır çeşitleri arasında çeşitlilik ve ilişkiyi daha iyi anlayabilmek için, ISSR (Kantety ve ark., 1995), RAPD (Vilela ve ark., 2008), ve SSR (Li ve ark., 2004; Santacruz-Varela ve ark., 2004; Aguiarve ark., 2008; Dandolini ve ark., 2008; Bracco ve ark., 2009; Munhoz ve ark., 2009; Silva ve ark., 2009) kullanmışlardır. Ancak, farklı markörlerin kombine edilerek kullanılması bu markörlerin tek olarak kullanılmasına nazaran daha güvenilir bilgi vermektedir (Leal, 2010). Böylelikle bir markörde yapılan hata veya ilgili markörden kaynaklanan herhangi bir eksiklik diğer markör tarafından giderilebilmektedir (Demeke ve ark., 1997; Saker ve ark., 2005; Souza ve ark., 2008).

Polimorfizm bilgi içeriği (Polymorphism Information Content, PIC) değeri genellikle farklı moleküler markörlerin karşılaştırılmasında kullanılan etkin bir parametre olmakla beraber herhangi bir DNA marköründe kullanılan primerlerin etkinlik derecelerinin saptanmasında da kullanılabilir değerlendirme kriteridir (Hongtrakul ve ark., 1997; Lübbersted ve ark., 2000; Manifesto ve ark., 2001; Garcia ve ark., 2004).

Moleküler markör analizi yerel patlak mısırlarla henüz yapılmamıştır. Özellikle ılıman bölgelerde tarımı yapılan mısır çeşitlerinin çoğunluğu genetik yapıları bakımından dar olması nedeniyle son zamanlarda bu genetik kaynakların korunmasına ilgi artmıştır. (Ruiz de Galarreta ve Alvarez 2001). İlıman bölgelerde mısır bitkisinin genetik çeşitliliğini arttırmak için, yerel popülasyonlardan yararlanmak bugün için en pratik yol olarak gözükmektedir. Yerel mısır popülasyonları genellikle büyük bir genetik çeşitliliğe sahiptir. Yerel patlak mısır popülasyonları dışarıdan özel müdahale olmadan, mevcut bulunduğu doğal çevrede seleksiyonunu tamamlayarak, genellikle olumsuz koşullarda bile ürün vermeyi başarabilmektedir. Yerel popülasyonlarda morfolojik kriterler daha çok çevresel faktörler altında kendini gösterirken, genetik çeşitlilik tam olarak açığa çıkmamaktadır.

Ülkemizde bugüne kadar yerel cin mısırı popülasyonlarında morfolojik ve moleküler karakterizasyon çalışmaları henüz yapılmamış olmasından dolayı bu konuda önemli bir bilgi açığı bulunmaktadır. Bu çalışma ile bu açığın giderilmesine yönelik ilk ve önemli bir adım atılarak, yerel cin mısırı çeşitlerinin kalite özellikleri ve genetik çeşitliliğinin saptanması amacıyla, ülke genelinde toplanan 35 yerel patlak mısır popülasyonunun morfolojik ve kalite özelliklerinin belirlenmesi yanında, moleküler markörlerle genetik farklılıklar da belirlenmeye çalışılmıştır.

## 2. Önceki Çalışmalar

### 2.1. Morfolojik ve Agronomik Çalışmalar

Babaoğlu (2003), yerli ve yabancı toplam 36 adet melez ve kompozit at dişi mısır çeşitlerini Trakya bölgesinde yetiştirerek genotiplerin agronomik ve kalite kriterleri bakımından farklılıklarını belirlemeye çalışmıştır. Elde ettiği sonuçlara göre tane veriminin 916-1349 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiğini ve tane verimlerine göre sırasıyla ADA 95-16 (Hacıbey), Premier, Maverick, ADA 95-10, Darva, Pegaso, T 1866, Tector ve Tempra çeşitlerinin bölgedeki tane mısır yetiştiriciliği açısından tercih edilmesi gerektiğini belirtmiştir.

Budak ve Soya (2003), Bornova-İzmir koşullarında ikinci ürün döneminde 4 silajlık mısır çeşidi ile yürüttükleri çalışma sonucunda; bitki boyu 134.2-242.0 cm, sap çapı 1.73-2.14 cm, yaprak sayısı 8.3-13.2 adet, kuru madde verimi 897-2048 kg da<sup>-1</sup>, kuru madde oranı % 22.5-31.7, ham protein oranı % 6.69-8.91 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Öktem (2003) tarafından, 10 mısır çeşidini Harran Ovası koşullarına uygun ikinci ürün mısır çeşitlerinin belirlenmesine çalışılmıştır. Araştırma sonuçlarına göre tane veriminin 1137.7-1489.7 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiğini, Dracma ve P3394 çeşitlerinin tane verimi açısından bölge için ön plana çıktığını kaydetmişlerdir.

Öktem ve Öktem (2003), Harran Ovası ikinci ürün koşullarında 15 hibrit atdişi mısır genotipi kullanmışlardır. Araştırmada tane verimi yanında hasatta tane nemi, koçan uzunluğu ve bin tane ağırlığı gibi özelliklerde incelenmiştir. Araştırılan özellikler açısından her iki deneme yılında da genotipler arasında istatistiksel olarak önemli farklılıklar saptamışlardır.

Özkaynak ve Sabancı (2003) çalışmalarında on beş kendilenmiş cin mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinin verim ve verim ile ilgili özellikleri belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada tepe ve koçan püskülü çıkış süresi, bin tane ağırlığı, patlama hacmi özellikleri hariç diğer tüm özellikler açısından melezlerde hatlardan daha yüksek değerler elde etmişlerdir. Denemenin sonucunda tane veriminin 141.90-464.10 kg da<sup>-1</sup> değişmekle birlikte yüksek verimli hatlardan elde edilen melez bitkilerden yüksek verim elde edemediklerini bildirmişlerdir.

Sakin ve ark. (2005) çalışmalarında tek melez (7 adet), üçlü melez (7 adet) ve açık tozlanan (7 adet) genotipleri verim ve bazı kalite özellikleri açısından incelemişlerdir. İki yıllık verilerden elde edilen verilerin analiz sonuçlarına göre genotipler arasındaki farklılıklar

verim(336-458 kg da<sup>-1</sup>), patlama hacmi (35.3-35.5 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>) ve patlamayan tane oranı (% 3.3-6.1) özellikleri açısından önemli bulunmuştur. Patlama hacmi hibrit genotiplerde açık tozlananlardan daha yüksek ve önemli bulurken, patlamamış tane oranı hibrit genotiplerde % 50 daha az bulmuşlardır. Optimum çevre koşullarında açık tozlanan genotipler yerine iyi adapte edilmiş melez çeşitlerin kullanılmasının daha uygun olabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Tekkanat ve Soylu (2005) denemesinde Karaman koşullarına en uygun cin mısır çeşidini belirlemek amacıyla 12 cin mısırı kullanmışlar ve bu çalışma sonucunda patlama hacimleri 18.5– 35.25 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>, patlamayan tane oranları % 2.42 -9.9, tane irilikleri 57.25– 87.25 adet 10 g<sup>-1</sup>, tanede ham protein oranları % 9.00 - 11.34, bin tane ağırlığı 114.68– 175.93 g, tane verimleri 499.5 – 753.5 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiği bulgularına ulaşmışlardır.

Soylu ve ark. (2008), Konya ekolojik koşullarında 15 adet hibrit mısır çeşidi ile yürüttükleri araştırmada tane veriminin 650-1037 kg da<sup>-1</sup> arasında, hasattaki tane neminin ise % 18.9-23.06 arasında değiştiğini belirtmişlerdir.

Uçak ve ark. (2009), yaptıkları araştırmada yüksek sıcaklık ve düşük nispi nem koşullarında mısır veriminde azalma olduğunu ve 40°C'ye varan yüksek sıcaklıklar nedeniyle dölleme olumsuz yönde etkilenmiş, yeterince dölleme sağlanamamış, tane bağlama oranı düşmüş ve verimde önemli ölçüde azalma olduğunu gözlemlemişlerdir.

Gürses (2010) Çukurova bölgesinde çiftlik gübresi ve değişik yeşil gübre bitkileri uygulamalarına göre; bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, koçan uzunluğu, koçan çapı, koçan tane sayısı, dekara bitki sayısı, dekara koçan sayısı ve dekara tane verimi değerlerini sırasıyla 251.67–328.33 cm, 96.33–137 cm, 16.46–20.43 cm, 36.33–44.00 mm, 527.00–726.67 adet koçan<sup>-1</sup>, 6366.67–7066.67 bitki da<sup>-1</sup>, 6300.00–7033.33 adet da<sup>-1</sup> ve 822.33–1213.67 kg da<sup>-1</sup> arasında değişim gösterdiğini kaydetmiştir.

Özsisli (2010), Kahramanmaraş koşullarında birinci ve ikinci ürün olarak yetiştirilebilecek en uygun mısır çeşidini belirlemek amacıyla farklı mısır çeşitlerinde verim ve kalite özelliklerini inceledikleri araştırmada en yüksek dekara verimi 1037 kg da<sup>-1</sup> ile DKC 5783 çeşidi öne çıkmıştır. İkinci ürünlerde ise 1164 kg da<sup>-1</sup> ile P32T83 çeşidinin en yüksek dekara verime sahip olduğunu tespit etmiştir.

Silva ve ark. (2010) tropik ve subtropik ortamlara farklı adaptasyon sağlamış 10 cin mısır hattı ve bu hatların melezlenmesinden elde edilen 45 F<sub>1</sub> melezlerini kullanarak bu bitkilerin kombinasyon yeteneklerini incelemişlerdir. Üç kontrol çeşidiyle iki farklı yerde test

edilen cin mısır genotiplerinde tane verimi (111-349 kg da<sup>-1</sup>), patlama hacmi (31.43-35.67 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>), bitki boyu (106-207 cm), ilk koçan yüksekliği (74-127 cm) ve koçan püskülü çıkış süresi (41-63 gün) gibi özellikler yönünden genotipler arasında istatistiksel olarak farklılık gözlemlenmiştir. Melez kombinasyonlarında tane verimi açısından heterosisin olumlu sonuçlar verebileceği sonucuna ulaşılmıştır.

Özkan ve Ülger (2011) Çukurova bölgesinde yetiştirdikleri 2 farklı cin mısırı çeşidine (Ant Cin 98 ve Nermin Cin) farklı azot dozu (0, 5, 10, 15, 20, 25, 30 kg da<sup>-1</sup>N) uygulayarak tane verimi ve bazı tarımsal karakterler üzerine etkilerini incelemiştir. Çalışma sonucunda farklı azot dozlarının koçanda tane oranı, koçanda tane sayısı ve koçanda tane ağırlığı özelliklerinin önemli düzeyde farklılık göstermezken, tane verimi ve bitki boyunda önemli farklılıklara neden olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Severini ve ark. (2011) at dişi mısır ve cin mısırdaki tane sayısı ve tane ağırlığını belirlemek için, dört at dişi ve sekiz cin mısır genotipi kullanarak çiçeklenme döneminden tane dolun dönemine boyunca bitki yoğunluğu, yaprak dökme ve yaprak azaltma işlemi uygulamışlardır. Deneme sonucunda, cin mısır genotiplerinin çiçeklenme döneminde biyokütle birikimine bağlı koçanda tane oluşumunun at dişi mısıra göre daha yüksek verimlilik gösterdiğini, cin mısırdaki potansiyel tane ağırlığının at dişi mısırdan daha düşük olduğunu ve ayrıca cin mısır tanelerinin stres koşulları altında tane ağırlığını düşürme eğiliminin daha düşük olduğunu ve at dişi mısır tanelerine kıyasla tane doldurma doğrusal fazı sırasında bitki büyümesinde ciddi düşümlere neden olduğunu bildirmişlerdir.

Aliu ve ark. (2012) çalışmalarında Kosova yerel mısır popülasyonlarının verim ve kalite özelliklerinde genetik çeşitliliği ve özellikler arası korelasyonu incelemiştir. Denemeyi 20 adet yerel mısır popülasyonunu kullanarak tesadüf blokları deneme desenine göre üç tekerrürlü olarak kurmuşlardır. Elde edilen sonuçlara göre popülasyonlar arası farklılıkların istatistiksel olarak önemli olduğunu bulmuşlardır. En yüksek bitkide tane verimi 105.13 g bitki<sup>-1</sup> ve ortalama bitkide tane verimini 79.33 g bitki<sup>-1</sup> olarak belirlerken, nişasta, protein ve yağ içeriklerinin ortalaması sırasıyla % 67.4-72.2, %11.02-13.02 ve % 2.56-5.57 olarak belirlemiştir. Araştırmaları sonucunda kalite özelliklerinin fenotipik ve genotipik olarak büyük değişkenlik gösterdiğini, popülasyonlar arası bu farklılıkların ıslah programlarında oldukça faydalı olabileceğini öne sürmüşlerdir.

Khodarahmpour ve Hamidi (2012) çalışmalarında kuraklık stresi altında yedi farklı kendilenmiş mısır hattında, farklı dönemlerde uygulanan su stresinin verim ve verim

bileşenleri üzerine etkilerini belirlemeyi amaçlamışlardır. Çalışma sonucunda, tane dolum döneminde meydana gelen kuraklık stresinin, koçanda sıra sayısı ve koçanda sırada tane sayısında azalmaya bağlı olarak tane veriminin düşüşüne neden olduğunu belirlemişlerdir. Sonuçlarda koçanda tane sayısı, koçanda sıra sayısı ve tane iriliği özellikleri tane verimi özelliği ile pozitif ve önemli bir korelasyonun olduğu belirlenmiştir. Ayrıca, kullanılan mısır hatlarının önemli derecede çeşitlilik göstererek bu hatlardan K166B hattının kuraklık stresine en dayanıklı ve MO17 hattının ise en hassas olduğu sonucuna ulaşılmıştır.

Öner ve ark. (2012), Samsun, Adana ve Adapazarı olmak üzere 3 farklı lokasyonda 9 mısır çeşidi ve 21 hat olmak üzere 30 at dişi mısır genotipini morfolojik ve agronomik özellikler yönünden incelemişler ve birim alan dane veriminin Adapazarı'nda 930-1511 kg da<sup>-1</sup>, Adana'da 784-1291 kg da<sup>-1</sup> ve Samsun'da ise 910- 1219 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Budak ve ark. (2013), Ege sahil koşullarında ikinci ürün olarak yetiştirilen farklı mısır çeşitlerinin verim ve verim özelliklerini belirlemeye yönelik yapmış oldukları çalışmada, Ödemiş ve Bornova lokasyonlarından elde ettiği sonuçlar sırasıyla, tepe püskülü çıkış süresinde 50.6 ve 49 gün, olgunlaşma gün süresinde 93.6 ve 93.1 gün, koçan sayısında 1.36 ve 1.08 adet, koçan boyundan 19.4 ve 18.6 cm; koçan çapından 4.75 ve 4.75 cm, koçan sıra sayısından 14.1 ve 14.2 adet ve tane veriminden ise 875 ve 816 kg da<sup>-1</sup> sonuçlarını elde etmişlerdir.

Coşkun ve ark. (2013), Harran ovası koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 mısır çeşidinin verim ve verimle ilgili özellikleri belirlemeye çalışmışlar ve çeşitlere ait ilk koçan yüksekliklerini 87-128 cm, bitki boyunu 251-291 cm, tane verimini ise 1024-1261 kg da<sup>-1</sup> olarak saptamışlar, DKC 6120 çeşidinin ise en yüksek tane verimine sahip olduğunu ve bu bölge için kullanımının uygun olabileceğini önermişlerdir.

Gönülal (2013), yapmış olduğu çalışmada, Sakarya hibrit mısır çeşidinin farklı fenolojik dönemlerde su kullanımının kısıtlanmasının Konya-Karapınar koşullarında verim ve verim parametrelerine olan etkisini belirlemeye çalışmıştır. İncelenen özelliklerden tane verimi, koçanda tane sayısı, koçanda tane ağırlığı, bin tane ağırlığı ve bitki boyu özellikleri su kısıtlamasının uygulandığı dönemler ve su kısıtlamasının miktarına bağlı olarak ta istatistiki açıdan önemli bulunmuştur. Tane mısırdaki su kısıtlamasının tepe püskülü, tozlaşma ve süt olumu dönemlerinde yapılması, vejetatif dönemde yapılan su kısıtlamasından daha fazla verim kaybına neden olduğunu belirlemiştir.

Jasemi ve ark. (2013), mısırdaki (SC704) ekim zamanının (14 Mayıs, 22 Mayıs ve 13 Haziran) ve azot gübresi uygulamasının (0, 100, 150 ve 200 kg ha<sup>-1</sup>) tane verimi ve verimle ilgili özellikleri üzerine etkilerini belirlemek amacıyla yürüttükleri bu çalışmada, ekim zamanının, tane verimi, sırada tane sayısı, koçanda tane sayısı, 1000 tane ağırlığı, biyokütle, hasat indeksi ve bitki boyu özellikleri bakımından etkisinin önemli bulunduğunu ve azot dozu uygulamasının ise sırada tane sayısı hariç diğer tüm özellikler bakımından etkisinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

İdikut ve Kara (2013) Kahramanmaraş koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 hibrit mısır çeşidine (P3394, DKC5783, P35Y65, Progen1610, Sinatro, Kesmezs, Luce, Heroic, Famasa, Progen1550, BC566, Argona, BC768, DK626, Asmas) ait bazı verim ve kalite özelliklerini belirlemeye yönelik araştırmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre, tepe püskülü ile koçan püskülü, bitki boyu ile ilk koçan yüksekliği, koçanda tane sayısı ile koçan uzunluğu, tek koçan verimi ve tane verimi gibi özelliklerinin birbirleri ile ilişkili olduğunu ortaya koymuşlardır.

Öz ve ark. (2013), Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü'nde ilk yıl 26 hibrit çeşit adayı ile 3 standart çeşidi, ikinci yıl 11 hibrit çeşit adayı ile 5 standart çeşidi, verim ve verim özellikleri açısından incelemişlerdir. Araştırmacılar tane verimi, çiçeklenme süresi, bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, hasatta tane nemi ve tane-koçan oranı özellikleri yönünden çalışmanın her iki yılında da genotipler arasındaki farklılığın istatistiksel olarak önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Sabancı (2013), çalışmasında mısır ve soyanın birlikte ekiminin tane verimi üzerine etkisini araştırmışlardır. Araştırmacı mısırın bitki boyunu 201.14 cm, bin tane ağırlığını 267.63 g, koçanda tane sayısını 459.87 adet koçan<sup>-1</sup>, ilk koçan yüksekliğini 90.03 cm, koçan çapını 4.03 cm ve tane verimini 925.96 kg da<sup>-1</sup> olarak kaydetmiştir.

Adam ve Hamid (2014) Sudan'da 2 hibrit mısır çeşidine 5 farklı diamonyum fosfat gübresi uygulamışlar ve büyüme oranı, bitki boyu, yaprak alanı ve sap çapı özelliklerini araştırmışlardır. Sonuç olarak diamonyum fosfat gübresi uygulamasının her iki mısır çeşidinde de büyüme, yaprak alanı ve bitki boyu özelliklerini önemli ölçüde etkilerken, nispi büyüme oranı, sap çapı ve verimi önemli ölçüde etkilemediğini tespit etmişlerdir.

Cengiz ve ark. (2014), 56 adet kendilenmiş hattının kalite ile ilgili özelliklerini incelemişler ve hatlar arasında yarım diallel melez oluşturmuşlar. Elde ettikleri sonuçlara göre protein oranı yüksek ailelerden seçilen hatlarda protein oranının % 12.1 13 - 15.8 arasında

değiştirdiğini, yağ oranı yüksek olanlarındaki ise yağ oranının % 5.94 - 7.53 arasında değiştiğini kaydetmişlerdir.

Hernandez ve ark. (2014) çalışmalarında Arjantin'de yetiştirilen 11 ticari genotip iki farklı çevre koşullarında farklı bitki yoğunluğu (1, 8 ve 16 bitki m<sup>-2</sup>) uygulayarak, genotiplerden elde edilen verim ve verim özelliklerini etkilediğini araştırmışlardır. Deneme sonucunda farklı bitki yoğunluğunun genotiplerde verim farklılıklarına yol açarak tane veriminin 250-1090 kg da<sup>-1</sup> ve tane ağırlığının 233-316 mg tane<sup>-1</sup> arasında değişkenlik gösterdiğini ileri sürmüşlerdir.

Jele ve ark. (2014) çalışmalarında yeni tropikal hibrit cin mısırında patlama kabiliyetini belirlemeyi amaçlamışlardır. Denemede 119 F<sub>1</sub> melez bitki kullanılmış ve ayrıca kontrol olarak P618 ticari çeşit kullanmışlardır. F<sub>1</sub> melezleri 2 farklı yerde yetiştirilmiş olup elde edilen taneler iki farklı yöntemle (mikrodalga ve sıcak hava patlatma yöntemi) patlatmışlardır. Sonuçlara göre patlama hacminin 734-1288 cm<sup>3</sup>, patlamayan tane sayısının 19-121 adet, 10 g'da tane sayısının 49-90 adet arasında değiştiğini, patlama kalitesiyle ilgili özelliklerin hibritler arasında önemli değişkenlik gösterdiğini ve 15 melez bitkiden elde edilen tanelerde üstün patlama kalitesi elde ettiklerini gözlemleyerek, 11POPH13 hibrit mısırın 1128 cm<sup>3</sup> ile en yüksek patlama hacmine sahip olurken standart çeşit olan P618 mısırın 1156 cm<sup>3</sup> patlama hacmine sahip olduğunu kaydetmişler. Patlama hacmi ile tane boyutu arasında negatif ve önemli bir ilişki; tane sayısı ile tane büyüklüğü arasında ise pozitif bir korelasyon olduğunu belirlemişlerdir.

Kahraman ve ark. (2014), Diyarbakır koşullarında 51 tane mısır genotipini yetiştirmişler ve bitki boyunun 197.83 - 282.67 cm, ilk koçan yüksekliğinin 69.33 - 146.67 cm, çiçeklenme gün süresinin 61.67 - 80.67 gün, koçanda tane oranının % 77.5 - 87.1, bin tane ağırlığının 236.66 - 361.44 g, hasatta nem oranının % 9.30 - 19.50, dekara tane veriminin 535.00 - 1255.03 kg da<sup>-1</sup> arasında değişim gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Mujahidi (2014), çalışmasında 8 S<sub>5</sub> cin mısır hattı (dişi), 4 tester (erkek) ve bunların melezlenmesi sonucu oluşan 32 F<sub>1S</sub> cin mısır genotipini incelemişler. Çalışma sonucunda tepe püskülü çıkış süresini 82.5-97.5 gün, koçan püskülü çıkış süresini 83.5-98.5 gün, bitki boyunu 58.3-209.8 cm, ilk koçan yüksekliğini 37.5-106.9 cm, tane verimini 1.5-7.3 ton ha<sup>-1</sup>, koçanda sıra sayısını 11.8-22.6 adet, koçanda sırada tane sayısını 16.5-39 adet, koçanda tane sayısının 201-692.5 adet, koçan uzunluğunu 9.8-18.8 cm, koçan kalınlığını 8.8-12.5 mm, bin tane

ağırlığını 101.53-212 g, patlama oranını % 88.3-98, patlama hacmini 18.9-34.8 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olarak tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

Özata ve Kapar (2014), Samsun ekolojik koşullarına uygun atdışi mısır çeşidini belirlemek için 20 adet hibrit atdışi mısır çeşidini incelemişler, araştırma sonucunda, tane veriminin, hasatta tane neminin, bitki boyunun, ilk koçan yüksekliğinin, protein oranının, yağ oranının sırasıyla 990 -1380 kg da<sup>-1</sup>, % 18 -27.4, 260 -285 cm, 100 - 135 cm, % 10.14 -10.69 ve % 4.12 – 4.72 arasında değişim gösterdiğini bildirmişlerdir.

Spitko ve ark. (2014) çalışmalarında farklı ülkelerden temin ettikleri 83 hibrit mısırdaki sulu ve susuz koşulların verim ve verim unsurları üzerine etkilerini iki yıl boyunca araştırmışlardır. Çalışmadan elde ettikleri sonuçlara göre uzun süreli su eksikliğinde tepe püskülü ve koçan püskülü çıkış süresi senkronizasyonunun (proterandry) uzamasına bağlı olarak koçanda tane sayısı ve verimin azaldığını belirlemişlerdir.

Çağlayan Dumral (2015) çalışmalarında farklı dozlarda yaprakdan uygulanan çinko dozlarının mısır çeşitlerinde verim ve tane kalitesi üzerine etkisini araştırmıştır. Deneme sonucunda; tane verimi 783.2-1500.3 kg da<sup>-1</sup>, koçan boyu 16.4-20.9 cm, koçanda tane sayısı 441.9-677.5 adet, bin tane ağırlığı 311.6-410.7 g, tanede protein oranı % 6.1-7.9, nişasta oranı % 60.8-64.2, ham yağ oranı %2.7-3.3olarak belirlenmiştir. Çinkolu yaprak gübresi uygulamaları verim parametreleri açısından etki yaratmazken, kalite parametreleri bakımından olumlu etki oluşturduğunu kaydetmiştir.

Çakar (2015) Tokat Kazova koşullarında 15 adet tek melez atdışi mısır çeşidinin performansını araştırmıştır. Elde ettikleri sonuçlara göre tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, olgunlaşma süresi, bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, bitki başına koçan sayısı, koçan uzunluğu, koçanda tane sayısı, tek koçan ağırlığı, 1000 tane ağırlığı, hektolitreye ağırlığı ve tane verimi değerlerinin sırasıyla 60.7-72.3 gün, 63.7-83.3 gün, 123.3-135.7 gün, 170-232 cm, 68.4-113 cm, 0.76-1.07 adet koçan<sup>-1</sup>, 17.1-23.5 cm, 539-762 adet, 132.0-288.1 g koçan<sup>-1</sup>, 330-436 g, 70.1-77.8 kg ve 831.7-1365 kg da<sup>-1</sup> olarak tespit etmişlerdir.

Hafez ve Abdelaal (2015), çalışmalarında farklı azot dozlarının (60, 90, 120 ve 150 kg doymun üre)bazı hibrit mısır çeşitlerinde (SS.C.10, S.C.122 ve S.C.124) büyüme, verim ve tanede kalite özellikleri üzerine etkilerini araştırmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre, azot gübresinin ve hibritlerin klorofil a ve b, yaprak alanı, koçan başına tane sayısı, koçanda sıradaki tane sayısı, 100 tane ağırlığı, tane verimi üzerine etkisinin önemli olduğu belirlemişlerdir. S.C.10 hibrit çeşidi, incelenen tüm özelliklerde diğer hibrit çeşitlerden



belirgin olarak daha yüksek bulmuşlardır. 150 kg doymun N uygulanması ile önemli miktarda yaprak alanı, sırada tane sayısı, koçanda tane sayısı, 100 tane ağırlığı, tane verimi, ham yağ, taze yem verimi, taze yemde protein oranı, yem verimi ve tanede protein oranında artış olurken, en düşük lif oranını elde etmişlerdir. Ayrıca, yağ (%) ve nem (%) için N gübre düzeyleri arasında istatistiksel olarak anlamlı bir fark bulamamışlardır. Böylelikle, S.C.10 için 150 kg doymun N besleme uygulanmasının mısır tanelerinin ve yemlik verimin yanı sıra kalite özelliklerinin de geliştirilmesi için başarıyla kullanılabileceğini önermiştir.

İdikut ve ark. (2015) çalışmalarında biri kompozit, ikisi yerel çeşit ve on tanesi de Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmış olan yerel populasyonlar olmak üzere 13 cin mısır genotipinin Kahramanmaraş koşullarında iki yıl süreyle tarımsal özelliklerini incelemişlerdir. İki yıllık deneme sonuçlarına göre cin mısırı popülasyonunda tepe püskülü çıkış süresi 54-66 gün, bitki boyu 134-181 cm, patlama hacmi  $10-22m^3 g^{-1}$ , patlamamış tane oranı % 8-24, tane verim değerleri 369-498 kg da<sup>-1</sup> olarak belirlerlerken sonuçlar istatistiksel olarak analiz edildiğinde genotipler arasındaki farklılık bitki başına koçan sayısında önemsiz bulunurken, diğer tepe püskül çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, ilk koçan yüksekliği, bitki boyu, koçan uzunluğu, koçan çapı, koçanda sıra sayısı, koçan sırasına tane sayısı, tane oranı, dekara verim, patlama hacmi ve patlamamış tane oranı özelliklerin önemli çıktığını belirlemişlerdir.

Kahraman ve ark. (2015), tek melez mısır genotiplerinin (ADA 523, DKC 6589, P 31 G 98, SASA-1 SASA-10, SASA-14, SASA-18, SASA-2, SASA-21, SASA-22, SASA-26, SASA-28, SASA- 3, SASA-35, SASA-39, SASA-41, SASA-42, SASA-43, SASA-5, SASA-9) Diyarbakır koşullarında verim ve verim parametreleriyle ilgili performanslarını incelemiştir. Araştırmacılar bitki boyu 237-356 cm, ilk koçan yüksekliği 97-172 cm, çiçeklenme gün sayısı 63.6 -70.6 gün, tane-koçan oranı % 73.4-87.9, 1000 tane ağırlığı 307-385 g, nem % 10.6-20.1, tek bitki verimi 75-198 g ve tane verimi 488-1333 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Khan ve Dubey (2015), 8 kendilenmiş mısır hattı ve bunların diallel melezlerinin verim ve besin kalitesi özellikleri araştırmışlardır. Araştırmacılar bitki başına tane verimi, yağ, nişasta ve protein içeriklerini sırasıyla 17.67-149.00 g bitki<sup>-1</sup>, % 4.89-6.50, % 61.09-66.61, % 7.20-11.82 olarak kaydetmişlerdir.

Kharazmshahi ve ark. (2015), dokuz hibrit tatlı mısır çeşidinde (Chase, Powerhouse, Harvestgold, Temptation, Challenger, Basin, Ex08716636, Obsission ve Ksc403su) farklı

ekim zamanlarının (15 ve 30 Mayıs) verim ve verim unsurları üzerine olan etkilerini araştırmışlardır. Elde edilen sonuçların istatistiksel analizine göre tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, bitki boyu, koçan yüksekliği, gövde çapı, bitki kuru ağırlığı, koçan kuru ağırlığı, koçanda sırada tane sayısı, koçan çapı, 1000 tane ağırlığı, koçan uzunluğu, bitki başına net tane verim özellikleri ekim tarihleri ve çeşitler açısından farklılıkları önemli bulmuşlardır. En yüksek tane verimi Ex08716636 çeşidinden 15 Mayıs tarihli ekiminden elde etmişlerdir.

Maga ve ark. (2015), Güney Gine Savannah Tarım-Ekoloji Bölgesi'nde yetiştirilen iki mısır (*Zea mays* L.) çeşitlerinde (TZESR-Y ve QPM) farklı ekim tarihlerinin (4 Mayıs, 18 Mayıs ve 1 Haziran) büyüme ve verim üzerine etkilerini araştırmışlardır. Elde ettikleri sonuçlarda ekim tarihinin bitkide yaprak sayısı, koçan çevresi ve tane verimini önemli düzeyde etkilediğini, erken ekimin tane verimini pozitif ve önemli bir etkisi olduğunu belirlemişlerdir. Çeşit ve ekim tarihlerinin interaksyonu bitki boyu, bitkide yaprak sayısı ve tane verimi açısından önemli olduğunu belirlemişlerdir. Bu çalışma sonucunda 4 Mayıs ekim tarihinin Güney Gine Savannah ekolojik bölgesi şartlarında mısır yetiştiriciliği için en uygun koşulları sağladığını bildirmişlerdir.

Seydazar ve ark. (2015) farklı su rejimlerinde (susuz stres, orta sulu stres ve aşırı sulu stres) 14 farklı hibrit mısırdaki meydana gelebilecek morfolojik özellikler ve verim bileşenlerinde ki farklılıkları incelemişlerdir. Korelasyon analizine göre sulama uygulamaları ortalamalarında tane verimi ile bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, koçanda sıra sayısı ve sırada tane sayısı özellikleri arasında olumlu ve önemli farklılıklar olduğunu gözlemlemişlerdir.

Turhal (2015), Eskişehir koşullarında 4 farklı mısır çeşidinde (ADA9510, ADA9516, TTM815 ve BC6661) 5 farklı ekim sıklığı (70×20, 70×15, 60×20, 60×25 ve 50×30cm) uygulamış, çeşide ve ekim sıklığına bağlı olarak verim değişikliğini inceleyerek, araştırma sonucunda tane veriminin 648 (70x20 cm) – 1537 (60x25 cm) kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiğini ve en düşük verimin ADA9516, en düşük verimin BC6661 mısır çeşitlerinden elde etmiştir.

Dolijanović ve ark. (2016) cin mısır ekiminde adi fiğ, yulaf, yem bitkileri bezelye ve bunların birlikte kullanımı gibi farklı bitkileri malç olarak kullanmışlar ve çalışma sonucunda adi fiğ ile birlikte ekiminde malç kullanımının yabancı ot kontrolünün sağlandığını belirtmişlerdir.

Jasim ve Ghanee (2016) farklı dozlarda üre (0, 100 ve 200 kg ha<sup>-1</sup>) ve sülfür (0, 10 ve 20 kg ha<sup>-1</sup>) içerikli gübre uygulamalarının cin mısır üzerine etkilerini incelemişlerdir. Üreyi

yapraklara sprey olarak iki farklı dönemde (12 yapraklı dönem ve koçan püskülü oluşumunun başladığı dönem) uygulamışlardır. Çalışma sonucunda, 200 kg ha<sup>-1</sup> üre uygulaması 300 tane ağırlığı, koçanda sıra sayısı ve sırada tane sayısı özellikleri üzerine etkisi istatistiksel olarak çok önemli bulmuşlardır. Ayrıca 100 ve 200 kg ha<sup>-1</sup> üre bitki verimine ve toplam tane verimine önemli etkisi olduğunu bildirmişlerdir. Sülfür düzeyi 10 ve 20 kg ha<sup>-1</sup> olan uygulamalarda kontrole göre daha üstün olduğu, koçanda sıra sayısı ve 300 tane ağırlığı bakımından en yüksek ortalamaları yine bu uygulamalardan elde edildiğini belirtmişlerdir. Genel olarak ise üre uygulamasının koçanda sıra sayısı üzerine etkili olduğu ve diğer tüm özellikler üzerine de etkili olduğunu bildirmişlerdir.

Okay ve Yazgan, (2016) Bursa koşullarında yaptıkları çalışmada, 16 farklı su düzeyi uygulaması sonucu tane veriminin 1120.1-1852.8 kg da<sup>-1</sup> değiştiğini belirlemişlerdir. En yüksek verimin ise vejetatif gelişme ve tepe püskülü dönemlerinde yapılan sulamaların etkisiyle oluşabildiği, koçan çıkarma ve süt olum dönemlerinde kısıtlı sulamanın verimi etkilemediği ve tek başına belirli bir dönemde sulama yapmanın verimi olumsuz etkileyebildiği sonucuna ulaşmışlardır.

Özata ve ark. (2016), Orta Karadeniz koşullarında iki yıl süreyle Merit F<sub>1</sub> mısır çeşidinin farklı ekim sıklıkları (50x15, 50x20, 50x25, 70x10, 70x15, 70x20 cm) ve farklı azot dozlarının (N5, N10, N15 N20, N25 kg da<sup>-1</sup>) verim öğeleri üzerindeki değişimi belirlemek amacıyla yaptıkları bu çalışmada, ekim sıklığı ve azot dozları arttıkça bitki boyu, ilk koçan yüksekliği ve hâsil veriminin artmasına etkili olduğunu kaydetmişlerdir.

Öztürk ve ark. (2016), çalışmalarında otuz beş cin mısır hattının bazı kalite özelliklerini arasındaki korelasyon incelendiğinde; sırasıyla ağızda sakızlaşma ile lezzet, patlama hacmi ile tane iriliği, lezzet ve tane nemi arasında pozitif, patlamayan tane oranı ile patlama hacmi, patlamayan tane oranı ve tane iriliği, patlama hacmi ve lezzet arasında negatif bir ilişki tespit edilmiştir.

Sharifi ve Namvar (2016) azot uygulama zamanının [(<sup>1</sup>/<sub>3</sub> ekimde + <sup>1</sup>/<sub>3</sub> 8-10 yapraklı dönemde + <sup>1</sup>/<sub>3</sub> tepe püskülü oluşumu döneminde), (<sup>1</sup>/<sub>2</sub> ekimde + <sup>1</sup>/<sub>2</sub> tepe püskülü oluşumu döneminde), ve (<sup>1</sup>/<sub>2</sub> ekimde + <sup>1</sup>/<sub>4</sub> 8-10 yapraklı dönemde + <sup>1</sup>/<sub>4</sub> tepe püskülü oluşumu döneminde); sırasıyla T<sub>1</sub>, T<sub>2</sub> ve T<sub>3</sub>] ve uygulanan azot miktarının (0, 75, 150, ve 225 kg ha<sup>-1</sup>) mısır bitkisinde fenolojik ve bazı agronomik özellikler üzerine etkilerini araştırmışlardır. Çalışmada en yüksek tane verimi ve diğer bileşenlerden; tepe püskülü çıkış süresi (63.85

gün), koçan püskülü çıkış süresi (68.2 gün) ve fizyolojik olgunluk süresi (128.9 gün), 225 kg ha<sup>-1</sup>N uygulamasının T<sub>1</sub> zamanında uygulanmasından elde etmişlerdir.

Topal (2016) Çukurova koşullarında 4 farklı atdışi mısır çeşidini ana ürün koşullarında yetiştirmiş ve koçan yaprağı klorofil miktarı ile verim ve verim parametrelerini incelemiştir. Araştırma sonucunda çeşitlerin tane verimi yönünden farklılıklar gösterdiğini, ancak koçanda yaprak sayısının çeşitler arasındaki farklılığının istatistiksel olarak önemli olmadığını belirlemişlerdir.

Uwah ve ark. (2016) Nijerya, Calabar'da farklı dozlarda kanatlı gübresinin (0, 5, 10 ve 15 ton ha<sup>-1</sup>) 3 mısır çeşidinde (Oba 98, Oba Süper ve Sammaz 28) büyüme ve verim değerleri açısından farklılıklarını incelemiştir. Sonuçlara göre 15 ton ha<sup>-1</sup> kanatlı gübresiyle gübrelenen mısır bitkileri istatistiki olarak önemli bulunmuş ve yaprak sayısı, koçanda tane sayısı, toplam kuru madde miktarının ağırlığı, koçanda tane ağırlığı, 1000 tane ağırlığı ve tane verimine ait değerlerin diğer özelliklere göre daha yüksek olduğunu belirlemişlerdir. En erken tepe püskülü ve koçan püskülü çıkış süresi 15 ton ha<sup>-1</sup> kanatlı gübre uygulamasından elde etmişlerdir. Çalışmada ikinci ürün ekiminde Sammaz 28 çeşidinin kullanımının ve 15 ton ha<sup>-1</sup> kanatlı gübresi uygulamasının uygun olacağını önermişlerdir.

Ranathunga ve ark. (2016) mısırın patlatılması esnasında farklı miktarda yağ ve tuz eklemenin patlama hacmi, patlama oranı ve patlama yönüne yönelik yaptıkları çalışmada patlama hacminin 8.86-12.29 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>, patlama oranı ve yönü değerinin % 37.37 tek taraflı, % 14.02 çift taraflı, % 33.57 çok taraflı ve % 14.2 patlamamış olarak tespit etmişlerdir.

Yılmaz ve Han, (2016) çalışmalarında Giresun ekolojik koşullarında sekiz mısır çeşidinin (TK 6063, Calcio, Hido, Everest, Carella, Cadiz, Sagunto ve Tavascan) verim ve verim öğelerini belirlemeyi amaçlamışlardır. Araştırmada koçan boyu, koçan çapı, koçanda sıra sayısı, sırada tane sayısı bin tane ağırlığı ve tane verimi gibi özellikler incelenmiş ve bunlardan sadece koçan çapı ve sırada tane sayısı özellikleri bakımından çeşitler arasında istatistiki olarak farklılık görülmediğini kaydetmişlerdir.

Salami ve ark. (2017) güney Benin'in farklı ekolojik bölgelerinden toplanan 87 mısır popülasyonunun agro-morfolojik karakterizasyonunu belirlemek amacıyla yaptıkları bu çalışmada 16 agro-morfolojik karakter (7 kantitatif ve 9 kalitatif özellik) incelemiştir. Elde edilen sonuçlar değerlendirildiğinde popülasyonlar 5 gruba ayrılmıştır. Gruplandırma en ayırt edici özelliklerin çimlenme süresi, koçan püskülü çıkış süresi, bitki boyu, koçan yüksekliği ve duyarlılık olduğunu bildirmişlerdir.

## 2.2. Moleküler Çalışmalar

Kantety ve ark. (1995), 9 patlak mısır ve 8 at dişi mısırdaki 10 ISSR primeriyle analiz etmişler ve bunun neticesinde, polimorfizm oranını % 95 bularak ISSR markör tekniğinin dar tabanlı germplazmlarda polimorfizmini tanımlamada büyük bir potansiyele sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Sicker ve ark. (2000) yaptıkları çalışmada; mısır, buğday, çavdar başta olmak üzere *Gramineae* familyasına ait bitkilerde bol miktarda bulunan ve bitkilerin hayatta kalma stratejilerinde önemli bir rolü olan Benzoxazinoidasetal glikozitlerle ilgilenmişler ve allolapatik etkileri belirlemeye yönelik SSR markörleri ile tarama yapmışlardır.

Sharopova ve ark. (2002) çalışmalarında; mısırdaki izolasyon, karakterizasyon ve SSR markörler kullanarak karşılaştırmalı bir haritalama yapmayı amaçlamışlardır. Bu amaçla yerel ve özel veri tabanları araştırılarak mikrosatellit bakımından zengin bölgeler belirlenerek bu bölgelere uygun 1051 adet SSR markörü geliştirilmiştir. Üç popülasyonun haritası, bu markörlerin 978 adeti kullanılarak oluşturulmuştur. Ana popülasyon haritası B72 x Mo17 (IBM) popülasyonlarının arasında oluşmuştur. Bu aradaki rekombinant kendilenmiş hat popülasyonlarındaki harita, mısır için yeni bir yüksek çözünürlüklü haritaya kaynak gelişimine katkı sağlayacağını ileri sürmüşlerdir.

Liu ve ark. (2003) çalışmalarında, 260 kendilenmiş mısır hattını 94 SSR markörüyle analiz etmişlerdir. Analiz sonucu toplamda 2039 allel, lokus başına ortalama allel sayısını ise 21.7 olarak belirlemişlerdir. Kümeleme analizi sonucunda beş farklı grup oluşturduğunu ve böylelikle, tropikal ve subtropik kendilenmiş hatların, ılıman bölgelerdekine kıyasla daha fazla sayıda allel ve daha fazla gen çeşitliliğine sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Santacruz-Varela ve ark. (2004) 9'u Latin Amerika'dan ve 56 USA'den toplamda 65 mısır popülasyonunu 29 morfolojik özellik, 18 izozim lokusu ve 31 SSR lokusuyla analiz ederek sonuçları kümeleme analizine tabi tutmuşlardır. Mevcut popülasyona izozim, SSR ve morfolojik özellikler yönünden 3 gruba ayrıldığını kaydetmişlerdir.

Bered ve ark. (2005) çalışmalarında üç farklı Brezilyalı tatlı mısır popülasyonlarında, popülasyon içi ve popülasyonlar arası moleküler genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla, 11 RAPD ve 6 SSR primeri kullanmışlardır. Popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik benzerliği, markörleri birbirlerinden bağımsız ve birlikte olarak değerlendirerek tahmin etmeye çalışmışlardır. Her lokus için değişkenlik Polimorfizm Bilgi İçeriği (PIC) kullanılarak

ölçülmüş ve çift yönlü matrisler arası korelasyonu belirlemişlerdir. Genetik benzerlik ve moleküler varyans analiz sonuçlarında popülasyon içi benzerliğin daha fazla olduğunu ve RAPD primerlerinin SSR primerlerine göre daha düşük PIC değeri verdiğini tespit etmişlerdir.

Beyene, (2005) Etiyopya'nın taban arazilerine adapte olmuş 62 mısır yerel popülasyonda, 15 morfolojik özellik kullanarak genetik çeşitliliği araştırmış ve özellikler arasında korelasyonu incelemiştir. Korelasyon sonucunda tepe püskülü çıkış süresi ile bitki boyu (0.740\*\*), koçan yüksekliği (0.740\*\*), yaprak sayısı (0.460\*\*), koçan uzunluğu (0.620\*\*), bitki boyu ile koçan yüksekliği (0.990\*\*), yaprak sayısı (0.490\*\*), koçan uzunluğu (0.700\*\*), koçan kalınlığı (0.330\*\*), Koçan yüksekliği ile yaprak sayısı (0.470\*\*), koçan uzunluğu (0.600\*\*), koçan kalınlığı (0.420\*\*) arasında % 1 düzeyinde olumlu ve önemli ilişkiler saptamıştır.

Amorim ve ark. (2006) çalışmalarında; 3 tek melez mısır (S<sub>0</sub>) popülasyonundan elde edilen popülasyon içi ve popülasyon dışı 163 melez bitki (S<sub>1</sub>) elde edilmiş ve bu bitkilerden dane verimi bakımından 2 iyi özellikte, 2 kötü özellikte ve onların ebeveynleri seçilerek 47 SSR primeriyle analiz ederek, S1 kendilenmiş hatların her biri arasındaki Modifiye Roger Uzaklık (MRD), allel sayısı ve her bir primerin polimorfik bilgi içeriği (PIC) belirlemeye çalışmışlardır. Analiz sonucunda, allel sayısı 186, ortalama allel sayısı 3.96 belirlenmiş, PIC değeri ise 0.49-0.80 arasında değişmekle birlikte ortalama PIC değeri 0.65 olarak belirlenmiştir. S1 bireyleri arasındaki genetik farklılık ortalama olarak 0.75 (0.40-0.89) bulunmuştur. Tane verimi ve MRD arasındaki korelasyon açısından incelediklerinde popülasyon içi yüksek ve önemli bulunurken, popülasyon arası düşük ve önemsiz çıktığını bildirmişlerdir.

Beyene ve ark. (2006), 62 ticari mısır genotipini 20 SSR ve 15 morfolojik özellik bakımından analiz ederek genetik çeşitliliği belirleme çalışmışlardır. Moleküler analiz sonucu lokus başına düşen ortalama allel sayısını 4.9, genetik farklılık oranını 0.27-0.63 arasında ve ortalama genetik farklılığı ise 0.49 olarak bulmuşlardır.

Yao ve ark. (2007), çalışmalarında Çin'in güneybatısında kullanılan 54 yerel mısır genotipler arasında ki genetik çeşitliliği belirlemek için mısırın 10 kromozomunda dağılmış 42 SSR primerleriyle bulk DNA örnekleri kullanılarak test etmişlerdir. Genotipler arasında toplamda 256 allel tespit etmişlerdir. Her bir lokusta 2-9 arasında allel elde edip, ortalama allel sayısını 6.1 olarak belirlemişlerdir. Genetik benzerlik katsayılarına dayanarak, kümeleme

analizi genotiplerin bulunduğu bölgeyle ilişkili dört grup altında toplandığını belirlemişlerdir. Yerel çeşitlerdeki genetik yapı ve genetik çeşitliliği ortaya çıkarmak için, 11 yerel çeşitten 165 bitki analiz etmişler ve genetik çeşitliliği belirlemede, tek bitki üzerinden elde edilen DNA örneklerinin bulk (toplu) DNA örneklerinden daha iyi olduğu belirlemişlerdir. Analiz sonucunda, 11 yerel genotipten 330 allel belirlemişlerdir. Tek bitki DNA örnekleme analiz sonuçlarına göre, ortalama allel sayısı 7.86, etkin allel sayısı 3.90 ve beklenen heterozigotluk dışında gözlemlenen heterozigotluk seviyesini 0.37 olarak belirlemişlerdir. Hardy-Weinberg genetik sapma hem popülasyon içinde hem de popülasyonlar arasında belirgin bir şekilde gözlemlenmiştir.

Adetimirin ve ark. (2008), çalışmalarında 17 elit mısır hattını, mısır genomunun kodlanmayan bölgesinden tasarlanan 18 SSR primeriyle taramışlar ve bunun neticesinde, toplamda 174 allel, marker başına 5-15 allel ve her lokusta 9.7 ortalama allel sayısı gözlemlenmiştir.

Dandolini ve ark. (2008), 10 patlak mısır hattında genetik farklılığı belirlemek için SSR markörlerini kullanmışlar ve lokus başına düşen allel sayısının 2-5 arasında değiştiğini, lokustaki polimorfizm oranı Curagua hattında % 50 ile en yüksek değeri verirken, ZeliaII'yi en monomorfik (%100) hat olarak belirlemişlerdir.

Vilela ve ark. (2008), 3 popülasyondan seçtikleri 90 genotipi 14 RAPD primeriyle analiz etmişler, 10'u monomorfik ve 83'ü polimorfik olmak üzere 93 adet bant elde ederek polimorfizm oranını % 89.24 olarak bulmuşlardır.

Yao ve ark. (2008), Çin'in Wuling dağı bölgesinde yetiştiriciliği yapılan yerel mısır çeşitlerindeki genetik çeşitliliği belirlemeye yönelik çalışmalarında; 124 yerel mısır popülasyonundan elde ettikleri DNA örneklerini (bulk) 45 SSR belirteciyle analiz etmişler toplamda 286 allelde ortalama 6.4 allel elde etmişler ve polimorfizm oranını % 96.8 olarak belirlemişlerdir. Kümeleme analizinde 5 ana grup oluşurken, benzerlik katsayısını 0.40 olduğunu belirlemişlerdir.

Bitocchi ve ark. (2009) çalışmalarında, İtalya'da 1950'li yıllarda toplanan ve son zamanlarda toplanan yerel atdışı mısır genotiplerini moleküler açıdan karşılaştırmışlardır. Toplamda 296 genotip 21 SSR primeri kullanılarak analiz etmişlerdir. Elde ettikleri sonuçlara göre son 5-10 yılda toplanan mısır genotiplerinin, modern hibrit mısırlar getirilmeden önce İtalya'da oraya özgü mevcut gen havuzundan geliştirildiğini, popülasyon yapısı, çeşitliliği ve

bağlantı (linkage) dengesizliği analizleri sonucunda ise melez çeşitlerden yeni yerel popülasyonlara kadar önemli miktarda introgenesis gözlemlendiğini bildirmişlerdir.

Bracco ve ark. (2009), 131 patlak mısır genotipini, 9 SSR markörüyle taramış, toplamda 65 allel elde etmişler ve her lokus başına düşen allel sayısını 7.22, ortalama gen çeşitliliğini ise 0.370 olarak bulmuşlardır.

Lia ve ark. (2009), Arjantin'in kuzeybatısında yetiştirilen 6 mısır popülasyonundan 147 genotipi 18 SSR markörle, genetik çeşitliliği ve bu bölgeye ait yerel çeşitleri moleküler içeriğini belirlemeye çalışmışlardır. Analiz sonucunda, toplamda 184 allel belirlemişler ve lokus başına ortalama allel miktarını 10.2 olarak hesaplamışlardır. Ayrıca, genetik farklılığı 0.571 olarak bulmuşlardır. Bu sonuçların neticesinde, mısır çeşitliliği ve daha derin incelenebilmesi için bölgesel çalışmalarına entegrasyonun önemini vurgulamışlardır.

Lima ve ark. (2009), çalışmalarında yoğun bir genetik harita oluşturmak için 2 tropik mısır hattını (L-02-03D ve L-20-01F) melezlemişler ve bunlardan elde edilen 256 F2 bireyini 139 SSR markörüyle analiz etmişlerdir. Bu analiz sonucunda ortalama 13.47 cM uzunluğunda bitişik markörler arasına yayılmış 10 bağlantı grubunu içeren bu haritanın 1,858.61 cM uzunluğunda olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca mısır genetik haritalama kutularının (bins) %77'sini kapladığını ve önceki tropikal mısır haritaların kapsamıyla ilgili olarak %14 artış olduğunu bildirmişlerdir.

Munhoz ve ark. (2009), RS 20, UNB2, CMS 43, CMS 42, Zélia, UEM J1, UEM M2, Beija-Flor, ve Viçosa patlak mısır çeşitlerini tüm olası kombinasyonlarını deneyerek melezleme yapmışlar ve elde ettikleri hibritlerden 36 tanesi ve genitor olarak kullanılan çeşitlerle beraber RAPD analizine tabi tutmuşlar ve bundan elde edilen sonuçlara göre; UEM J1 ve Zelia çeşitlerinin birbirinden çok farklı olduğunu ancak RS 20 ve UNB2 çeşitlerinin de birbirine çok benzediğini belirtmişlerdir. Ayrıca RAPD markör tekniğiyle yapılan analizlerde, dominant lokusların etkisini dikkate almadan, sadece genetik mesafeye göre genetik farklılığı ve heterosisin arasında ki ilişkiyi beklenmemek gerektiğini ifade etmişlerdir.

Shehata ve ark. (2009), çalışmalarında, basit dizi tekrarlaması analizi (SSR) kullanılarak kendilenmiş mısır hatları arasındaki genetik çeşitlilik seviyesinin tahmin edilmesini amaçlamışlardır. Araştırmada 8 kendilenmiş mısır hattını 6 SSR markörüyle analiz etmişler, sonuçları değerlendirdiklerinde toplamda 50'yi aşkın allel elde etmişler, lokus başına allelleri değerlendirdiklerinde lokus başına allel sayısı 2-10 arasında değişmekle birlikte ortalama allel sayısını 4.35 olarak belirlemişlerdir. Ayrıca, lokus başına PIC değeri 0.42- 0.88



arasında deęiřtięini, ortalama PIC deęerini 0.58 ve ortalama genetik eřitlilięi 0.67 olarak belirlediklerini bildirmişlerdir.

Silva ve ark. (2009), genetik eřitlilięi belirlemek amacıyla 25 patlak mısır genotipinde he eřitten 78 bitki üzerinde SSR analizi yapmışlardır. Patlak mısırdaki 9 kromozom üzerine dağılmış şekilde belirlenen 23 SSR markörüyle yapılan analiz sonucu Tocher metodu kullanılarak kümeleme analizi tabii tutmuşlar ve mevcut eřitlerden Arjentina, Cili, PA-091 ve PR-023 ‘ün dięer eřitlere göre genetik eřitlilik bakımından daha farklı bulmuşlardır.

Eschholz ve ark. (2010), İsvire ve evre komşu ülkelerden elde edilen mısır genotiplerinde genetik eřitlilięi belirlemek amacıyla 186 mısır genotipi 10 SSR primeriyle karakterizasyon ve sonrasında kümeleme analizi yapmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre; her lokus başına ortalama 13.5 allel düşmüş, toplamda 135 allel elde etmişlerdir.

Leal (2010), 10 adet hibrit patlak mısır RAPD ve SSR primerleriyle analiz etmiş, 9 RAPD primerinden toplamda 126 bant ve primer başına ortalama allel sayısını 11.6 olarak bulmuştur. SSR primerlerinde ise, her bir lokus başına düşen allel sayısı 2-5 arasında deęiřtięini, 14 SSR lokusu için toplamda 47 allel olduğunu belirtmiştir. Tüm bu veriler neticesinde moleküler markörlerin kombinlenerek kullanılmasının tek başına kullanılmasına nazaran daha iyi sonuçlar verdięini böylelikle bir markörde meydana gelebilecek olan hata veya eksiklikleri dięer markörün tamamlayabileceęini ifade etmiştir.

Morales ve ark. (2010), alışmalarında Arjantin’de yetiřtiricilięi yapılan 25 kendilenmiş turuncu sert mısır genotiplerini 21 SSR primeri ile analiz etmişler ve böylelikle genotipler arasında genetik eřitlilięi ve heterotik grupları belirlemeye alışmışlardır. Analiz sonucunda toplamda 108 allel, ortalama 5.14 allel, ortalama genetik eřitlilik deęeri 0.68 elde etmişler ve yaptıkları kümeleme analizinde genotiplerin 4 gruba ayrıldığını bildirmişlerdir.

Sharma ve ark. (2010), Hindistan’da Himalayaların Kuzey Doğusunda yetişen morfolojik olarak yüksek eřitlilięe sahip olan 48 yerel mısır eřidinde fenotipik ve moleküler karakterizasyon yapmayı amaçlamışlardır. Moleküler analiz için 42 SSR primeri kullanarak, en yüksek polimorfizm oranını 0.60 ve lokus başına düşen ortalama allel sayısını 13.0 olarak belirlemişlerdir.

Van Inghelandt ve ark. (2010), alışmalarında 1537 elit mısır popülasyonunu 359 SSR ve 8244 SNP belirteleriyle analiz ederek; (a) SSR markörlerinin incelenen

popülasyonun genetik yapısı ve genetik çeşitliliği, (b) elde edilen sonuçları SNP belirteçlerinden elde edilen sonuçlarla karşılaştırmayı, (c) SSR ve SNP belirteçlerinden hesaplanan genetik uzaklığı belirlemeyi amaçlamışlardır. Elde ettikleri sonuçlar neticesinde SSR'ların popülasyon yapısı ve genetik çeşitliliği belirlemede SNP belirteçlerine göre 7-11 kat daha kullanışlı olduğunu kaydetmişlerdir.

Cholastova ve ark. (2011), çalışmalarında 30 hibrit mısır da moleküler genetik çeşitliliği SSR ve RAPD belirteçleri ile tahmin etmeye ve bu belirteçlerden elde edilen genetik ilişki değerlerini karşılaştırmayı amaçlamışlardır. Bu iki metodu karşılaştırmak için polimorfik bant sayısı, lokus başına ortalama allel sayısı, lokus başına etkili allel sayısı, beklenen heterozigotluk, etkinlik analiz indeksi ve polimorfizm bilgi içeriği gibi genetik parametreleri hesaplamışlardır. Ortalama PIC değerlerini SSR belirteçinde 0.7 (0.47-0.91) ve RAPD belirteçinde 0.61 (0.44-0.82) olarak belirlemişlerdir. SSR belirteçleri için Nei ve Likat sayıları ve RAPD belirteçleri için Jaccard katsayısı kullanılarak genetik benzerliği (GS) hesaplamışlardır. SSR için, GS% 26.3 - 88.5 (ortalama% 58.8); RAPD için GS % 6.7-86.7 (ortalama% 49.5) arasında değiştiği belirlemişlerdir. RAPD ve SSR belirteçlerinin benzerlik matrisleri arasındaki korelasyonu ise 0.11 olarak tespit etmişlerdir.

Reid ve ark. (2011), çalışmalarında Tarım ve Tarımsal Gıda Kanada'nın (AAFC) 1920'lerin başından beri geliştirdikleri, bölgeye uyarlanmış erkencilik özelliği taşıyan mısır çeşitleri ve kendilenmiş hatlardan 119'u kendilenmiş elit mısır hattı olmak üzere 129 genotip 105 SSR belirteci kullanarak sınıflandırmaya, genetik yapı ve çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. Analiz sonucunda toplam 380 allel, ortalama 3.62 (2-7) allel, ortalama PIC değerini 0.68 (0.07-0.93), ortalama genetik benzerliği 0.64 (0.53-0.93) olarak belirlemişler ve kümeleme analizinde genotiplerini 10 ana gruba ayrıldığını gözlemlemişlerdir.

Shiri (2011), çalışmasında 38 hibrit mısır genotipinin kuraklığa olan dayanıklılığını tespit etmek amacıyla sulu ve susuz koşullarda denemeye almışlar ve strese duyarlılık indeksi, ortalama verimlilik, tolerans ve stres tolerans indeksi gibi kuraklık tolerans indekslerini belirlemiştir. Ayrıca bu genotipler 12 SSR primeri ile analiz ederek genotipler arasındaki genetik ilişkileri değerlendirmeye ve kuraklığa toleransı belirlemeye çalışmıştır. Moleküler analiz sonucunda toplamda 40 allel, ortalama 3.33 allel, ortalama PIC değerini 0.53 olarak belirlemiş ve sonuçlar ışığında SSR belirteçlerinin mısırdaki kuraklık toleransını belirlemeye yönelik yararlı bilgiler sunduğunu ifade etmişlerdir.

Yang ve ark. (2011), çalışmalarında 154 kendilenmiş mısır hattını 82 SSR ve 884 SNP dayalı genetik farklılığı belirlemeye ve elde edilen sonuçları kıyaslamaya çalışmışlardır. Analiz sonuçlarına göre SSR ve SNP'lerin ortalama heterozigotluk oranını sırasıyla 0.65 ve 0.44 ve bu belirteçlerin PIC değerleri sırasıyla 0.61 ve 0.34 olarak belirlemişlerdir. Ayrıca SSR belirteçlerinin SNP'lere göre genetik çeşitlilik açısından daha bilgilendirici olduğunu vurgulamışlardır.

Yu ve ark. (2011), yaptıkları çalışmada mısır (*Zea mays* L.) bitkisinde SSR polimorfizmini belirlemek amacıyla yüksek çözünürlüklü erime eğrisi sistemini geliştirmişlerdir. Bu yöntemi, farklı mısır hatlarında F<sub>2</sub> genotiplerinde SSR polimorfizmini belirlemek için başarıyla kullandılar. Böylelikle yüksek çözünürlüklü erime eğrisi – SSR sistemi SSR PCR amplifikasyonundan sonra elektroforez yerine kullanılabilir olduğunu önermişlerdir.

Eloi ve ark. (2012), çalışmalarında SSR markörlerini kullanarak Brezilya'da yüksek heterozigotiye sahip cin mısır çeşidinin belirlenmesini amaçlamışlardır. Böylelikle on beş SSR markörü kullanarak sekiz cin mısır popülasyonunda genetik yapı ve çeşitliliği analiz etmişlerdir. Çalışma sonucunda toplamda 57 allel belirlenmiş, en yüksek allel sayısı (4.21) ve en yüksek genetik çeşitlilik (0.763) Umc2226 marköründen elde etmişlerdir. Lokustaki allel sayısı 0.1029 (Umc1664) ile 0.6010 (Umc2350) arasında değişmekle birlikte ortalama 0.3664 olarak tespit etmişlerdir.

Krishna ve ark. (2012), çalışmalarında 63 mısır hattının genetik çeşitliliğini belirlemek için 48 SSR primeri kullanmışlar ancak bunlardan sadece 37'sinde polimorfik bant elde etmişlerdir. Bu 37 SSR belirtecinden toplamda 151 allel elde ederken bu alleller 2-6 arasında değişkenlik gösterdiğini ifade etmişlerdir.

Romay ve ark. (2012), yerel mısır (*Zea mays* L.) çeşitlerinin mısır ıslahında genetik çeşitliliği bakımından zengin bir kaynak olduğu düşüncesiyle yerel 10 mısır popülasyonunu 76 polimorfik SSR markörleriyle analiz ederek genetik çeşitliliği belirleme çalışmışlardır. Analiz sonucunda; allel frekansları, kantitatif özellik loci (QTL) tane verimi ile ilgili olarak 3.04, 7.03, 9.01, ve 9.03 bölgelerde, popülasyon dışı 3 markör ve popülasyon içi 1 markör için önemli ölçüde değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir.

Acı ve ark. (2013), sahra çölüne adapte olmuş mısır genotiplerinin strese toleranslılık bakımından önemli bir germplazm kaynağı olduğu gerekçesiyle bu bölgede yetiştiriciliği yapılan yerel mısır genotiplerinin genetik çeşitliliğini belirlemeyi amaçlamışlardır. Böylelikle

Cezayir'in coğrafi çeşitliliğini temsil eden 15 mısır genotipini 18 SSR belirteciyle karakterize etmiştir. Analiz sonucunda polimorfizm oranını % 93 olarak belirlerlerken, toplam allel sayısını 87, ortalama allel sayısını 5.8 toplam genetik çeşitlilik ( $H_e$ ) 0.57 olarak belirlemişler ve yaptıkları kümeleme analizinde genotiplerin 3 ana gruba ayrıldığını belirlemişlerdir.

Adeyemo ve Omidiji (2014) çalışmalarında, 122 tropikal adaptasyona sahip, sarı endospermli kendilenmiş mısır hatlarını, toplam genetik çeşitliliği değerlendirmek için 62 SSR markörleriyle analiz etmişler ve karotenoid, likopen epsilon siklaz (LCYE) ve  $\beta$ -karotenhidroksilaz 1 (crtRB1) aday genlere özel alleller kendilenmiş hatlar arasında doğrulamışlardır. Böylelikle toplamda, polimorfik 51 SSR lokusu, 190 allel ve lokus başına ortalama 3.72 allel belirlemişlerdir. Kendilenmiş hatları arasında PIC değerleri 0.12-0.74 değişmekle birlikte ortalama 0.43 olarak belirlenmiştir. Ayrıca SSR markörlerin genetik mesafesi ise 0.02-0.61 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 0.41 bulmuşlardır.

Frascaroli ve ark. (2013), Avrupa'nın elit at dişi ve sert mısırları arasındaki genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 731 AFLP, 186 SSR, MaizeSNP50 dizininde 41.434 SNP (SNP-A), 30.068 Panzea (SNP-P) ve 11.366 Syngenta (SNP-S) belirteçler kullanarak analiz etmişlerdir. Analiz sonucunda farklı heterotik gruplar elde etmişler ve bu materyallerin ıslah çalışmalarında kullanılabileceğini önermişlerdir.

Jia ve ark. (2013) çalışmalarında, W64A kendilenmiş hattında opaque2 ile değişime uğrayan gen ve proteinleri daha iyi anlayabilmek amacıyla transkrip profilme ve proteomik analizleri birlikte kullanmışlardır. Bu analizler, sorbitol dehidrogenaz ve gliseraldehid3- fosfat dehidrogenaz gibi lizin açısından zengin proteinlerin birikiminin olgun çekirdeklerde arttığını ve opaque2 geninin lizin içeriğinde önemli ölçüde katkıda bulunduğunu göstermiştir. Araştırmacılar bu durumun, beta-glikozidaz toplayıcı faktörü gibi bazı savunma proteinlerinin olumsuz etkileyebileceği ve opaque2 geni tarafından direk etkilenebileceği sonucunu çıkarmışlardır. Mutant mısır bitkilerinde çok sayıda nişasta biyosentezi expressiyonunda değişiklik olduğu ve bunun daha yüksek derecede kristalize nişasta ile ilişkili olduğu sonucunu çıkarmışlardır.

Kanagarasu ve ark. (2013), çalışmalarında 27 kendilenmiş mısır hattını 10 SSR belirteciyle analiz etmişler ve toplamda 23 polimorfik allel, ortalama ise 2.3 allel elde etmişler, PIC değerini 0.45 olarak belirlerken yapmış oldukları dendogram analizinde genotiplerin 0.62 benzerlik katsayısı ile 5 gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Pineda-Hidalgo ve ark. (2013), çalışmalarında Meksika'nın Sinaloa bölgesinde yerel olarak yetiştirilen mısır popülasyonlarının genetik çeşitliliğinin belirlenmesi ve ıslah çalışmalarında kullanılabilecek popülasyonların belirlenerek koruma altına alınmasına katkıda bulunmayı amaçlamışlardır. Bu nedenle temin edilen 28 popülasyondan toplamda 396 örnek alınarak mısır genomu boyunca dağılım gösteren 20 SSR primeri ile analiz etmişlerdir. Toplamda 121 allel, ortalama 6.1 allel belirlemişler ve buradan genetik çeşitliliği 0.72, PIC değerini 0.68 olarak hesaplamışlardır. UPGMA kümeleme analizinde genotiplerin 3 ana gruba ayrıldığını belirlemişlerdir.

Mienie ve Fourie (2013), çalışmalarında beyaz ve sarı kendilenmiş mısır hatlarının da bulunduğu 1043 mısır genotiplerini genom boyunca dağılım gösterecek şekilde 80 SSR belirteci kullanarak karakterize etmişler ve toplamda 1874 allel belirleyip genetik çeşitlilik analizinde kullanmışlardır. Rogers mesafe ölçümleri ile yapılan kümeleme analizi ıslah hattını birkaç kümeye ayırmış ve bilinen soy ağacı ile eşleştirdiğini bildirmişlerdir.

Molin ve ark. (2013), yerel mısır popülasyonlarında genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla Rio Grande do Sul ve Paraná'nın farklı bölgelerinden temin ettikleri 48 mısır popülasyonunu 47 SSR markörü ile analiz etmişler ve toplamda 105 polimorfik bant elde etmişler ve ayrıca polimorfik indeksi % 78.3 olarak kaydetmişlerdir.

Park ve ark. (2013), çalışmalarında mumsu mısır ve tatlı mısırdaki (*Zea mays* L.), yeme kalitesi ile ilgili niceliksel lokus (QTL) tespit etmek için, mumsu mısır kendilenmiş hattı ve kendilenmiş tatlı mısır arasında melezlemeden elde edilen bir F<sub>2</sub> popülasyonu üzerinde QTL analizi gerçekleştirmişler ve bu çalışmada, perikarp kalınlığı (PER), amiloz içeriği (AMY), dekstroz içeriği (Dex) ve sakroz içeriğine (SUC) sahip olan 158 F<sub>2</sub> bireylerde 10 QTL bölgesi bulunmuştur. Bunlardan dördü QTLs, qAMY4 (% 10.43), qAMY9 (% 19.33), qDEX4 (% 21.31) ve qSUC4 (% 30,71) arasında, ana QTLs olarak kabul edilebilir olduğu, üçünün ise qAMY4, qDEX4 ve qSUC4, AMY kuşatılmış bir bölge içinde yer alan bölgeler olduğu belirlemişlerdir. Ayrıca, amiloz içeriği QTL phi027 ve umc1634 belirteçleri arasında bulunmuş olduğunu çalışmalarında ifade etmişlerdir.

Qu ve Liu (2013), 345 kendilenmiş mısır hattını 58946 SSR belirteciyle analiz etmişler, bunlardan 55621 'i polimorfizm gösterdiğini ve buradan da ortalama PIC değerini 0.498 olarak belirlediklerini bildirmişlerdir.

Reyes-Valde's ve ark. (2013) çalışmalarında, mısır popülasyonlarında tahmin edilen allel frekanslarını 30 SSR lokusunun verdiği bilgilere göre tahmin etmişler ve her lokustaki

allel sayısıyla pozitif ilişkili olan markörlerin bilgilendirici niteliğinin geniş bir varyasyon gösterdiğini belirlemişlerdir.

Savedra ve ark. (2013), çalışmalarında Brezilya gen bankasından elde ettikleri 28 cin mısır popülasyonundan 420 bitkinin genetik karakterizasyonu belirlemeye çalışmışlardır. Tüm genotipler 11 SSR belirteçle genotiplendirmişlerdir. Kümeler arasındaki genetik farklılaşmayı Monte Carlo Markov zincirleri vasıtasıyla Bayesian kümeleme yaklaşımını uygulamışlar, sonuç olarak 3 farklı ve kuvvetli diferansiye edilmiş genetik grupların oluştuğunu belirlemişlerdir. Farklı kümeler arasındaki genetik farklılaşma değerlerinin posterior ortalaması tahminlerine göre 1. grup 0.086 (0.04-0.14), 2. grup 0.49 (0.376-0.624) ve 3. grubu 0.243 (0.173-0.324) olarak gözlemlemişlerdir.

Şuteu ve ark. (2013) çalışmalarında, güney doğu Avrupa'da yayılış gösteren mısır germplazmalarının genetik, morfolojik, fizyoloji ve biyokimyasal karakterizasyonu belirlemek amacıyla 8'i uluslararası çeşit 82'i kendilenmiş hatlar olmak üzere toplamda 90 mısır genotipi materyal olarak kullanmışlardır. Moleküler karakterizasyonda bu genotipler genom boyunca yayılış gösterecek şekilde belirlenen 80 SSR belirteciyle analiz etmişlerdir. Analiz sonucunda toplamda 920 allel ve lokus başına ortalama 11.5 allel elde etmişlerdir. Ortalama heterozigotluk oranı ve PIC değerlerini sırasıyla 0.0089 ve 0.73 olarak belirlemişlerdir.

Xu ve ark. (2013) çalışmalarında, SSR bölgelerinin çokluğunu belirlemek ve bir dizi yüksek yoğunluklu polimorfik SSR markörleri geliştirmek amacıyla 17 genom dizisi kullanmışlar ve toplamda 264658 SSR tespit etmişlerdir. Markör yoğunluğunu her 15.48 kb'da bir SSR olarak belirlemişlerdir. PIC değeri 111887 lokusta 35573 polimorfik SSR için 0.05-0.83 arasında değiştiğini ve test edilen 17 genom bölgesi için PIC değerini 0.31 olarak tespit etmişlerdir.

Yang ve ark. (2013), bu çalışmalarında mısırdaki tanede yağ oranıyla nişasta oranını birbirleriyle olan ilişkisini araştırmak amacıyla yüksek yağ içeriğine sahip kendilenmiş mısır hattı ile normal kendilenmiş dış mısır melezlenerek elde edilen bireyler 313 SSR markörü kullanarak tek popülasyon üzerinde QTL, her iki popülasyonda QTL ve her iki özellik bakımından QTL analizi yapmışlar, her iki popülasyonda da dört farklı çevre şartında nişasta ve yağ içeriği arasındaki korelasyon fenotipik ve genotipik olarak önemli düzeyde olumsuz gözlemlemişlerdir.

Zheng ve ark. (2013), yapmış oldukları çalışmada SSR markörlerini kullanarak Çin'in yerel mumlu mısır genotiplerindeki genetik çeşitliliği araştırmışlar, genotipler arasında

yüksek düzeyde genetik çeşitliliğin olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca filogenetik analiz sonucunda Çin'in mumlu mısırının sert mısırdan kökenlendiği ve günümüzde en çok kullanılan mumsu mısır hatlarının Çin'in güneybatısındaki genotiplerle karşılaştırıldığında aralarındaki farklılıkların hem köken hem de evrim açısından birbirlerinden oldukça bağımsız olduğunu ifade etmişlerdir.

Zhang ve ark. (2013) çalışmalarında, yüksek oranda lizin üretimine katkıda bulunduğu düşünülen o2 ve o16 genlerini, yüksek lizin miktarına sahip mısır kendilenmiş hattı TAI XI19 (o2o2) ve verici (donör) olarak QCL3021 (o16o16) ve reseptör olarak ise mumlu mısır kendilenmiş hattı QCL5019 (wxwx) ile üçlü melezleme yapmışlar ve bu melezleri tekrardan geri melezleme yaparak elde ettikleri bireyleri wx ve o2 genleri için phi27 ve phi112 SSR markörleriyle ve o16 genini ise umc1121 SSR markörünü kullanarak ön seleksiyon işlemi uygulamışlardır. Elde ettikleri sonuçlara göre melez bireylerde amilopektin düzeyi QCL5019 genotipiyle benzer iken lizin miktarının arttığını kaydetmişlerdir.

Chen ve ark. (2014) çalışmalarında, phi057 ko-dominant SSR markörünü kullanarak mısırdaki kaliteli proteine sahip olduğunu bildikleri kendilenmiş hat olan CA339 (o2o2) ve elit kendilenmiş mısır olan liao2345 (O2O2) genotiplerinde, markör aracılı seleksiyon (MAS) ile o2 yakın izojenik çizgileri (NILs) oluşturmaya çalışmışlardır. liao2345/o2-1 ve liao2345/o2-2 olmak üzere iki farklı o2 NIL yapısını gözlemlemişler ve bu yapılardan liao2345/o2-1, bulunduğu bireylerde camsı bir endosperm yapısının ve tanedeki lizin miktarının ebeveynlerle aynı düzeyde bulunduğunu ve liao2345/o2-2'nin ise mat bir endosperm yapısının yanı sıra lizin miktarında da artışa sebep olduğunu belirlemişlerdir. Burada liao2345/o2-2, liao2345/o2-2 kodonunun başlangıcı ve TATA kutusu arasına rbg transpoz elementlerinin eklenmesiyle inhibe edildiği yargısına ulaşmışlar. Ayrıca yaptıkları SDS-PAGE analiziyle de bu sonuçları desteklemişlerdir.

Shiri ve ark. (2014) çalışmalarında, 38 hibrit mısırdaki 12 SSR primeri ile analiz ederek genotipler arasındaki genetik farklılığı belirlemeyi amaçlamışlardır. Analiz sonucunda toplamda 40 allel, primer başına ortalama 3.33 allel elde etmişler ve bunların hepsinin polimorfik olduğunu bildirmişlerdir. Polimorfik bilgi içeriğinin 0.23-0.79 arasında değiştiğini ve ortalama PIC değerini 0.53 olarak elde ettiklerini bildirmişlerdir.

Abd El-Azeem ve ark. (2015) çalışmalarında, 22 mısır genotipini 10 SSR belirteci ve 100 tane ağırlığı üzerine etkili olduğu bilinen 50 SRAP belirteci ile karakterize etmişlerdir. SSR belirteçlerinden sadece 6 tanesi polimorfik bant üretmiş, toplamda 24 allel gözlenmiş ve

ortalama allel sayısı 2.1 olarak belirlemişlerdir. Genetik benzerlik katsayılarına dayanarak UPGMA kümeleme analizinde genotipleri 4 gruba ayrılan iki kümeye dağılım gösterdiğini gözlemlemişlerdir.

Afonso (2013) çalışmasında, Mozambik bölgesine özgü yerel mısır çeşitlerinde genetik yapı ve çeşitliliği belirlemek için Ulusal Mozambik Gen Banka'sından temin ettiği 27 mısır popülasyonunu 11 SSR belirteciyle karakterize etmiştir. Sonuçlara göre toplamda 84 allel, ortalama 7.63 allel, ortalama gözlenen heterozigotluğu 0.36, ortalama beklenen heterozigotluğu 0.67, ortalama Shannon bilgi indeksini 1.40 olarak belirlemiş ve genotipler arası varyasyonun %88.28 düzeyinde gözlenirken, yapmış olduğu kümeleme analizinde aynı ekolojik bölgede ki genotiplerin aynı grupta yer aldığını kaydetmiştir.

Efendi ve ark. (2015), 51 kendilenmiş mısır genotipinde homozigotluğu ve genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 51 kendilenmiş mısır genotiplerini 36 SSR belirteci ile analiz etmişler ve 30 kendilenmiş mısır genotipinin homozigotluk düzeyinin % 80'den daha fazla olduğunu, bu genotiplerdeki genetik çeşitliliğin orta derecede yüksek olduğunu ayrıca genetik benzerliğin 0.22-0.87 arasında değişmekle birlikte 6 farklı heterotik grup oluşturduğunu ifade etmişlerdir.

Elçi ve Hançer (2015) çalışmalarında, ticari önemi yüksek 3 hibrit mısır çeşidi ve bunların elde edildiği kendilenmiş saf ebeveynleri, 50 adet SSR markörü ile analiz etmişler ve böylelikle moleküler belirteçlerin genetik saflık ve genetik çeşitlilik analizlerinde kullanılabilirliğini belirlemeyi amaçlamışlardır. Analiz sonuçlarına göre 50 SSR'dan 23'ü 0.69 PIC değeri ile hibrit çeşitleri arasındaki farklılığı belirlemişler, hibrit tohumlarda ki genetik saflığın % 98'den yüksek olduğunu gözlemlemişlerdir. Kümeleme analizinde ise genotiplerin 3 ana gruba ayrıldığını ve SSR primerlerinin genetik saflık ve çeşitlilik analizinde kullanılmasının yararlı olabileceğini önermişlerdir.

Galvao ve ark. (2015), 80 genotipi (40 Piranao ve 40 CIMMYT) 20 SSR primeri ile karakterize etmişler ve analiz sonucunda toplam 93 allel, primer başına 1-8 arasında değişmekle birlikte ortalama 4.65 allel elde etmişlerdir. Polimorfik bilgi içeriği 0.27-0.76 arasında değişmekle birlikte ortalama 0.55, Shannon indeksine göre ortalama genetik çeşitlilik 0.89 (CIMMYT) ve 1.04 (Piranao) olarak belirlemişlerdir.

Ignjatovic-Micic ve ark. (2015) çalışmalarında, 9 sert mısır ve 9 atdışi mısırı 10 SSR belirteciyle karakterize etmeye çalışmışlar ve amplifikasyon sonucunda toplam allel sayısını sert mısır için 56, atdışi mısır için 63 elde etmişler ve PIC değerini 0.822 olarak



gözlemlemiştir. Genetik varyasyonun sert mısırdaki (0.11-0.38), atıfı mısıra (0.22-0.33) göre daha yüksek olduğunu bildirmiştir.

Jelena ve ark. (2015), cin mısırdaki tane neminin patlama kalitesine olan etkilerini incelemek amacıyla farklı nem içeriğine (% 8, 10, 12 ve 14.2) sahip 12 hibrit cin mısır çeşidinde patlama hacminin 28.67-41.33 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiğini belirlemiştir. Patlama hacminin genotip, nem içeriği ve genotip×nem içeri etkileşiminden önemli ölçüde etkilendiğini gözlemlemiştir.

Pandey ve ark. (2015) çalışmalarında, tanede kaliteyi etkileyen Fe ve Zn içeriğindeki farklılıkları belirlemek amacıyla 46 kendilenmiş mısır hattını 75 SSR markörüyle analiz etmişler, toplam 256 allel olmak üzere her bölge için ortalama 3.41 allel elde etmişlerdir. Tanımlanan allellerin 7'si benzersiz olmakla birlikte 26 nadir olarak gözlemlemiştir. Elde ettikleri sonuçlara göre polimorfik bilgi içeriği 0.11-0.79 arasında değişmekle birlikte ortalama 0.50 olarak belirlemiştir. Genetik farklılık katsayısının ise 0.38-0.86 arasında değişmekte olup ortalama değeri 0.72 olduğunu, kümeleme analizinde 3 ana grup oluştuğunu kaydetmişlerdir.

Pophaly ve Tellier (2015) çalışmalarında, gen erozyonu hakkında bilgi edinmek amacıyla mevcut polimorfizm ve gen ekspresyonu verilerinden faydalanarak, mısırdaki tüm genom duplikasyonu arasındaki gen ekspresyonu farklılıklarını ve temizleme seçimini (purifying selection) incelemiştir. Çalışmaları sonucunda yinelenen çiftler arasındaki nükleotid çeşitliliğinde güçlü bir korelasyon tespit etmişlerdir. Daha sonra mısır1 genlerinin mısır2 genlerinden daha güçlü temizleme seçimi altında olduğunu belirlemiştir. Ayrıca tüm genom duplikasyonunun sırasında korunan genlerin gen düzeyinin daha yüksek olduğunu ve önceki çalışmalarda gen ontolojileri hakkındaki tahminlerle de tutarlı olduğunu bildirmiştir. Baskın gen ifadesini ise arındırıcı seçim gücünün bir belirleyicisi olarak mısır1 genleri üzerine daha güçlü negatif seçimi açıkladığını vurgulamışlardır.

Balázová ve ark. (2016) çalışmalarında, orta Avrupa mısır çeşitlerinin moleküler çeşitliliklerini araştırmışlardır. Denemede 40 genotip 13 RAPD belirteci ile karakterize etmişler, belirteç başına ortalama 7.08 polimorfik allel olmak üzere toplamda 92 allel elde etmişlerdir. PIC değeri 0.701-0.872 arasında değişmekle birlikte ortalama 0.801 ve çeşitlilik indeksi değeri 0.718 ile 0.874 arasında değişmekle birlikte ortalama 0.808 olarak belirlemiştir. UPGMA algoritması kullanarak yaptıkları hiyerarşik küme analizi temelli dendogramda mısır genotipleri 2 ana kümeye ayrıldığını bildirmiştir.

Chaudhary (2016) çalışmasında, melez mısır ve bu melezlerin ebeynleri toplam 75 SSR primeri ile analiz etmişlerdir. Kullanılan primerlerden 8 tanesi melez mısırları ebeveynlerinden ayırt edilebildiğini belirlemişlerdir. Elde edilen diğer sonuçlara göre lokus başına allel sayısının 1-3 arasında değiştiğini, PIC değerinin 2 allel için 0.402, 3 allel için 0.523 olduğunu belirlerken, dendogram analizinde melez ve ebeveyn genotiplerin iki ana grup ve iki de alt gruba ayrıldığını belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda melez tohumla karışmış istenmeyen tohumların SSR belirteçleriyle tespitinin oldukça yararlı olabileceğini önermiştir.

Chen ve ark. (2016) çalışmalarında, Çin'in güneybatı kesimine ait 96 yerel mısır çeşidini fenotipik, hüresel ve moleküler seviyede incelemişlerdir. Moleküler aşamada 42 SSR primeri kullanmışlar ve toplamda 246 allel belirlemişlerdir. Her bir SSR lokusuna ait allel sayısının 2 ile 10 arasında değişmekle birlikte ortalama allel sayısının 5.67 olduğunu bildirmişlerdir. Kümeleme analizinde 96 yerel çeşidin coğrafik kökenleri ile ilişkili dört gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Choudhary ve ark. (2016) çalışmalarında,  $\beta$ -karotenin, zeaxanthin'e dönüşümünü engelleyerek organizmada  $\beta$ -karoten miktarının artmasına neden olduğu düşünülen crtRB1 allelinin bulunduğu varsayılan 24 kendilenmiş mısır genotipinde ki polimorfizmi belirlemek amacıyla 65 SSR primeri kullanarak analiz etmişlerdir. Mevcut genotiplerdeki  $\beta$ -karoten miktarı ortalama olarak  $9.3 \mu\text{g g}^{-1}$  olarak belirlerlerken, moleküler analiz sonucunda toplamda 268 allel, lokus başına ortalama 4.12 allel elde ettiklerini, PIC değerinin 0.21-0.82 arasında değişmekle birlikte ortalama 0.58 olarak belirlemişlerdir. Genetik farklılığı ortalama olarak 0.79 (0.40-0.94) belirlemişler, kümeleme analizinde 24 genotipin 4 gruba ayrıldığını belirleyerek bu çalışmanın genotiplerde  $\beta$ -karoten içeriğini belirlemede yararlı olabileceğini öngörmüşlerdir.

Farooqi ve ark. (2016) çalışmalarında, soğuğa dayanıklılıkla ilgili 100 SSR primeri kullanarak, soğuğa hassas ve dayanıklı 8 kendilenmiş mısır hattını analiz etmişlerdir. Analiz sonucunda 128'i dayanıklı ve 61'i hassas olma özelliğine özel allel olmak üzere toplamda 319 allel tespit edilmişlerdir. Primerlerin 80'inin soğuğa dayanıklı hatlarda, 52'sinin ise soğuğa hassas hatlarda bant verdiğini, lokus başına allel sayısının 2-5 arasında değiştiğini ve ortalama olarak 3.86 allel olduğunu tespit etmişlerdir. Tüm hatlarda ortalama gen çeşitliliğini 0.63, PIC değerini ise 0.58 olarak belirlemişler, UPGMA analizinde 2 ana grup oluştuğunu gözlemişlerdir.

Gazal ve ark. (2016) çalışmalarında, yirmi dört mısır genotipini (on beşi kuraklığa dayanıklı kendilenmiş hat, dört kuraklığa hassas kendilenmiş hat ve beş kuraklığa tolerant kontrol mısır genotipi) 45 SSR primeri ile analiz yaparak moleküler açıdan karakterize etmeye çalışmışlardır. Primer verilerini Power Marker Software (3.25 versiyon) kullanarak analiz etmişlerdir. Analiz sonuçlarında göre; toplamda 271 allel olmak üzere, lokus başına ortalama 8.46 allel elde ederken, PIC değerinin 0.56 ve 0.89 arasında değişmekle birlikte ortalama PIC değerini 0.78 olarak elde etmişlerdir. Heterozigotluğun ortalama değerini 0.05 olarak belirlemişler ve UPGMA kümeleme analizinden elde ettikleri dendograma göre birinin altında birçok alt grup olmakla birlikte iki ana grup elde etmişlerdir.

Kharb (2016) çalışmasında, mısır hibritlerinin (17 adet) ve ebeveynlerinin (10 adet) genetik çeşitliliği belirlemek için 45 SSR primeri kullanmış, bu belirteçlerden 3 tanesinin melez ve ebeveynlerdeki farklılıkları ayırt etmede etkili olabileceğini bildirmişlerdir. Böylelikle, çalışmanın melez tohumla karıştırılmış istenmeyen tohumların tespitinde çok yararlı olabilecek bulgular elde ettiklerini bildirmişlerdir.

Kim ve ark. (2016), RDA-Genbankası'ndan temin ettikleri 105 mısır hattını fenotipik ve genotipik varyasyonunu belirlemek amacıyla bu genotiplere ait 11 agronomik özelliği incelemiş ve moleküler açıdan ise 100 SSR belirteci ile analiz etmişlerdir. Genetik çeşitlilik analizinde toplamda 1104 allel tespit etmişlerdir. Lokus başına ortalama allel sayısını 11.0, ortalama genetik çeşitliliği 0.73, PIC değerini 0.70 ve allel frekansını 0.41 olarak belirlemişlerdir.

Ko ve ark. (2016) çalışmalarında, farklı orjinlerden temin edilen 87 kendilenmiş tatlı mısır hattının popülasyon yapısını, genetik benzerliğini ve çeşitliliğini belirlemek için SSR ve SSAP markörlerinin analiz sonuçlarını karşılaştırmışlardır. Elde ettikleri sonuçlara göre SSR markörleri ortalama genetik çeşitlilik ve Shannon bilgi indeksinin SSAP markörüne nazaran daha yüksek olduğunu belirlemişlerdir. SSR markörlerinden elde edilen verilerle elde edilen dendogram analizi dokuz grup oluşturduğunu ve genetik benzerliğin % 53.0 olduğunu, SSAP markörlerinden elde edilen verilerde ise genotiplerin üç grupta kümelendiğini ve genetik benzerliğin % 50.8 olduğunu bildirmişlerdir. Markörlerin çeşitli kombinasyonları sonucu genotipler altı gruba ayrıldığını ve genetik benzerliğin % 53.5 olarak elde ettiklerini ifade etmişlerdir.

Louise ve ark. (2016), Fildişi sahilinde önemli bir gıda ürünü olarak kullanılan mısırın, bugüne kadar genetik çeşitliliğini belirlemeye yönelik herhangi bir çalışmanın

yapılmaması üzerine burada yetiştiriciliği yapılan ve farklı ekolojik koşullardan toplanan 35 mısır genotipini 10 SSR belirteci ile genetik yapısı ve genetik çeşitliliğini araştırmışlardır. İncelenen tüm genotipler için toplam allel sayısı 47, lokus başına ortalama allel sayısı 6.71, polimorfik lokusların yüzdesi % 91.34 ve toplam genetik çeşitlilik değerini 0.524 olarak belirlemişlerdir. Bayesian analizine göre ise genotipler temin edildikleri coğrafi konumdan bağımsız şekilde iki gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Pandit ve ark. (2016), yirmi mısır genotip (19'u kendilenmiş 1'i ticari hibrit mısır) arasında genetik çeşitliliği belirlemek için morfolojik ve moleküler açıdan analiz etmişlerdir. Morfolojik açıdan genotipler arasında ağırlıklı olarak bitki boyu, koçan yüksekliği, tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi ve tane verimi açısından geniş bir çeşitlilik belirlemişlerdir. Moleküler açıdan 18 SSR primeri ile analiz etmişler ve sonucunda, toplamda 92 allel olmakla birlikte lokus başına ortalama allel sayısını 5.11, polimorfik bilgi içeriğini ise 0.65 olarak belirlemişlerdir.

Pavlov ve ark. (2016) çalışmalarında, benzer kökene sahip olduğu düşünülen altı mısır kendilenmiş hattı ve onlardan elde edilen on beş hibrit kombinasyonunu 19 SSR primeri kullanarak analiz etmişlerdir. Elde edilen sonuçlara göre; toplamda 90 polimorfik bant ve ortalama 4.74 allel tespit etmişlerdir. Genotipler arasındaki genetik uzaklığı ise 0.36 olarak belirlemişlerdir. Kümeleme analizi yaptıklarında iki gruba ayrıldığını belirlemişlerdir.

Renny-Byfield ve ark. (2017) çalışmalarında, daha önce yayınlanmış olan genom çapındaki SNP ve fenotip ilişkilendirme verilerinden yararlanarak daha fazla ekspresyona sahip paralogların, az ifade edilen karşılıklarına kıyasla fenotipik varyansa daha fazla katkıda bulunduğunu belirlemişlerdir. Dahası en az fraksiyonlu (gen kaybı) alt genomdaki paralog genlerin daha fazla fraksiyonlu alt genom üzerinde bulunanlardan daha fazla fenotipik çeşitlilik oluşturduğunu savunmuşlardır.

Salami ve ark. (2016), çalışmalarında Benin'de yetiştirilen yüz seksen yedi mısır genotipinin genetik çeşitliliğini üç SSR markörüyle belirlemeye çalışmışlardır. Toplamda 227 polimorfik bant elde etmişler ve Shannon indeksine göre genetik çeşitliliği 0.51, PIC değerlerini ise 0.58-0.81 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 0.71 elde etmişlerdir. Genetik uzaklık tabanlı UPGMA dendrogram genotipler arasında genetik bir farklılık olduğunu ve her bir alan için dört grup oluştuğunu bildirmişlerdir. Çalışmalarının sonucunda ise yalnızca mısır üretimi ve korunmasını iyileştirmede değil aynı zamanda Benin'deki

genetik kaynakları daha iyi yönetmek için de kullanılabilirler gerekli bilgileri sağladığını ifade etmişlerdir.

Tahir ve Maeruf (2016) çalışmalarında, tuz stresi altında dokuz mısır genotipinin fenotipik ve genotipik varyasyonlarını incelemişlerdir. Tuz toleransını belirlemek için dört farklı (kontrol, 50, 100 ve 150 mM NaCl) tuz seviyesi, genotipik analiz için on sekiz SSR belirteci kullanmışlardır. Çalışmada tuz stresinin çimlenme yüzdelere, kök ve gözde uzunluklarına ve yaş ve kuru ağırlıklarına olan etkilerini incelemişlerdir. Ayrıca mısır genotipleri arasında 1-7 polimorfik allel olmak üzere toplamda 46 polimorfik allel belirlemişlerdir. Polimorfik bilgi içeriğini 0.178-0.788, markör indeksini 8.90-68.80 ve gen çeşitliliğini 0.198-0.815 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir. Dendrogram analizinde genotiplerin üç gruba ayrıldığını ve toplam varyasyonun % 17-83 arasında değiştiğini kaydetmişlerdir.

Vivodik ve ark. (2016) çalışmalarında, Çekoslovakya, Macaristan, Polonya, Sovyet Sosyalist Cumhuriyetleri, Slovakya ve Yugoslavya Birliği'nden temin ettikleri 40 mısır genotipini 20 SCoT (başlangıç kodunu hedefli) belirteciyle analiz ederek genetik çeşitliliği belirlemeye çalışmışlardır. Analiz sonucunda 40 genotipte toplam 114 allel ve ortalama 4.30 polimorfik allel belirlemişlerdir. Polimorfik bilgi içeriğinin ise 0.374 ile 0.846 arasında değişerek ortalama 0.739 olarak belirlemişlerdir. UPGMA algoritması kullanarak hiyerarşik küme analizi temelli dendrogram oluşturmuşlar ve genotiplerin iki ana gruba ayrıldığı gözlemlenmiştir. İlk grupta Yugoslavya kökenli ZutaBrzica'nın diğer genotiplerden ayrıldığını, ikinci grupta ise iki alt grup oluşmuş ve daha sonra buradan da alt gruplar oluşturduğunu bildirmişlerdir.

Zhang ve ark. (2016), mısırdaki tane doluluk oranı ve tane nem oranı veriminin belirlenmesinde önemli kriterlerdir diyerek markör-özellik ilişkisini ve aday genleri belirlemek için 290 kendilenmiş mısır hattını 201 SSR belirteçleriyle genom çapında bir ilişkiyi belirlemeye çalışmışlardır. Analiz sonucunda toplamda 1260 allel, ortalama 1.7 allel, ortalama gen çeşitliliği 0.6978 ve PIC değerini 0.6545 olarak belirlemişlerdir.

Atanda ve Olaove (2017) çalışmalarında, 24 mısır kendilenmiş hattını 20 SSR primeri ile analiz ederek genotipler arasında genetik farklılığı belirlemeyi amaçlamışlardır. Analiz sonucunda toplamda 101 allel ve ortalama 5.05 allel elde etmişlerdir. Ortalama PIC değerini 0.46, beklenen ve gözlenen ortalama heterozigotluk oranlarını sırasıyla 0.62 ve 0.11

olarak tespit etmişler. Bu değerler, Hardy-Weinberg dengesinden sapma gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Riberio ve ark. (2017), Brezilya’da ticari olarak kullanılan 48 tek-melez hibrit mısırı 20 adet floresan özellikli belirteçlerle analiz etmişler, bunun sonucunda kullanılan belirteçlerin polimorfizm oranının bir hayli yüksek olduğunu, lokus başına ortalama allel sayısını 9.8 ve PIC değerini ortalama olarak 0.84 olarak gözlemlemişlerdir.

Vivodik ve ark. (2017) çalışmalarında, Avrupa’da yetiştirilen mısır genotiplerinin genetik çeşitliliğini (*Zea mays* L.) SSR belirteçleri kullanarak karakterize etmeyi amaçlamışlardır. Avrupa’da eski zamanlarda yetiştirilen 40 mısır genotipini 10 SSR belirteçle analiz etmişler ve sonuçlar değerlendirildiğinde toplam allel sayısının 65 olduğunu ve lokus başına allel sayısının 4-8 arasında değişmekle birlikte ortalama 6.50 allel tespit ettiklerini bildirmişlerdir. Allellerin PIC değerini 0.810 (0.713-0.842), çeşitlilik indeksini 0.819 (0.734-0.848) belirlemiş, genetik uzaklık analizine göre ise genotiplerin 4 gruba ayrıldığını bildirmişlerdir.

### 3. MATERYAL ve METOT

#### 3.1. Materyal

##### 3.1.1. Bitki materyali

Çalışmada, materyal olarak kullanılacak olan yerel cin mısır (*Zea mays everta*) popülasyonları Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Bitki Gen Kaynakları Bölümünden ve farklı bölgelerden toplayarak, standart çeşit olan Nermin Cin'i Antalya Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü (BATEM)'nden temin edilmiştir. Bu materyaller, temin edildiği kaynaklar ve deneme kodları Çizelge 3.1'de ayrıntıları ile verilmiştir.

Çizelge 3.1 Araştırmada kullanılan bitki materyalinin Genotip No, Kayıt No, Lokal İsmi, Coğrafi Bölgesi, İl, Yöre, Yükseklik, Materyalin Rengi ve Toplanma Yılına ait veriler

Genotip No	Kayıt No	Lokal İsmi	Coğrafi Bölgesi	İl	Yöre	Yükseklik	Materyalin Rengi	Toplanma Yılı
1	TR79913*	Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Çanakkale	Biga	40	Sarı	2010
2	TR79947*	Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Gönen	120	Kırmızı	2010
3	TR79947*	Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Gönen	120	Sarı	2010
4	TR79947*	Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Gönen	120	Alaca	2010
5	TR79987*	Mor Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Bigadiç	437	Koyu Kırmızı	2010
6	TR79987*	Mor Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Bigadiç	437	Turuncu	2010
7	TR73836*	Cin mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Günyüzü	991	Sarı	2005
8	TR73836*	Cin mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Günyüzü	991	Turuncu	2005
9	TR79988*	Beyaz Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Bigadiç	437	Beyaz	2010
10	TR79988*	Beyaz Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Balıkesir	Bigadiç	437	Sarı	2010
11	TR73746*	Kırmızı Cin Mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Günyüzü	916	Turuncu	2005
12	TR73746*	Kırmızı Cin Mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Günyüzü	916	Açık Turuncu	2005
13	TR39601*	Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Artvin	Ardanuç	1300	Kırmızı	1976
14	TR79932*	Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Çanakkale	Çan	103	Beyaz	2010
15	TR78115*	Patlak Mısır	Ege Bölgesi	Afyon	İncehisar	1140	Sarı	2009
16	TR76741*	Mor Patlak Mısır	Marmara Bölgesi	Tekirdağ	Şarköy	120	Koyu Kırmızı	2007

Çizelge 3.1. Devamı

Genotip No	Kayıt No	Lokal İsmi	Coğrafi Bölgesi	İl	Yöre	Yükseklik	Materyalin Rengi	Toplanma Yılı
17	TR38027*	Dikenli Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Amasya	Sukuova	400	Beyaz/Sarı	1973
18	TR74236*	Cin mısır	Karadeniz Bölgesi	Kastamonu	Taşköprü	896	Turuncu	2006
19	TR78053*	Patlak Mısır	Ege Bölgesi	Kütahya	Simav	950	Sarı	2009
20	TR78181*	Pat Darı	Ege Bölgesi	Uşak	Sivaslı	970	Sarı	2009
21	TR76375*	Pathıyan Mısır	Güneydoğu Anadolu Bölgesi	Diyarbakır	Çüngüş	939	Sarı	2006
22	TR73761*	Cin mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Günyüzü	916	Sarı	2005
23	TR73698*	Cin Mısır	İç Anadolu Bölgesi	Eskişehir	Beylikova	789	Sarı	2005
24	TR74311*	Cin Mısır	İç Anadolu Bölgesi	Kayseri	Hacılar	1479	Sarı	2006
25	TR85132*	---	---	Tokat	Erbaa	---	Sarı	---
26	TR37977*	Dikenli Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Tokat	Merkez, Kömeç Köyü	560	Açık Sarı	1973
27	Ordu - Doğulu	---	---	Ordu	Doğulu	---	Kırmızı	---
28	Konya Pop	Cin Mısır	İç Anadolu Bölgesi	Konya	---	---	Kırmızı	---
29	Nermin Cin**	---	---	---	---	---	Sarı	---
30	Tokat Erbaa	Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Tokat	Erbaa	---	Sarı	---
31	Samsun Bafra	Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Samsun	Bafra	---	Turuncu	---
32	Ordu-Akpınar	Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Ordu	Akpınar	---	Açık Sarı	---
33	Ordu-Kovanlı	Patlak Mısır	Karadeniz Bölgesi	Ordu	Kovanlı	---	Sarı	---
34	TR54215*	Cin Darı	Ege Bölgesi	Muğla	Fethiye	1130	Sarı	1990
35	TR54215*	Cin Darı	Ege Bölgesi	Muğla	Fethiye	1130	Beyaz	1990

\* : Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Bitki Gen Kaynakları Bölümünden temin edilmiş olan genotiplere ait kodlar; \*\* : Standart çeşit. Diğerleri ise Türkiye'nin çeşitli yerlerinden bizim topladığımız popülasyonlar.

### 3.1.2. Deneme alanının toprak özellikleri

Arazi çalışmaları, Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma İstasyonu Müdürlüğü deneme arazisinde yürütülmüştür. Deneme alanının 30 cm derinliğinden alınan toprak örnekleri Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma İstasyonu Müdürlüğü'ne ait



toprak laboratuvarında analiz edilmiştir. Bu analiz sonucunda elde edilen bazı fiziksel ve kimyasal özellikler Çizelge 3.2.'de verilmiştir (Anonim 2015 ve 2016).

Çizelge 3.2. Deneme alanı topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri

Yıllar	Derinlik (cm)	Tekstür Sınıfı	pH	CaCO <sub>3</sub> (%)	P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> (kg da <sup>-1</sup> )	K <sub>2</sub> O (kg da <sup>-1</sup> )	Organik Madde (%)	B (mg/kg)	Mg (mg/kg)	Fe (mg/kg)	Mn (mg/kg)	Zn (mg/kg)	Cu (mg/kg)
2015	30	Kumlu killi tın	7.52	15.71	114.68	50.40	0.65	0.26	1570	0.99	1.19	0.09	0.32
2016	30	Kumlu killi tın	7.60	15.83	120.64	47.70	0.73	0.23	1611	0.97	1.21	0.08	0.37

Yapılan tekstür analizinde çalışma alanının toprakları kaba fraksiyonlu olduğu görülmektedir. Kumlu killi tın bünyesinde olan bu çalışma alanının kum oranının yüksek olmasından dolayı strüktürel yapının iyi olmadığı, su tutma kapasitesinin düşük olduğu, tarla kapasitesi ile solma noktası arasındaki yarayışlı suyun düşük olduğunu göstermektedir. Araştırma alanının pH'sı yaklaşık 7.60 olduğu, toprakların pH değerlerine göre değerlendirdiğimizde hafif alkalın sınıfında yer aldığı görülmektedir.

Toprakların organik madde içeriği en az % 3-4 olmasını isteriz. Çalışma alanının organik madde içeriğine bakıldığında % 1 'den bile düşük olduğu görülmektedir.

Araştırma alanı topraklarının K<sub>2</sub>O içeriği, FAO (1990), tarafından önerilen değerlere göre değerlendirildiğinde (FAO tarafından verilen mg kg<sup>-1</sup> birimi, K<sub>2</sub>O kg da<sup>-1</sup> çevrilmiştir). Çalışma alanının potasyum toprak içeriğine bakıldığında 42 kg da<sup>-1</sup> olduğundan yeterlilik sınırının içinde yer almaktadır (Potasyum için yeterlilik sınırı 42-111 kg da<sup>-1</sup>).

Ca içeriği, FAO (1990), tarafından önerilen verilere göre değerlendirildiğinde (FAO tarafından verilen mg kg<sup>-1</sup> birimi, Ca kg da<sup>-1</sup> çevrilmiştir) yerlilik sınırının çok üzerindedir. Kalsiyum için yeterlilik sınırı 287.5-875 kg da<sup>-1</sup> olmasına rağmen araştırma alan topraklarının kalsiyum içeriği 1107 kg da<sup>-1</sup> olduğu görülmektedir. Bu durumun ana materyal ile alakalı olduğu düşünülmektedir.

Araştırma alanı topraklarının Mg içeriği, FAO (1990), tarafından önerilen verilere göre değerlendirildiğinde (FAO tarafından verilen mg kg<sup>-1</sup> birimi, kg da<sup>-1</sup> çevrildi) yeterlilik sınırının çok üzerindedir. Magnezyum için yeterlilik sınırı 40-120 kg da<sup>-1</sup>arasındayken, araştırma alanı toprakların magnezyum içeriği 392.5 kg da<sup>-1</sup>dır.

Çalışma alanımızın Kalsiyum (Ca) Magnezyum (Mg) içeriklerinin çok yüksek olması ana materyal ile alakalı olabilirliğini artırıyor. Ayrıca kalsiyum ve magnezyumu yüksek olan

toprakların potasyum içeriğini düşürdüğü buna bağlı olarak potasyum her ne kadar yeterlilik sınırının içinde olsa da bu iki elemente kıyasla çok düşük olması görülmektedir.

Araştırma alanımızın kireç oranına baktığımızda karbonat içeriği % 15 civarı olduğu bu durumun topraklar için fazla kireçli olduğu söylenebilir. Çalışma alanının kireç içeriğinin yüksek olması kalsiyumun-magnezyum oranında yüksek olmasına neden olmuş olabilir.

Genel olarak baktığımızda toprak pH'sı yüksek olan (alkalin ya da hafif alkalin) toprakların kireç oranının yüksek olduğu, bu tür toprakların ise makro besin element içeriğinin (Ca, Mg ) yüksek olduğu, mikro besin elementlerin (Fe, Mn, Zn) ise yetersiz olduğu bilinmektedir. Çalışma alanımızın analiz sonuçlarına baktığımızda böyle bir görüntü sergilediğini görüyoruz.

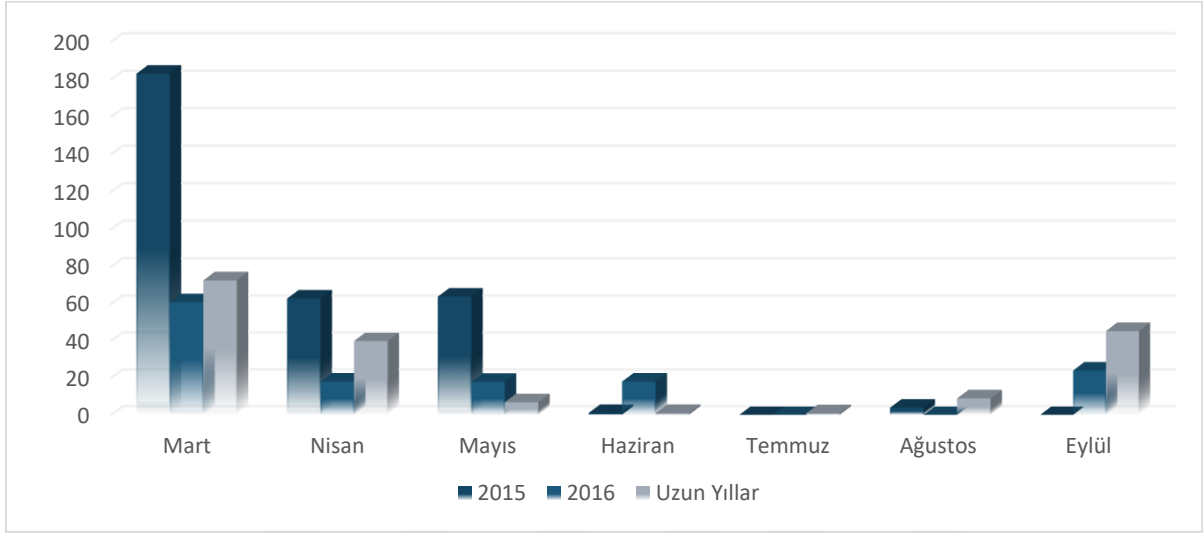
### 3.1.3. Deneme alanına ait iklim özellikleri

Deneme alanı, 37° 37' kuzey enlem ve 36° 17' doğu boylam derecesinde yer almakta olup 460 m rakıma sahiptir. Bölge iklim özellikleri bakımından Akdeniz iklimi etkisi altında olup gece gündüz arasındaki sıcaklık farkı azdır. Denemenin yürütüldüğü dönemlere ait iklim verileri ve bu dönemlere ait uzun yıllar (1975-2016) ortalamaları Çizelge 3.3'de verilmiştir (Anonim, 2017).

Çizelge 3.3. Deneme alanlarına ait 2015-2016 yıllarında üretim dönemine ait iklim verileri ve bu verilere ait uzun yıllar ortalaması

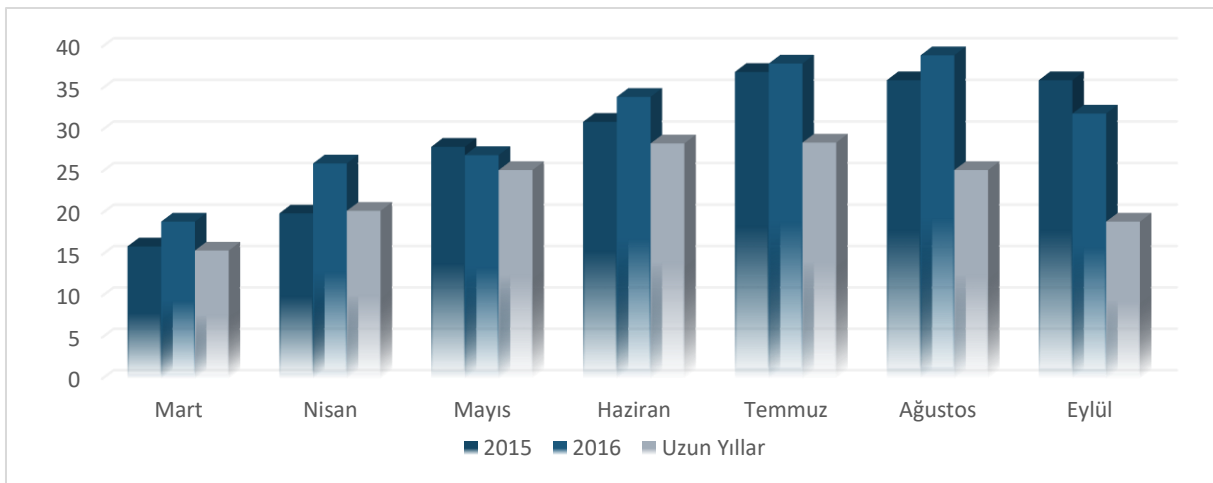
Aylar	2015					2016					Uzun Yıllar				
	Sıcaklık (°C)			Toplam Yağış (mm)	Ort. Nem (%)	Sıcaklık (°C)			Toplam Yağış (mm)	Ort. Nem (%)	Sıcaklık (°C)			Toplam Yağış (mm)	Ort. Nem (%)
	En yüksek sıcaklık (°C)	En düşük sıcaklık (°C)	Ort. sıcaklık (°C)			En yüksek sıcaklık (°C)	En düşük sıcaklık (°C)	Ort. sıcaklık (°C)			En yüksek sıcaklık (°C)	En düşük sıcaklık (°C)	Ort. sıcaklık (°C)		
Mart	25	2.6	16	183	64	24	3.2	19	61	50	21	9.9	15.5	72.7	57.7
Nisan	28	5.7	20	63	57	31	8.6	26	18	42	27	14	20.3	40.0	54.4
Mayıs	35	11	28	64	48	41.3	14	27	17.9	40.3	32	19	25.2	6.8	49.0
Haziran	36	15	31	1	48	41	14	34	18	42	36	22	28.4	1.0	50.5
Temmuz	45	19	37	0	42	42	20	38	0	38	36	22	28.5	0.9	51.9
Ağustos	42	18	36	3.9	42	43	21	39	0	43	32	18	25.2	8.9	49.2
Eylül	40	18	36	0	38	39	11	32	24	41	26	13	19.0	45.4	53.8

Çizelge 3.3'te görüldüğü gibi, Kahramanmaraş'ta uzun yıllar ortalamasına göre, yetiştirme sezonu toplam yağış miktarı 175.7 mm olarak saptanmıştır. Denemenin yürütüldüğü 2015 yetiştirme sezonu toplam yağış (314.9 mm) bakımından uzun yıllara oranla yüksek olurken, 2016 yetiştirme sezonunda (138.9 mm) ise oldukça düşük olmuştur. Yağışın miktarı yanında, vejetasyon periyodu içerisindeki dağılımı da yıllar arasında önemli farklılık göstermiştir.



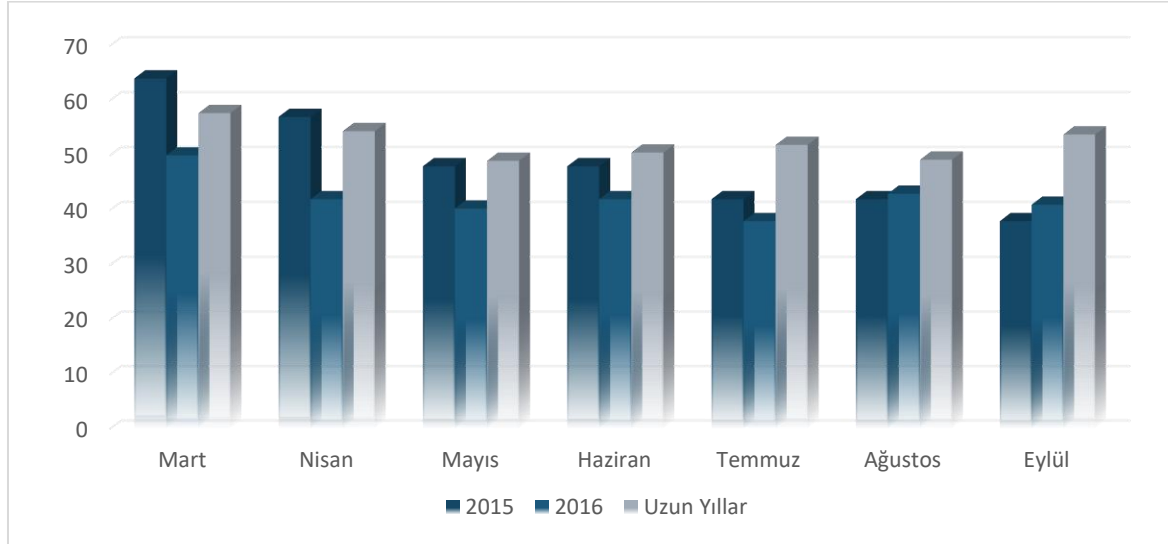
Şekil 3.1. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait toplam yağış verileri

Uzun yıllar ortalamasına göre, Kahramanmaraş'ta yetiştirme sezonu yıllık ortalama sıcaklık 23.2 °C' dir. 2015 ve 2016 yetiştirme sezonlarında ise, sırası ile 29.1 °C ve 30.7 °C olmuştur. Her iki yetiştirme sezonunda uzun yıllar ortalamasına göre yıllık ortalama sıcaklık daha yüksek olmuştur (Çizelge 3.4).



Şekil 3.2. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait ortalama sıcaklık verileri

Kahramanmaraş ili uzun yıllar ortalamasına göre, yetiştirme sezonu için ortalama nispi nem % 52.4 olarak tespit edilmiştir. 2015 ve 2016 yetiştirme sezonlarındaki yıllık ortalama nispi nem değerleri ise, sırasıyla % 48.4 ve % 42.7 olmuştur (Çizelge 3.5).



Şekil 3.3. Kahramanmaraş ili, 2015 ve 2016 yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait nispi nem verileri

Araştırmanın yapıldığı 2015 ve 2016 yıllarında mısır yetiştirilme bitkinin gereksinim duyduğu su yağışla karşılamayacak düzeyde olduğu Çizelge 3.32'den ve Şekil 1'den görülmektedir. Bu nedenle bitkinin gereksinim duyduğu su sulama yapılarak karşılanmıştır.

### 3.2. Metot

Çalışma, 'Kahramanmaraş koşullarında yerel cin mısır (*Zea mays everta*) popülasyonlarının morfolojik, agronomik ve kalite özelliklerinin belirlenmesi ve DNA moleküler işaretleyiciler ile karakterizasyonu'nu belirlemeye yönelik birbirine paralel denemeler şeklinde yürütülmüştür. İlgili denemeler ait yöntemler aşağıda verilmiştir.

### 3.2.1. Morfolojik, agronomik ve kalite analizleri

#### 3.2.1.1. Deneme planı

Denemede 35 adet yerel popülasyon kullanılmıştır. Deneme eldeki tohumları sıra arası 70 cm, sıra üzeri 20 cm, sıra uzunluğu 5 m ve her parselde 4 sıra olacak şekilde ekilmiştir. Deneme tesadüf blokları deneme desenine göre 3 tekerrürlü olarak yürütülmüştür (İnceköse ve Açıkgöz, 2012; Akgün ve ark., 2007). Parsel alanı  $0.7 \times 4 \times 5 = 14 \text{m}^2$  olup her parselde 100 bitki olması planlanmıştır.

#### 3.2.1.2. Ekim-bakım işlemleri

Araştırma ile ilgili tarla denemesi, 2014-2015 ve 2015-2016 yıllarının yetiştirme sezonlarında, Kahramanmaraş Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma İstasyonu deneme alanı sonbaharda pullukla derin sürüm yapılarak bırakılmıştır. Ekimden önce kültivatör ve gobledisk çekildikten sonra tapan çekilmiştir. Ana ürün koşullarında birinci yıl 18 Nisan 2015, ikinci yıl ise 25 Mart 2016 tarihlerinde ekim mibzeri ile ekim yapılmıştır.



Şekil 3.4. Ekim öncesi toprak hazırlığı ve ekim sonrası yağmurlama sistemi kurulumu

Her iki yılda da taban gübresi olarak  $8 \text{ kg N}$ ,  $8 \text{ kg P}$ , ve  $8 \text{ K da}^{-1}$  düşecek şekilde 15-15-15 gübresi ekim öncesi toprağa karıştırılarak verilmiş, üst gübre olarak ise bitkilerin 50-60 cm boylandığı dönemde,  $17 \text{ kg da}^{-1} \text{ N}$  gelecek şekilde üre gübresi gübre listeri ile verilmiştir.



Şekil 3.5. Yerel patlak mısır popülasyonlarının çıkışı ve el çapası ile yabancı ot temizliği

Sulama işlemi, birinci yıl bitkinin su isteği ve toprağın durumu göz önünde bulundurularak 8 defa uygulanmıştır. Yabancı otlarla mücadele için 3 defa elle ve 2 defa da traktörle çapa işlemi yapılmıştır. Bitkiler 4-5 yapraklı döneme geldiğinde ise bitkilerden laboratuvar analizlerinde kullanılmak amacıyla yaprak örnekleri alınmıştır.



Şekil 3.6. Yerel mısır popülasyonlarına ait bitkilerin 50-60 cm boylanışı

İkinci yıl sulama işlemi, bitkinin su isteği ve toprağın durumu göz önünde bulundurularak 6 defa uygulanmıştır. Yabancı otlarla mücadele için 3 defa elle ve 2 defa da traktörle çapa işlemi yapılmıştır.



Şekil 3.7. Yerel mısır popülasyonlarına ait bitkilerin çizgili yeşil kurt ilaçlaması ve listeri ile üst gübre uygulanması



Şekil 3.8. Denemeye ait genel bir görünüm

Her iki yılda da bitkiler olgunlaştıktan sonra parsellerdeki koçanlar elle toplanarak hasat işlemi gerçekleştirilmiş ve koçanlar daha sonra tek tek elle harmanlanmıştır. Tarla denemelerinden bir görüntü Şekil 3.8’de gösterilmiştir.



Şekil 3.9. Deneme hasatı ve koçanların danelenmesi

### 3.2.1.3. Araştırmada incelenen morfolojik, agronomik ve kalite özellikleri ve yöntemleri

1. Tepe Püskülü Çıkış Süresi (gün): Her popülasyona ait parsellerde bitkilerin çıkış tarihleri ile parseldeki bitkilerin %50'inde tepe püskülünün görüldüğü tarih arasındaki gün sayısı, tepe püskülü çıkış süresi olarak belirlenmiştir.
2. Koçan Püskülü Çıkış Süresi (gün): Her popülasyona ait parsellerde bitkilerin %50'sinde koçan püskülü oluşumunun görüldüğü tarih ile bitkilerin çıkış tarihleri arasındaki gün sayısı, koçan püskülü çıkış süresi olarak kaydedilmiştir.
3. Bitki Boyu (cm): Her parselden tesadüfen seçilen 20 bitkide, toprak yüzeyi ile tepe püskülünün ilk dalcığının çıktığı boğum arasındaki mesafe cm cinsinden ölçülerek, ortalamaları hesaplanmıştır.
4. İlk Koçan Yüksekliği (cm): Her parselde bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, toprak yüzeyi ile ilk koçanın çıktığı boğum arasındaki mesafe cm cinsinden ölçülerek ortalama değerleri alınmıştır.
5. Bitkide Sap Kalınlığı (mm): Her parselde bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın birinci boğum arasının kalınlığı kumpas ile mm cinsinden ölçülmüş ve ortalama değerleri hesaplanmıştır.
6. Bitkide Yaprak Sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>): Her parselde bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın üzerinde yer alan tüm yapraklar sayılarak, ortalamaları hesaplanmıştır. Yaprak sayımı bitkilerin % 50 sinin çiçeklenmeye başlamasından sonra yapılmıştır.



7. Yaprak Açısı (°): Her parselde bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, sapın üstten alta doğru üçüncü yaprağın sap ile arasındaki açı gönye ile derece cinsinden ölçülmüş ve ortalaması alınarak yaprak açısı belirlenmiştir.
8. Üçüncü Yaprak Alanı (cm<sup>2</sup>): Her parselde bitki boyunun ölçüldüğü bitkilerde, tepeden itibaren üçüncü yaprağın uzunluğu ve en geniş yerindeki eni ölçüldükten sonra;

$$\text{Üçüncü yaprak alanı (cm}^2\text{)} = 0.75 \times \text{Yaprak Uzunluğu} \times \text{Yaprak Eni}$$

formülü yardımıyla hesaplanmış ve ortalama değerleri belirlenmiştir. (Montgomery, 1911; Tollenaar, 1992 ).

9. Bitki Başına Düşen Koçan Sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>): Her parselde ait toplam koçan sayısının parseldeki pikti sayısına bölünmesi ile belirlenmiştir.



Şekil 3. 10. Denemeye ait bitkilerden birine ait koçan püskülü ve denemenin morfolojik özelliklerinin ölçümleri

10. Koçan Uzunluğu (cm): Her parselden rastgele alınan 10 koçan örneğinde, koçan sapının tane ile birleştiği noktadan koçan uçuna kadar olan mesafe cm cinsinden ölçülerek ortalamaları alınmıştır.

11. Koçan Kalınlığı (mm): Her parselden rastgele alınan 10 koçan örneğinde, koçanın orta noktasından kumpas ile mm cinsinden ölçülmüş ve ortalamaları hesaplanarak koçan kalınlığı belirlenmiştir.
12. Koçandaki Sıra Sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>): Her parselden rastgele alınan 10 koçan örneğinde, koçanların üzerindeki mevcut sıralar sayılarak ortalamaları alınmıştır.
13. Koçan Sırasındaki Tane Sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>): Her parselden rastgele alınan 10 koçan örneğinde, koçanların üzerindeki mevcut sırada bulunan tane sayıları sayılarak ortalamaları hesaplanmıştır.
14. Koçanda Tane Ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>): Her parselden alınan 10 koçan örneğinin harmanlanması ile elde edilen taneler tartılıp, ortalamaları alınarak koçanda tane ağırlıkları hesaplanmıştır.
15. Koçanda Tane Oranı (%): Her parselden alınan 10 koçan tartıldıktan sonra harmanlanması ile elde edilen taneler hassas terazide tartılıp, tane ağırlığı koçan ağırlığına bölünerek, elde edilen değer 100 ile çarpılarak % tane oranı hesaplanmıştır.



Şekil 3.11. Denemeden elde edilen koçanlar

16. Tane Verimi (kg da<sup>-1</sup>): Her parselden elde edilen ürün tartılıp, nem ölçme aleti ile nem oranı belirlendikten sonra % 15 nem düzeyine göre düzeltme yapıp kg da<sup>-1</sup>olarak hesaplanmıştır. Eksik bitki bulunan parsellerde tane verimi aşağıda verilen formül yardımıyla düzeltilerek hesaplanmıştır (Ülger, 1986).

$$Tane\ verimi\ (kg\ da^{-1}) = \frac{PV \times POGBS \times 1000}{PMBS + [0.5 \times (POGBS - PMBS)] \times PA}$$

PV= Parsel Verimi(kg parsel<sup>1</sup>)

POGBS= Parselde Olması Gereken Bitki Sayısı (adet)

PMBS= Parselde Mevcut Bitki Sayısı (adet)

PA=Parsel Alanı (m<sup>2</sup>)

17. Bin Tane Ağırlığı (g): Her parselden alınan harmanlanmış tanelerden dörder adet 100 adet tane sayılarak, tartılmıştır. Elde edilen değerlerin ortalaması alınmış ve 10 ile çarpılarak bin tane ağırlığı hesaplanmıştır.

18. Patlama Hacmi (cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup>): Her bir parselden elde edilen tanelerden 50 g örnekler alınarak patlatılmış ve hacimleri saptanmıştır.

$$Patlama\ hacmi\ (cm^3\ g^{-1}) = \frac{Toplam\ Patlama\ Hacmi\ (cm^3)}{Patlatılan\ Ürünün\ Ağırlığı\ (g)}$$

Örnekler 0.001 gr. duyarlılığındaki hassas terazide tartılmış olup, 1300 Watt gücündeki elektrikli Mısır Patlatma Makinesinde patlatılmıştır. Örneklerin tamamının eşit nem seviyesinde patlatılmasına özen gösterilmiştir. Patlatmadan sonra patlayan mısırların hacmi 12.7 cm çapındaki silindirle ölçülmüştür.

19. Patlayan Tane Oranı (%): Her bir parselden alınan örneklerden patlamayan taneler sayılarak toplam tane içerisindeki patlamayan tane oranı hesaplanarak ve daha sonra bu değerlerin 100'den çıkarılması ile bulunmuştur.

$$Patlayan\ Tane\ Oranı = 100 - Patlamayan\ tane\ oranı\ (\%)$$

20. Patlamayan Tane Oranı (%): Her bir parselden alınan örneklerden patlamayan taneler sayılarak toplam tane içerisindeki patlamayan tane oranı hesaplanarak bulunmuştur.

$$\text{Patlamayan tane oranı (\%)} = \frac{\text{Patlamamış tane sayısı}}{\text{Toplam tane sayısı}} \times 100$$



Şekil 3.12. Deneme materyalinin patlatma özelliklerine ait ölçümler ve patlatılmış mısır

21. Tanede Protein Oranı (%): Her parselden hasattan sonra alınan 100 gram mısır tane örnekleri öğütülmüştür. Öğütülmüş örneklerdeki protein oranları Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi Laboratuvarında FOSS 6500 NIR sistem cihazında WINISI paket programları kullanılarak belirlenmiştir.



Şekil 3.13. Deneme materyaline ait tane örnekleri ve tanelerin öğütülmüş hali

22. Tanede Nişasta Oranı (%): Her parselden hasattan sonra alınan 100 gram mısır tane örnekleri öğütülmüştür. Öğütülmüş örneklerdeki nişasta oranları Samsun Ondokuz

Mayıs Üniversitesi Laboratuvarında FOSS 6500 NIR sistem cihazında WINISI paket programları kullanılarak belirlenmiştir.

23. Tanede Yağ Oranı (%): Her parselden hasattan sonra alınan 100 gram mısır tane örnekleri öğütülmüştür. Öğütülmüş örneklerdeki yağ oranları Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi Laboratuvarında FOSS 6500 NIR sistem cihazında WINISI paket programları kullanılarak belirlenmiştir.

24. Kuru Madde Miktarı Oranı (%): Her parselden hasattan sonra alınan 100 gram mısır tane örnekleri öğütülmüştür. Öğütülmüş örneklerdeki kuru madde oranları Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi Laboratuvarında FOSS 6500 NIR sistem cihazında WINISI paket programları kullanılarak kaydedilmiştir.

#### **3.2.1.4. Morfolojik, agronomik ve kalite özelliklerine ait verilerin değerlendirilmesi**

İncelenen özelliklere ilişkin verilerin tesadüf blokları deneme planına uygun olarak SAS paket programı kullanılarak (SAS, 1997) varyans analizi yapılmıştır. Ortalamalar Duncan çoklu karşılaştırma testi kullanılarak gruplandırılmıştır. Genotiplerin tüm özellikler açısından karşılaştırma analizi JMP istatistik programı kullanılarak yapılmıştır.

### **3.2.2. Moleküler analizler**

Araştırmada DNA izolasyonu ve SSR analizleri Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü Laboratuvarında ve Üniversite - Sanayi - Kamu İşbirliği Geliştirme, Uygulama ve Araştırma Merkezi (ÜSKİM) laboratuvarlarında yapılmıştır.

#### **3.2.2.1. Bitki örneklerinde genomik DNA analizi**

##### **3.2.2.1. Yaprak örneklerinin hazırlanması**

Doyle ve Doyle (1987) yönteminin modifiye edilmesiyle DNA izolasyonu yöntemi oluşturulmuş ve işlem basamakları buna göre şekillendirilmiştir. Buna göre, çalışmamızda kullanmış olduğumuz genotiplere ait bitkiler 4-5 yapraklı döneme geldiklerinde her bir popülasyonda, popülasyonun tamamını temsilen rast gele seçilen 5 bitkiden alınan genç yaprak örnekleri, ayrı ayrı paketlenip sıvı azot içerisinde laboratuvar ortamına getirilinceye kadar muhafaza edilmiş ve alınan bu örnekler, DNA analizleri başlayıncaya kadar -80 °C depolanmıştır.

##### **3.2.2.2. DNA izolasyonu**

DNA izolasyonu için önceden alınıp -80 °C depolanmış olan örnekler, porselen havan içerisinde koyulup üzerine sıvı azot eklenerek sertleşmesi sağlanmış ve böylelikle ezilerek toz haline getirilmiştir. Elde edilen örnek tozları 1.5 ml'lik ependorf tüplere aktarılmıştır. Daha sonra üzerine 500 µl izolasyon tamponu (0.1 M Tris-HCl + 1 M NaCl + 0.02 M EDTA + %2 (wv<sup>-1</sup>) CTAB + %2 Polyvinly pyrrolidone-40 + %2 P-mercaptoethanol) eklenmiştir. Tüpler çalkalanarak, 65 °C sıcaklıkta su banyosunda 15-60 dk süreyle ara ara çalkalanarak inkübe edilmiştir. Sıcak su banyosundan çıkarılan tüplere 500 µl kloroform:izoamil alkol (24:1) eklenerek iyice çalkalanmıştır. Daha sonra tüpler 12000 rpm'de 4 °C'de 10 dk santrifüj yapılarak, tüplerin üst kısmında birikmiş olan üst fazlar alınarak yeni falkon tüplere aktarılmıştır.



Şekil 3.14. Yaprak örneklerinin sıvı azot içerisinde öğütülmesi ve izolasyonun yapılması

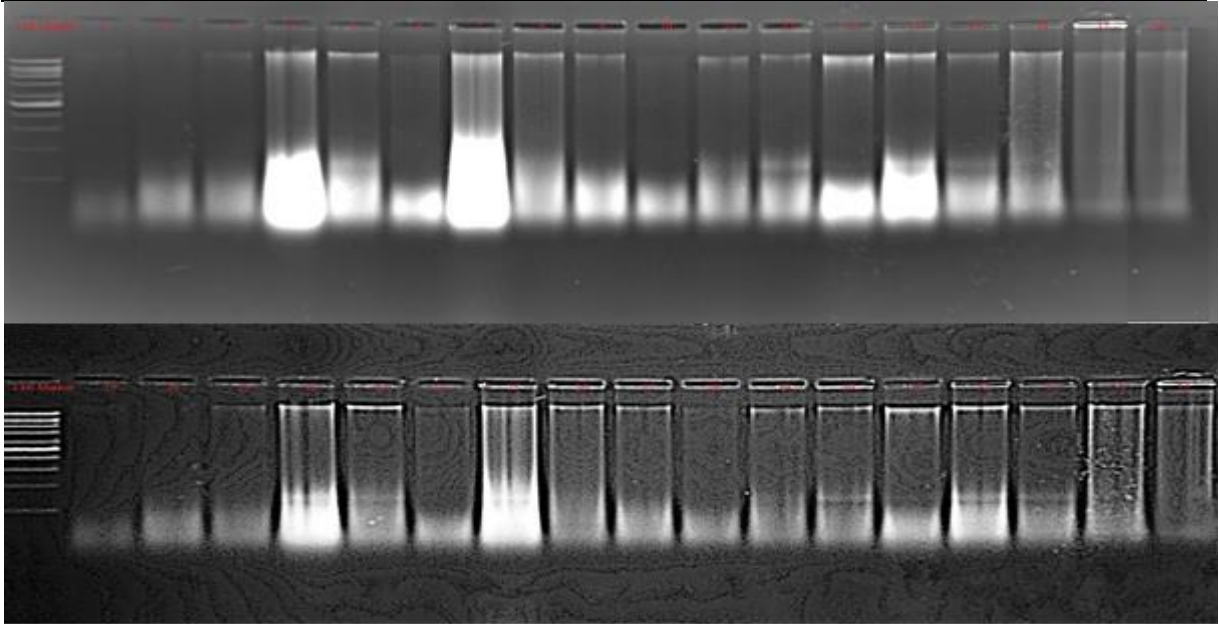
Yeni tüplere aktarılan üst fazların üzerine 500 µl isopropanol eklenerek, iyice çalkalanmış ve DNA'lar beyaz tortu halinde görülünceye kadar (15-60 dk) -20 °C'de bekletilmiştir. Dondurucudan çıkarılan tüpler 12000 rpm 4 °C'de 10 dk santrifüj yapılmıştır. Santrifüjden çıkarılan tüplerin dip kısmında DNA'lar birikmiştir ve DNA'ların düşmemesine dikkat edilerek yavaşça üstteki sıvı dökülmüştür. DNA peltisinin daha iyi temizlenebilmesi için tüplere 500 µl % 70'lik etil alkol eklenip, 13000 rpm 4 °C'de 2 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüjden çıkarılan tüplerdeki DNA peltelerini düşürmemeye özen göstererek, etil alkol boşaltılmıştır. Daha sonra tekrardan tüplere % 100 etil alkol eklenerek tekrar 13000 rpm 4 °C'de 2 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüjden çıkarılan tüplerde sıvı kısım dökülerek tüplerdeki DNA'lar kurumaya bırakılmıştır. Kuruyan DNA'ların üzerine 300 µl dH<sub>2</sub>O eklenerek, DNA peltelerinin çözünmesi amacıyla karıştırılmıştır.

### 3.2.2.3. DNA konsantrasyon ayarı

DNA'ların kalitesinin kontrolü için %1'lik agaroz jelde elektroforez yapıp, UV ışığı altında jel görüntüleme cihazı kullanılarak görüntülenmiştir (Şekil 3.15). DNA miktarları hakkında bilgi edinebilmek için de her popülasyona ait birkaç örnek nanodrop cihazında ölçülmüştür (Çizelge 3.4). Elde edilen sonuçlara göre örneklerin konsantrasyonları ayarlanmıştır. Daha sonra DNA örnekleri PCR işlemi yapılincaya kadar -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

Çizelge3.4. Denemeye ait popülasyonlardan elde edilen DNA örneklerinden bazılarına ait konsantrasyon

Örnek No	Örnek Türü	Nükleik Asit Konsantrasyonu	Birim	A260	A280	260/280	260/230
1	DNA	262.7	ng/µl	5.254	2.961	1.77	-2.76
2	DNA	805.6	ng/µl	16.11	11.342	1.35	1.50
3	DNA	246.3	ng/µl	4.92	2.709	1.82	-3.37
4	DNA	235.8	ng/µl	4.715	2.529	1.86	-5.97
5	DNA	571.2	ng/µl	11.42	5.445	2.10	0.97
6	DNA	229.9	ng/µl	4.599	2.149	2.14	10.17
7	DNA	278.7	ng/µl	5.573	1.995	2.79	-1.72
8	DNA	210.9	ng/µl	4.217	1.565	2.69	-3.32
9	DNA	188.3	ng/µl	3.765	1.939	1.94	-1.47
10	DNA	58.9	ng/µl	1.178	0.689	1.71	-3.24



Şekil 3.15. Yerel cin mısır popülasyonlarında her bir popülasyonu temsilen birer genotipe ait genomik DNA agaroz jel görüntüsü

#### 3.2.2.4. Kullanılan primerler

Bu çalışmada, kullanılacak olan primerler, geniş bir literatür taraması yapılarak belirlenmiş ve Çizelge 3.5’de verilmiştir.



Çizelge 3.5. Araştırmada kullanılan SSR primerlerinin Adı, Bulunduğu Kromozom, DNA dizilimleri, Baz Sayısı ve Referans

Primer Adı	Bulunduğu Kromozom	DNA Dizilimi (5'→3')	Baz Sayısı	Referans
Umc1186	6.02	F TCAAGAACATAATAGGAGGCCAC R AGCCAGCTTGATCTTAGCATTTG	24 24	Schnable ve Freeling, 2011; Gardiner ve ark. 2004
Umc1622	2.00	F CGCTACAAATCCTACTGGTGCTTT R CCTCGGATTTTCCAAAACATTTCT	24 24	Deji ve ark. 2002
Umc1550	4.03	F CGGGGTAATTGGGTACATAACCTC R GTGCCTCCAACGCCTAGTTTTT	24 22	Schnable ve Freeling, 2011
Phi095	1.03	F CCGATCGGCTTTATCACTGTTTAGC R ATGCACCATTCTAGCACTATAGCAACACT	25 29	Zhang ve ark. 2013; Yim ve ark. 2007
Umc2101	3.00	F CCCGGCTAGAGCTATAAAGCAAGT R CTAGCTAGTTTGGTGCGTGGTGAT	24 24	Wang ve ark. 2013; Zheng ve ark. 2013; Revilla ve ark. 2009
Umc1255	4.11	F GGAATACATCACGCCGGAGAT R TTTGGGAGAACAATCGGTTCTGTA	21 24	Sun ve ark. 1999
Phi017	9.02	F CGTTGGCGACCAGGGTGC GTTGGAT R TGCAACAGCCATTCGATCATCAAAC	25 25	Huang ve Dooner, 2012
Phi057	7.01	F CTCATCAGTGCCGTCGTCCAT R CAGTCGCAAGAAACCGTTGCC	21 21	Chen ve ark. 2014; Jia ve ark. 2013; Zhang ve ark. 2013; Prigge ve ark. 2012
Umc1164	4.01	F AAATAAACGCTCCAAAGAAAGCAA R GCACGTGTGTGTGTGTTGTTTTTA	24 24	Sicker ve ark. 2000
Umc1173	4.09	F ATCCGCCAAAAAGGGAAAA R TAGAAGTAGCACACGCGCCG	20 20	Yang ve ark. 2013; Li ve ark. 2010; Pirona ve ark. 2005
Phi015	8.00	F GCAACGTACCGTACCTTTCCGA R ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG	22 24	Reyes-Valdés ve ark. 2013; Camus-Kulandaivelu ve ark. 2006; Polidoros ve ark. 2005; Gardiner ve ark. 2004; Sharopova ve ark.2002; Coe ve ark. 2002; Prade ve ark. 1998; Neufeind ve ark. 1997; Grove ve ark. 1988; Shah ve ark. 1986
Phi021	4.00	F TTCCATTCTCGTGTCTTGGAGTGGTCCA R CTGATCACCTTTCCTGCTGTCGCCA	29 26	Roxin, 2011; Vetyukov ve ark. 2011; Binetti ve ark. 2005; Forde ve ark. 1999

Çizelge 3.5'in Devamı

Primer Adı	Bulunduğu Kromozom	DNA Dizilimi (5'→3')	Baz Sayısı	Referans
Phi022	9.00	F TGCGCACCAGCGACTGACC	19	Zhang ve ark. 2013; Randall ve ark. 2008; Qiu ve ark. 2007; Davis ve ark. 1999
		R GCGGGCGACGCTTCCAAAC	19	
Phi027	9.03	F CACAGCACGTTGCGGATTTCTCT	23	Zhang ve ark.2013; Park ve ark. 2013; Sekulovic ve ark. 2011; Huang ve ark. 2010; Qiu ve ark. 2007
		R GCGTACGTACGACGAAGACAC	21	
Phi034	7.00	F TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT	22	Kandianis ve ark. 2013; Reyes-Valdés ve ark. 2013; Heerwaarden ve ark. 2009; Frascaroli ve ark. 2007; Qiu ve ark. 2007; Liu ve ark. 2007; Camus-Kulandaivelu ve ark. 2006; Chardon ve ark. 2004; Davis ve ark. 1999
		R GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	20	
Phi064	1.00	F CCGAATTGAAATAGCTGCGAGAACCT	26	Reyes-Valdés ve ark. 2013; Zhang ve ark. 2010; Soderlund ve ark. 2009; Camus-Kulandaivelu ve ark. 2006;
		R ACAATGAACGGTGGTTATCAACACGC	26	
Phi084	10.00	F AGAAGGAATCCGATCCATCCAAGC	24	Barraud ve ark. 2006
		R CACCCGTA CTGAGGAAAACCC	24	
Phi127	2.00	F ATATGCATTGCCTGGAAGGAAAGGA	26	Reyes-Valdés ve ark. 2013; Huang ve ark. 2010; Lia ve ark. 2007a; Frascaroli ve ark. 2007; Lia ve ark. 2007b; Camus-Kulandaivelu ve ark. 2006
		R AATTCAAACACGCCTCCCGAGTGT	24	
Umc2050	3.00	F CTCCTGCTGTGATTCTAGGACGA	23	Alexandrov ve ark 2009
		R CTGGATCTCGGCATGGTCTT	20	
Umc2292	5.00	F AGCAGAAGAGGACAAACCAGATTC	24	Gardiner ve ark. 2004
		R ACTCCGGCATGTCTGTGTTT	22	

### 3.2.2.5. Polimeraz Zincir Reaksiyonları

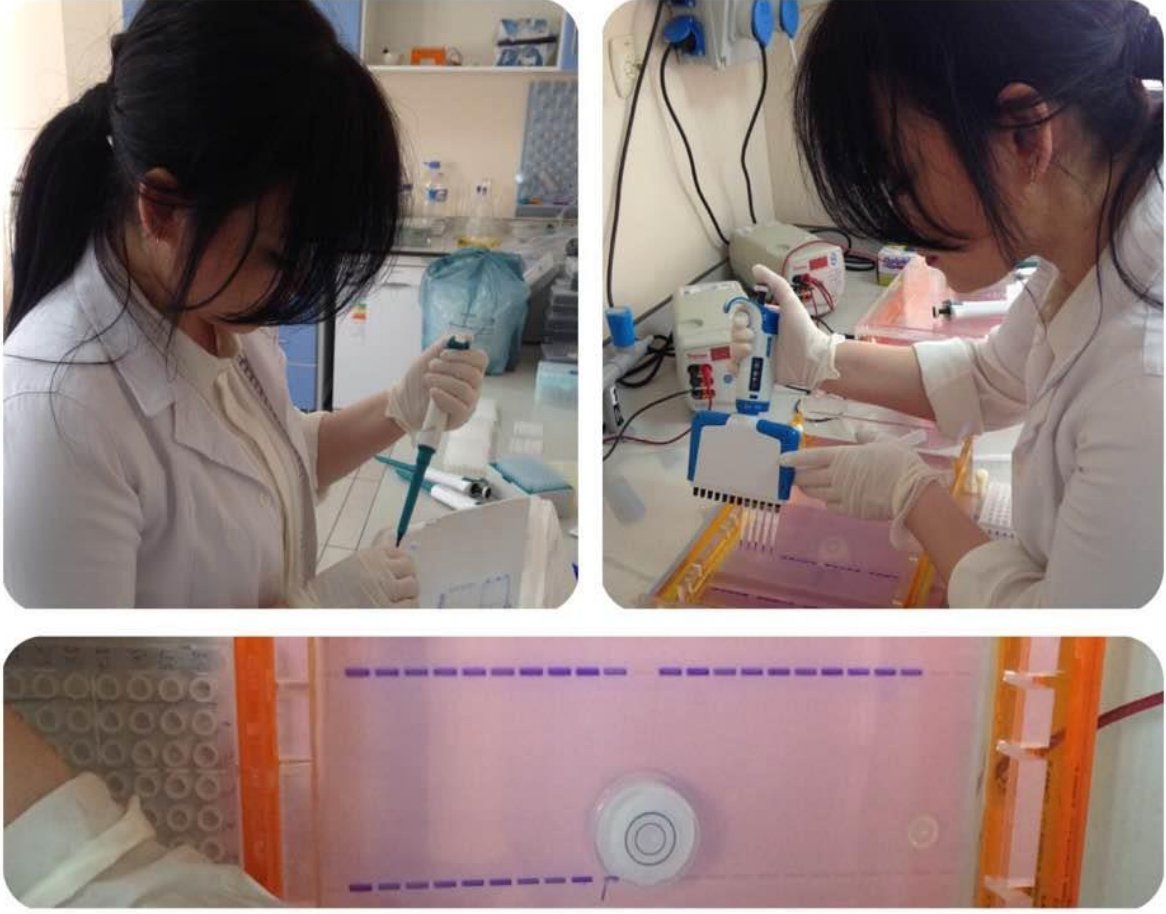
PCR; 0.2 ml hacminde 96'lık PCR tüplerine;

2 µl ddH<sub>2</sub>O, 3.5 µl 10X PCR buffer (Mg<sup>+2</sup> eklenmiş), 1.2 µl dNTP (5 mM), 4 µl F primer (20 µM), 4 µl R primer (20 µM), 5 µl Genomik DNA (100 ng), 0.3 µl DNA Taq polimeraz (5 U µl<sup>-1</sup>, Fermantes) gelecek şekilde toplam 20 µl solüsyon hazırlanmıştır.

PCR reaksiyonları "Eppendorf Mastercycler Gradient" marka PCR cihazında; 94 °C'de 5 dakika çalıştıktan sonra 94 °C (DNA iplikçiklerinin ayrışması) 1 dakika, 55 °C (primerlerin yapışması) 1 dakika ve 72 °C (DNA eşleşmesi)'de 1 dakika çalışarak, 94°C ile 72°C arasında 35 döngü yapması sağlanıp ve son aşamada 72 °C'de 5 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. Bitirilen PCR ürünleri kullanıma kadar -20 °C'de bekletilmiştir.

PCR sonrasında PCR ürünleri agaroz jel analizi yapılmıştır.

Analiz için; yatay elektroforez tankına % 2.5'luk agaroz [6.25 gr Agaroz + 250 ml 1xTBE (Tris-Brote-EDTA Tamponu)] jel hazırlanmış, 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 V'luk sabit gerilimde 3 saat çalıştırılmıştır. Elektroforez işlemi esnasında elektroforez tankı içerisine etidium bromide solüsyonu (100 ml 1xTBE için 30 µl etidium bromür eklenerek) eklenmiştir. Elektroforez işlemi bittikten sonra jel UV altında görüntülenerek jel görüntüsü alınmıştır.



Şekil 3.16. Deneme materyallerinin PCR reaksiyonu hazırlanması ve PCR ürünlerinin jel elektroforez analiz işlemi

### 3.2.2.6. Moleküler analizlere ait verilerin değerlendirilmesi

Moleküler markörler kullanılarak her popülasyona ait temsilen alınan 5'er bitkiden edinilen örneklerden elde edilen graphogramların genotip analizleri yapılarak, UPGMA dendrogramlarının (cluster) oluşturulmasında Rohlf (1992) tarafından geliştirilen PopGen32 (Population Genetic Analysis System, Version 32V) programı kullanılmıştır. Örnekler arasındaki genetik uzaklıkların belirlenmesinde MEGA 6 programı kullanılmıştır. Genetik uzaklıkların hesaplanmasında ayrıca allel sıklıklarına göre işlem yapan 'Nei72' algoritmasından yararlanılmıştır (Rohlf, 1992).

Her primer için çoğaltılan PCR ürünlerinin parça uzunluğu, jel dokümantasyon sistemi içerisinde bulunan ve Genotyper 2.1 olarak adlandırılan paket programı sayesinde hesaplanmıştır.

Jelde görüntülenen bantlar polimorfik olup olmamasına göre 1 (var) veya 0 (yok) olarak sınıflandırılıp matris oluşturularak genetik uzaklık Nei (1972;1973) göre aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır:

$$D = -\ln \left[ \frac{G_{xy}}{\sqrt{G_x G_y}} \right]$$

$G_x = \sum p_i^2$  'nin ortalaması ( $p_i = X$  popülasyonuna ait  $i$ 'nci allelin frekansı)

$G_y = \sum q_i^2$  'nin ortalaması ( $q_i = Y$  popülasyonuna ait  $i$ 'nci allelin frekansı)

$G_{xy} = \sum p_i q_i$  'nin ortalaması

Çalışmada kullanılan primerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Laborda ve ark. (2005)'na göre aşağıdaki formül yardımıyla belirlenmiştir. Buna göre, öncelikle polimorfik bantlarda toplam var (1) ve yok (0) olan bantların sayıları belirlenmiş, daha sonra bu bantların ayrı ayrı frekansları hesaplanmıştır. Formüle göre  $p_i$ ,  $i$  bantının frekansısıdır.

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

Aynı zamanda çoğaltılan her primer için ortalama allel sayısı ve gen çeşitliliği (He) Nei (1978) ve Morgante ve ark., (1994)'in bildirdikleri yöntemle göre hesaplanmıştır. Tüm popülasyon genetiği ile ilgili analizler POPGENE 1.32 (Yeh ve ark., 1997) paket programları kullanılarak yapılmıştır. Çizimlerde oluşan hataların en aza indirilmesi ve bütün olasılıkların değerlendirilmesi için en az 500 defa olasılık hesabı yapıp, ağaçlar oluşturularak birbirleriyle karşılaştırılmıştır.

Denemede kullanılmış olduğumuz popülasyonlarda elde edilen tüm lokuslara ait gözlenen allel sayısı ( $n$ ) ve etkili allel ( $ne$ ) sayıları hesaplanmıştır (Kimura ve Crow, 1964). Etkili allel sayısı eşit sıklıkta görülen ve gen frekansının hesaplanmasında etkili olan allellerdir. Etkili allel sayısı aşağıdaki formül ile hesaplanmaktadır (Berg ve Hamrick, 1997).

$$ne = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

Gözlenen ve etkili allel sayılarının elde edilmesi ile Nei (1973)'e göre genetik çeşitlilik ( $h$ ) değerleri hesaplanmıştır. Popülasyonda genetik çeşitliliği belirleme yöntemlerinden bir diğeri ise Shannon bilgi indeksidir. Shannon bilgi indeksi ( $H$  veya  $I$ ) formülü aşağıdaki gibidir.

$$H = \sum_{i=1}^s -(p_i \ln p_i)$$

Burada,

H veya I = Shannon çeşitlilik/bilgi indeksi

$p_i = i$  tünde oluşan nüfusun tamamı

s = karşılaşılan tür sayısı

$\sum = 1$ 'den s'ye kadar türlerin toplamı

Çalışmamızda genetik farklılaşma düzeyini belirlemek için Nei (1987)'nin  $G_{st}$  hesaplaması popülasyon içi ve popülasyonlar arası beklenen genetik çeşitliliği karşılaştırılmasına dayanmaktadır ve aşağıdaki formülle hesaplanmaktadır.

$$G_{st} = (H_t - H_s)/H_t$$

Popülasyonların genetik içeriğinin tamamına gen havuzu denir ve popülasyonların gen havuzları arasında gözlenen gen farklılıklarından doğan ve çeşitli sebeplerle (döllenme ve tohum transferi gibi) gen değişimlerine gen akışı denmektedir ve gen akışının belirlenmesi ile genetik farklılaşma da hesaplanabilmektedir. Gen akışı ile ilgili formül aşağıdaki gibidir.

$$Nm = 0.5 (1 - G_{st})/G_{st}$$

## 4. BULGULAR ve TARTIŞMA

Kahramanmaraş koşullarında 35 adet yerel cin mısır popülasyonlarının morfolojik, agronomik ve kalite özellikleri varyans analizine tabi tutularak, incelenen özellikler arasındaki farklılıklar Duncan testine göre analiz edilmiştir. Sonuçlar ayrı başlıklar halinde sunulmuştur.

### 4.1. Morfolojik, Agronomik ve Kalite Özellikleri

#### 4.1. 1. Tepe püskülü çıkış süresi (gün):

Araştırmamızda incelediğimiz 35 adet yerel cin mısır popülasyonunun tepe püskülü çıkış süresi özelliği bakımından 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş varyans analiz sonuçları Çizelge 4. 1’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 2’de verilmiştir.

Çizelge 4. 1. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tepe püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	1.32	0.78	2	0.95	0.54	2	6.75	0.71
Genotip	34	38.56	22.73**	34	21.34	12.08**	34	44.43	4.68**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	5240.01	552.17**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.61	0.06
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	11.76	1.24
Hata	68	1.70	-	68	1.77	-	136	9.49	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p<0.05$ ; \*\*:  $p<0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 1. ‘de görüldüğü gibi, her iki yılda da genotipler arasındaki tepe püskülü çıkış süresindeki farklılık istatistikî olarak %1 önem seviyesinde önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip ve yıl x genotip interaksiyonunun %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 2. ‘de, tepe püskülü çıkış süresi bakımından denemenin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu görülmektedir. Araştırmanın birinci yılı verilerinde genotiplerin tepe püskülü çıkış süresi 61.000-72.000 gün arasında değiştiği kontrol çeşidin ise 70.667 gün olduğu belirlenmiştir. Genotipler arasında en kısa tepe püskülü çıkış süresi 61.00 gün ile 35nolu genotipte gözlenirken, 25 ve 26 (61.333 gün ) nolu genotiplerle aralarında istatistiksel olarak

farklılığın olmadığı ve aynı grupta yer aldıkları tespit edilmiştir. Ayrıca 35 nolu genotipin 62.000, 63.000, 62.667, 62.667, 61.667, 62.333, 63.000, 61.667, 62.000 ve 62.333 gün tepe püskülü çıkış süresine sahip olan 7, 8, 13, 16, 17, 18, 19, 22, 27 ve 32 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu kaydedilmiştir. En uzun tepe püskülü çıkış süresi 72.000 gün ile 12 nolu genotip olmuş, 71.667, 71.333, 69.667, 70.667, 70.667, 70.000 ve 71.000 gün'lük çiçeklenme değerleri ile sırasıyla 9, 14, 20, 24, 29, 30 ve 31 nolu genotiplerle bağlantılı grup oluşturduğu gözlenmiştir. Tepe püskülü çıkış süresi 66.333 gün olan 2, 33 ve 34 nolu genotipler istatistiksel olarak aynı geçiş grubunda yer alırken, 1, 3 ve 10 nolu genotiplerin sırasıyla 66.667, 65.667 ve 65.333 gün değerleri ile bağlantılı oldukları kaydedilmiştir. Diğer genotiplerden 67.667 gün ile 11 nolu genotip, 4 (67.000 gün), 5 (67.000 gün) ve 15 (67.333 gün) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları belirlenmiştir. Tepe püskülü çıkış süresi 68.667 gün olan 6 ve 23 nolu genotipler aynı geçiş grubunda yer alırken, 69.333 gün ile 21 nolu genotip ve 64.000 gün ile 28 nolu genotip ayrı geçiş gruplarında yer aldığı tespit edilmiştir(Çizelge 4.2).

Araştırmanın ikinci yılında tepe püskülü çıkış süresinin 61.000-71.333 gün arasında değişiklik gösterdiği, tepe püskülü çıkış süresi en kısa 13 ve 34 nolu genotipler olurken, en uzun sürenin ise 12 ve 24 nolu genotipler olduğu belirlenmiştir. Kontrol çeşit incelendiğinde Nermin cin (29) 69.667 gün tepe püskülü çıkış süresine sahip olduğu görülmüştür. Tepe püskülü çıkış süresi yönünden 13 ve 34 nolu genotip istatistiksel olarak aynı grupta yer alırken, 1, 19, 22 ve 35 nolu genotipler (sırasıyla 63.333, 62.333, 63.000 ve 62.333 gün) haricindeki genotiplerle aralarındaki farklılığın istatistiksel olarak önemli olduğu tespit edilmiştir. En uzun tepe püskülü çıkış süresine sahip olan 12 ve 24 nolu genotipler aynı grupta yer alırken, 69.333, 69.000, 69.667 ve 69.667 gün ile 14, 23, 29 ve 31 nolu genotiplerle bağlantılı oldukları kaydedilmiştir. Tepe püskülü çıkış süresi bakımından 4, 10 ve 21 nolu genotipler 68.000 gün; 3 ve 30 nolu genotipler 67.667 gün ile; 2 ve 7 nolu genotipler 67.333 gün ile aynı grupta yer kendi aralarında aynı grupta yer alırken, 68.333 gün ile 11 nolu genotip te dâhil olmak üzere hepsi aynı geçiş grubunda yer almışlardır. Diğer genotiplerden 9, 25 ve 33 nolu genotipler 64.66 gün ile aynı geçiş grubunda yer almışlar ve 64.33 gün ile 6 ve 17 nolu genotiplerle 64.000 gün ile 26 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Başka bir geçiş grubunda ise 65.333 gün ile 16, 27 ve 32 nolu genotipler aynı grupta yer alırken 65.000 gün ile 28 nolu genotiple de bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Geriye kalan 5, 8, 15, 18 ve 20 nolu genotipler sırasıyla 66.000, 65.667, 67.000, 66.667 ve 66.667 gün değerleri ile geçiş gruplarını oluşturmuşlardır.



Çizelge 4. 2.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tepe püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	66.667	GH	63.333	LO	65.000	FH
2	66.333	GI	67.333	BH	66.833	DE
3	65.667	HI	67.667	BG	66.667	DF
4	67.000	FH	68.000	BF	67.500	CD
5	67.000	FH	66.000	EK	66.500	DF
6	68.667	CG	64.333	JN	66.500	DF
7	62.000	JK	67.333	BH	64.667	GI
8	63.000	JK	65.667	LO	64.333	GJ
9	71.667	AB	64.667	IN	68.167	CD
10	65.333	HI	68.000	BF	66.667	DF
11	67.667	DH	68.333	BE	68.000	CD
12	<b>72.000</b>	<b>A</b>	<b>71.333</b>	<b>A</b>	<b>71.667</b>	<b>A</b>
13	62.667	JK	<b>61.000</b>	<b>O</b>	<b>61.833</b>	<b>L</b>
14	71.333	AB	69.333	AC	70.333	AB
15	67.333	EH	67.000	CI	67.167	CE
16	62.667	JK	65.333	GM	64.000	GK
17	61.667	JK	64.333	JN	63.000	IL
18	62.333	JK	66.667	DJ	64.500	GI
19	63.000	JK	62.333	NO	62.667	JL
20	69.667	AE	66.667	DJ	68.167	CD
21	69.333	BF	68.000	BF	68.667	BC
22	61.667	JK	63.000	MO	62.333	KL
23	68.667	CG	69.000	AD	68.833	BC
24	70.667	AC	<b>71.333</b>	<b>A</b>	<b>71.000</b>	<b>A</b>
25	<b>61.333</b>	<b>K</b>	64.667	IN	63.000	IL
26	<b>61.333</b>	<b>K</b>	64.000	KN	62.667	JL
27	62.000	JK	65.333	GM	63.667	HK
28	64.000	IJ	65.000	HM	64.500	GI
29	70.667	AC	69.667	AB	70.167	AB
30	70.000	AD	67.667	BG	68.833	BC
31	71.000	AC	69.667	AB	70.333	AB
32	62.333	JK	65.333	GM	63.833	GK
33	66.333	GI	64.667	IN	65.500	EG
34	66.333	GI	<b>61.000</b>	<b>O</b>	63.667	HK
35	<b>61.000</b>	<b>K</b>	62.333	NO	<b>61.667</b>	<b>L</b>
<b>Ortalama</b>	66.010	B	66.152	A	63.653	

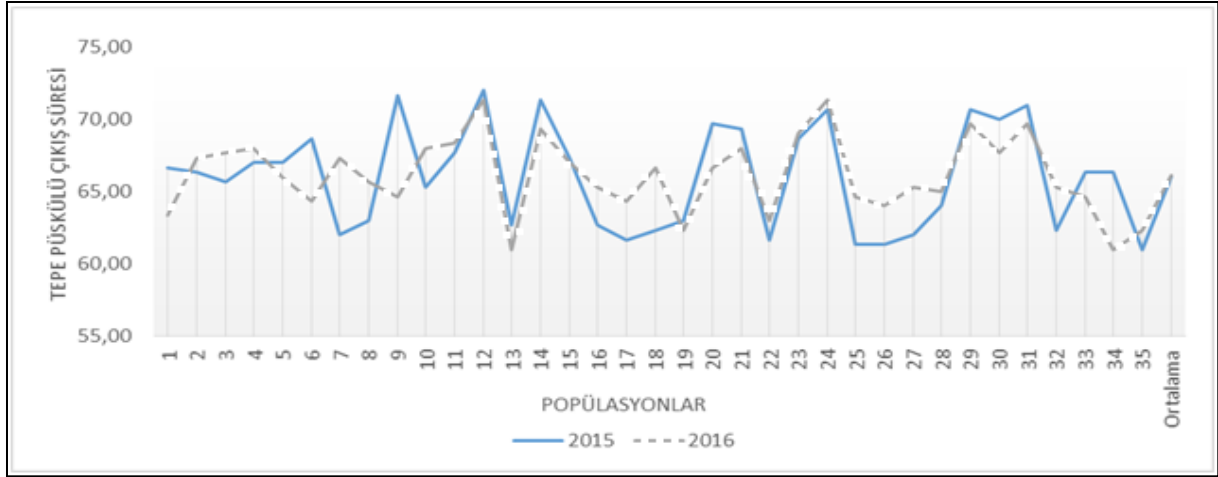
Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Denemenin yürütüldüğü 2015 ve 2016 yıllarından elde edilen verilerin birleştirilmiş analizinde ortalama tepe püskülü çıkış süresi 61.667- 71.667 gün arasında değişmekle birlikte,

kontrol çeşidimiz olan Nermin cin 70.167 gün ile ortalama bir sonuç göstermiştir. Diğer taraftan tepe püskülü çıkış süresi en kısa 61.667 gün ile 35 nolu genotip, en uzun olan ise 71.667 gün ile 12 nolu genotip olmuştur. Tepe püskülü çıkış süresi yönünden 35 nolu genotipin, 61.833 gün ile 13 nolu genotiple aralarında ki farklılığın istatistiksel olarak önemsiz olmasıyla aynı grupta yer aldıkları ve 17 (63.000 gün), 19 (62.667 gün), 22 (62.333 gün), 25 (63.000 gün) ve 26 (62.667 gün) nolu genotiplerle bağlantılı oldukları tespit edilmiştir. En uzun tepe püskülü çıkış süresine sahip olan 12 nolu genotip, 71.000 gün'e sahip olan 24 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları, 70.333 gün'e sahip 14 ve 31 nolu genotiplerle ve 70.167 gün ile 29 nolu genotipler dışında diğer genotiplerle farklılıkları istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir. Bu genotipleri takiben 21, 23 ve 30 nolu genotipler yer almışlar ve sırasıyla 68.667, 68.833 ve 68.833 gün ile aynı geçiş grubunu oluşturdukları kaydedilmiştir. Başka bir geçiş grubunda 4, 9, 11 ve 20 nolu genotipler yer almış ve tepe püskülü çıkış süreleri sırasıyla 67.500, 68.167, 68.000 ve 68.167 gün olarak belirlenmiştir. Tepe püskülü çıkış süreleri 64.667, 64.333, 64.000, 64.500 ve 63.833 gün olan 7, 8, 16, 18, 28 ve 32 nolu genotipler birbirleri ile bağlantılı bir geçiş grubunu oluşturdukları gözlenmiştir. Diğer taraftan 66.667 gün ile 3 ve 10 nolu genotipler, 66.500 gün ile 5 ve 6 nolu genotipler aynı geçiş grubunda yer aldıkları tespit edilmiştir. Geriye kalan 27 ve 34 nolu genotipler 63.667 gün ile aynı geçiş grubunda yer alırken, 1 (65.000 gün), 2 (66.833 gün), 15 (67.167 gün) ve 33 (65.500 gün) nolu genotipler de bağlantılı geçiş gruplarında yer aldığı kaydedilmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tepe püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.1'de verilmiştir. Genotiplere ait tepe püskülü çıkış süreleri yıllar açısından kıyaslandığında genel itibari ile 2015 yılına ait verilerin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu görülmüştür. Yıllar arasında meydana gelen bu farklılığın ekim tarihlerinin farklı olması neticesinde iklimsel değişikliklerin çiçeklenmeye olan etkilerinden kaynaklandığı düşünülmüştür.

Yıllara bağlı olarak genotiplerin tepe püskülü çıkış süreleri bakımından 11, 12, 15, 19, 23 ve 24 nolu genotiplere ait değerlerin he iki yılda da hemen hemen aynı olduğu, diğer genotiplerin ise yıllar arasında farklılığının daha belirgin olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.1. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tepe püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma

Mısır genotiplerinde, genetik çeşitlilik farklı ekolojik bölgelere uyum, verim ve kalite özelliklerinin belirlenmesine yönelik çok sayıda araştırma yapılmıştır. Salami ve ark (2017) Güney Benin'in farklı bölgelerinden elde ettikleri 87 mısır genotipinde ortalama tepe püskülü çıkış süresini 57.2 gün olarak belirlemişlerdir. Yapılan diğer başka araştırmalardan Pandit ve ark. (2016) yaptıkları çalışmada tepe püskülü çıkış süresini 84.67-104.67 gün olarak kaydetmişlerdir. İdikut ve ark. (2015) yerel 13 cin mısır genotipinin tepe püskülü çıkış süresinin 54-66 gün, İdikut ve Kara (2013) 15 hibrit mısır çeşitlerinde 46-57 gün, Uwah ve ark. (2016) 51-52.8 gün, Spitko ve ark. (2014) 58-63 gün, Gönülal (2013) 93-94 gün ve Budak ve ark. (2013) 49-50.6 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Başka bir çalışmada ise Öz ve Kapar (2011) 22 adet hibrit cin mısırı genotiplerinin verim özelliklerine yönelik araştırmada çiçeklenme gün sayısının 67-74 gün arasında değiştiği ve aralarında önemli farklılıklar oluşturduğunu bildirmişlerdir. Köse ve Turgut (2011) at dişi mısır hatlarında 66-86 gün arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Özsisli ve ark. (2009) hibrit mısır çeşitlerinde I. Üründe 66-76 gün, II. Üründe ise 52-60 gün ve Kapar ve Öz (2006) yaptıkları çalışmada ise 58-67 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bulut ve ark. (2008), silajlık mısırdaki tepe püskülü çıkış süresinin 79.8-82.4 gün olarak tespit etmişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısırı genotipiyle yapmış oldukları araştırmada çiçeklenme süresinin 69- 73 gün arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş cin mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinin tepe püskülü çıkış süresini 63.3-73.7 gün arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Bulut (2016) 24 silajlık mısır çeşidinde tepe püskülü çıkış süresini 78-88 gün; Sönmez ve ark. (2013) 6 şeker mısır çeşidinde tepe püskülü çıkış süresini 54-78 gün; Kharazmshahi ve ark. (2015) 9 şeker mısır çeşidinde tepe püskülü çıkış süresini 52-56

gün; Salami ve ark. (2017) yerel 87 mısır popülasyonunda tepe püskülü çıkış süresini 43-63 gün; Zamaninejad ve ark. (2013) mısırdaki gelişiminin farklı dönemlerinde uygulanan su kısıntısının verim ve verim öğelerine olan etkisini araştırırken tepe püskülü çıkış süresini 55.93-56.33 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Diğer taraftan silajlık mısır yetiştiriciliği bakımından yapılan araştırmalarda tepe püskülü çıkış süresi ile ilgili olarak; Gürel (2007) 64-73 gün, Erdal ve ark. (2009) 58-66 gün, Cerit ve ark. (2011) 52.7-54 gün, Özata ve Kapar (2011) 56.7-64.7 gün, Pamukçu ve ark. (2011) 60-66 gün, Öner ve ark. (2011a) 58-65 gün, Öner ve ark. (2011b) 71-77 gün, Aydın (2011) 66-73 gün, Küçük (2011) 53-63 gün, Akbay (2012) 73.7-88 gün, Balmuk (2012) 60-68 gün, Coşkun ve ark. (2013) 52-57 gün, Koca (2013) 72-82 gün, Öktem ve Toprak (2013) 47-52 gün, Demiray (2013) 62-68 gün, Kabakçı (2014) 65-77 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Bu verilerden elde edilen sonuçlar tepe püskülü çıkış süresinin çeşide, ekolojiye, toprakta kullanılabilir besin elementlerinin mevcudiyetine ve sulama durumlarına göre değiştiğini göstermektedir. Öz ve Kapar (2011) melez cin mısırın tepe püskülü çıkış süresinin çeşitlere ve yıllara göre önemli farklılıklar oluşturduğunu belirtmişlerdir. Rattalino Edreira ve Otegui (2012) sıcaklık gibi çevresel faktörlerin genotipler arasında çiçeklenme yönünden varyasyon oluşturduğunu belirtmişlerdir. Gökmen ve ark (2001) ekim sıklığı ve azot dozunun artmasıyla tepe püskülü çıkış süresinin azaldığını kaydetmişlerdir. İdikut ve Kara (2011) tepe püskülü çıkış süresi yıllara göre önemli farklılık oluşturduğu ve tepe püskülünün genotip, iklim ve çevresel faktörlerden etkilendiğini açıklamışlardır. Araştırmada kullanılan deneme materyalinin Türkiye genelinden toplanan yerel popülasyon olması nedeniyle tepe püskülü çıkış süreleri farklılık göstermiştir. Tepe püskülü çıkış süresinin kullanılan genotiplere, bölgelere, çevresel faktörlere ve uygulama faktörlerine göre farklılık göstereceği, daha önce yapılan araştırma sonuçlarında da anlaşılmaktadır.

#### **4. 1. 2. Koçan püskülü çıkış süresi (gün)**

Araştırmamızda incelediğimiz 35 yerel cin mısır popülasyonunun koçan püskülü çıkış süresi (gün) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 3'de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 4'de verilmiştir.

Çizelge 4. 3. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	2.581	1.012	2	1.267	0.529	2	10.72	1.26
Genotip	34	37.078	14.532**	34	25.301	10.568**	34	54.93	6.46**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	6264.81	736.99**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	7.58	0.89
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	11.94	1.40
Hata	68	2.552	-	68	2.394	-	136	8.50	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 3. 'de görüldüğü gibi, her iki yılda da genotipler arasındaki koçan püskülü çıkış süresindeki farklılık istatistikî olarak %1 önem seviyesinde önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip ve yıl faktörlerinin %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 4. İncelendiğinde ise koçan püskülü çıkış süresi bakımından denemenin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş verileri Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturmuştur. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçan püskülü çıkış süresi 69.333-79.667 gün arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 75.667 gün olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçan püskülü çıkış süresi en kısa olan genotip 69.333 gün ile 19 nolu genotip olduğu ve 65.667 gün ile 22 nolu genotipin istatistiksel olarak aynı grupta yer aldığı kaydedilmiştir. Ayrıca 19 ve 22 nolu genotiplerin 7 (67.333 gün), 13 (68.667 gün), 16 (67.667 gün), 17 (67.000 gün), 18 (67.333 gün), 25 (67.667 gün), 26 (68.333 gün), 27 (67.667 gün), 28 (68.333 gün) ve 35 (67.333 gün) nolu genotipler dışında diğer genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılığa sahip oldukları tespit edilmiştir. Koçan püskülü çıkış süresi en uzun olan genotipin 79.667 gün ile 14 nolu genotip olduğu, 77.000 ile 77.333 gün koçan püskülü çıkış süresine sahip olan 9 ve 12 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu ortaya çıkmıştır. Diğer taraftan 11, 20, 23, 24, 29 ve 31 nolu genotipler geçiş grubunu oluşturdukları ve sırasıyla 74.667, 74.333, 74.333, 74.333, 75.667 ve 74.667 gün değerlerine sahip oldukları belirlenmiştir. Koçan püskülü çıkış süresi 72.667, 73.333, 72.667, 73.333, 73.000, ve 73.000 gün olan sırasıyla 2, 4, 5, 15, 21 ve 30 nolu genotipler birbirleri ile bağlantılı bir geçiş grubunu oluşturduğu, 1 (71.667 gün), 6 (72.000 gün) ve 32 (72.333 gün) nolu genotiplerin ise başka bir geçiş grubunu oluşturduğu gözlenmiştir. Geriye kalan 70.333 gün ile 3 ve 34 nolu genotipler, 70.000 gün ile 8 nolu genotip, 69.667 gün ile 10 nolu genotip ve 71.000 gün ile 33

nolu genotipler birbirleri ile bağlantılı başka bir geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir (Çizelge 4.4).

Araştırmanın ikinci yılında koçan püskülü çıkış süresinin 65.667-76.667 gün arasında değişiklik gösterdiği, koçan püskülü çıkış süresi en kısa olan genotipin 19 nolu genotip, en uzun olanının ise 29 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. En kısa koçan püskülü çıkış süresine sahip 19 nolu genotipin 68.000, 67.333, 66.333 ve 66.333 gün değerlere sahip olan sırasıyla 13, 22, 34 ve 35 nolu genotipler dışında diğer genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılıklara sahip olduğu tespit edilmiştir. Koçan püskülü çıkış süresi en uzun olan 29 nolu genotipin ise 10 (76.000 gün), 12 (76.000 gün), 14 (75.333 gün), 23 (74.000 gün), 24 (76.000 gün) ve 31 (74.000 gün) nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Diğer genotiplerden 7, 20 ve 32 nolu genotipler 72.000 gün ile aynı geçiş grubunda yer aldığı ve bu grubun 72.333 gün ile 2 nolu genotiple, 71.667 gün ile 4 ve 21 nolu genotiplerle, 71.333 gün ile 9 ve 15 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları belirlenmiştir. Başka bir geçiş grubunda ise 70.333 gün ile 5 ve 17; 70.000 gün ile 1 ve 27; 69.667 gün ile 16 ve 18 nolu genotiplerin yer aldığı gözlenmiştir. Koçan püskülü çıkış süresi 69.000 gün ile 6 ve 26; 69.000 gün ile 25; 68.667 gün ile 28 ve 33 nolu genotipler birbirleri ile bağlantılı bir geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan 3, 8, 11 ve 30 nolu genotipler 73.667, 70.667, 72.667 ve 73.000 gün çiçeklenme süreleriyle geçiş gruplarını oluşturduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.4).

Çizelge 4. 4.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

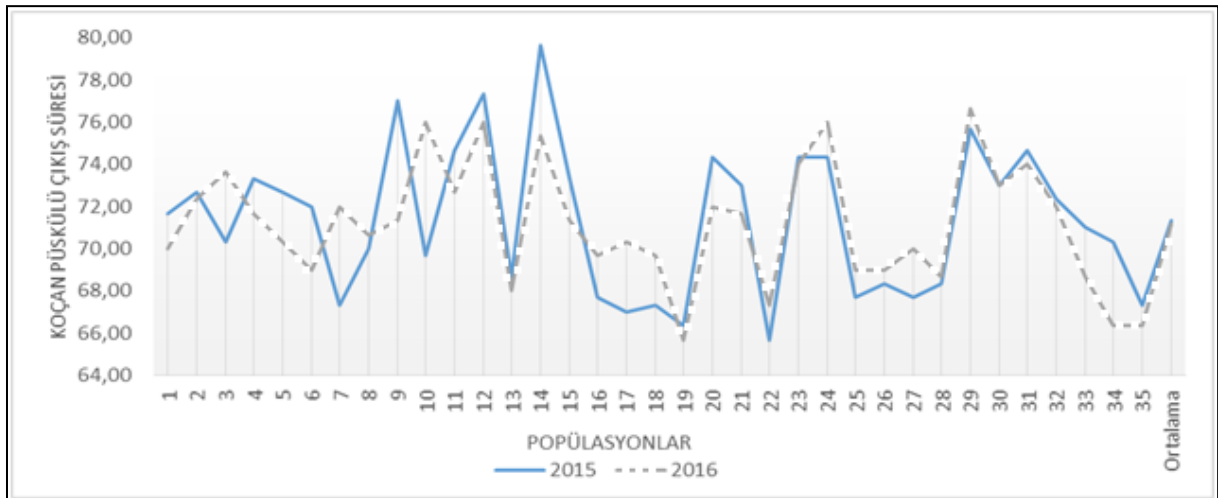
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	71.667	DG	70.000	FK	70.833	IM
2	72.667	CG	72.333	GM	72.500	EJ
3	70.333	EI	73.667	BE	72.000	GK
4	73.333	CE	71.667	IM	72.500	EJ
5	72.667	CG	70.333	FK	71.500	HL
6	72.000	DG	69.000	HL	70.500	JN
7	67.333	IK	72.000	HM	69.667	LN
8	70.000	FJ	70.667	EJ	70.333	KN
9	77.000	AB	71.333	IM	74.167	CF
10	69.667	GJ	76.000	AB	72.833	EI
11	74.667	BD	72.667	CG	73.667	DG
12	77.333	AB	76.000	AB	76.667	AB
13	68.667	HK	68.000	JM	68.333	NP
14	<b>79.667</b>	<b>A</b>	75.333	AC	<b>77.500</b>	<b>A</b>
15	73.333	CE	71.333	IM	72.333	EK
16	67.667	IK	69.667	GK	68.667	NO
17	67.000	JK	70.333	FK	68.667	NO
18	67.333	IK	69.667	GK	68.500	NP
19	<b>66.333</b>	<b>K</b>	<b>65.667</b>	<b>M</b>	<b>66.000</b>	<b>Q</b>
20	74.333	BD	72.000	HM	73.167	DH
21	73.000	CF	71.667	IM	72.333	EK
22	<b>65.667</b>	<b>K</b>	67.333	KM	66.500	PQ
23	74.333	BD	74.000	AD	74.167	CF
24	74.333	BD	76.000	AB	75.167	BD
25	67.667	IK	69.000	HL	68.333	NP
26	68.333	HK	69.000	HL	68.667	NO
27	67.667	IK	70.000	FK	68.833	MO
28	68.333	HK	68.667	IL	68.500	NP
29	75.667	BC	<b>76.667</b>	<b>A</b>	76.167	AC
30	73.000	CF	73.000	CF	73.000	EH
31	74.667	BD	74.000	AD	74.333	CE
32	72.333	DG	72.000	HM	72.167	FK
33	71.000	EH	68.667	IL	69.833	LN
34	70.333	EI	66.333	LM	68.333	NP
35	67.333	IK	66.333	LM	66.833	OQ
<b>Ortalama</b>	71.333	A	71.152	B	71.243	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Denemenin yürütüldüğü 2015 ve 2016 yıllarından elde edilen verilerin birleştirilmiş analizin sonucu ortalama koçan püskülü çıkış süresi 66.000-77.500 gün arasında değişmekle

birlikte, kontrol çeşidimiz olan Nermin cin 76.167 gün olarak elde edilmiştir. Diğer taraftan koçan püskülü çıkış süresi en kısa olan genotipin 19 nolu genotip, en uzun sürenin ise 14 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Koçan püskülü çıkış süresi yönünden 19 nolu genotip 22 (66.500 gün) ve 35 (66.833 gün) nolu genotipler hariç diğer genotiplerle istatistikî olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. En geç koçan püskülü oluşturan 14 nolu genotip 12 (76.667 gün) ve 29 (76.167 gün) nolu genotiplerle bağlantılı grup oluşturduğu gözlenmiştir. Onları takip eden 24 nolu genotip 75.167 gün ile bir geçiş grubunda yer aldığı belirlenmiştir. Ayrıca 74.167 gün ile 9 ve 23 nolu genotipler, 74.333 gün ile 31 nolu genotiple başka bir geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir. Bir diğer geçiş grubunda 11 ve 20 nolu genotipler sırasıyla 73.667 ve 73.167 gün değerler ile yer almışlardır. Koçan püskülü çıkış süresi bakımından 2, 3, 4, 10, 15, 21, 30 ve 32 nolu genotipler sırasıyla 72.500, 72.000, 72.500, 72.833, 72.333, 72.333, 73.000 ve 72.167 gün değerleri alarak birbirleri ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları belirlenmiştir. Ayrıca geriye kalan 1, 6, 7, 8, 13, 16, 17, 18, 25, 26, 27, 28, 33 ve 34 nolu genotiplerin ise 70.833, 70.500, 69.667, 70.333, 68.333, 68.667, 68.667, 68.500, 68.333, 68.667, 68.833, 68.500, 69.833 ve 68.333 gün değerleri ile kendi aralarında bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.2’de verilmiştir.



Şekil 4.2. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan püskülü çıkış süresi (gün) verilerine ait karşılaştırma



Genotiplere ait koçan püskülü çıkış süreleri yıllar açısından kıyaslandığında genel itibari ile 2015 yılına ait verilerin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu görülmüştür. Yıllar arasında meydana gelen bu farklılığın ekim tarihlerinin farklı olması neticesinde iklimsel değişikliklerin çiçeklenmeye olan etkilerinden kaynaklandığı düşünülmüştür.

Yıllara bağlı olarak genotiplerin koçan püskülü çıkış süreleri bakımından 13, 23, 30 ve 32 nolu genotiplere ait değerlerin her iki yılda da hemen hemen aynı olduğu görülmüştür. Yıllar arası farklılıkların gözlemlendiği 3, 7, 10, 16, 17, 18, 22, 24, 25, 26, 27, 28 ve 29 nolu genotiplere ait koçan püskülü çıkış süreleri 2016 yılında 2015 yılındakine nazaran daha yüksek olduğu gözlenirken, diğer genotiplerin ise yıllar arasında farklılığının daha belirgin olduğu belirlenmiştir.

Son zamanlarda yapılan çalışmalardan koçan püskülü çıkış süresinin Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş mısır hattı ve bunlardan elde edilmiş yoklama melezlerinde 67-79 gün, Gürel (2007) Kastamonu ekolojik koşullarında yetiştirdiği silajlık mısır çeşitlerinde 67-78 gün; Bulut ve ark. (2008) silajlık mısır çeşitlerinde 84-86 gün, değiştiğini; Silva ve ark. (2010) tropik ve subtropik bölgelere adapte olmuş 10 cin mısır hattı ve bu hatlardan elde edilen 45 melezinde 41-63 gün, Öner ve ark. (2011b) Samsun koşullarında yetiştirdiği hibrit mısır çeşitlerinde 73-77 gün; Aydın (2011) Tokat-Kazova koşullarında atdışi mısır çeşitlerinde 68-75 gün; Akbay (2012) Tokat koşullarında ikinci ürün olarak yetiştirdiği mısır çeşitlerinde 76-91 gün; Balmuk (2012) Konya koşullarında ikinci ürün olarak 13 mısır çeşidinde 63-71 gün; İdikut ve Kara (2013) ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 hibrit mısır çeşidinde 49-60 gün, Sönmez ve ark. (2013) 6 farklı şeker mısır çeşidinde 62-82 gün ve Özcan ve ark. (2013) 71-77 gün; Koca (2013) 78-87 gün arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Ayrıca, Spitko ve ark. (2014) farklı ülkelerden temin ettikleri 83 hibrit mısırı sulu ve susuz koşullarda yetiştirmiş ve koçan püskülü çıkışının 60-65 gün arasında değiştiğini bildirmiştir. Kabakçı (2014) Iğdır ekolojik koşullarında koçan püskülü çıkış süresinin 66-76 gün arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. İdikut ve ark. (2015) çalışmalarında biri kompozit, ikisi yerel çeşit ve 10 tanesi de yerel popülasyon olmak üzere 13 mısır popülasyonunu Kahramanmaraş koşullarında yetiştirmişler ve koçan püskülü çıkış süresini 58-70 gün arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir.

Kahraman ve ark. (2015) tek melez mısır genotiplerinden 20 mısır çeşit ve çeşit adaylarında yapmış oldukları çalışmada koçan püskülü çıkış süresinin 63-70 gün arasında

değiştirdiğini; Bulut ve ark. (2016) 24 silajlık mısır çeşidinde koçan püskülü çıkış süresini 81-91 gün olduğunu; İdikut ve ark. (2016) kompozit ve hibrit şeker mısır çeşidinde koçan püskülü çıkış süresinin 58-64 gün arasında değiştiğini; Kharazmshahi ve ark. (2015) 9 hibrit şeker mısır çeşidinde koçan püskülü çıkış süresini 49-56 gün; Sharifi ve Namvar (2016) azot uygulama zamanının mısır bitkisinde etkilerini incelemek için yapmış oldukları bu çalışmada koçan püskülü çıkış süresini 61-68 gün; Uwah ve ark. (2016) 3 mısır çeşidine farklı dozlarda kanatlı gübresi vermişler ve bu çalışma neticesinde koçan püskülü çıkış süresini 55-59 gün olarak belirlemişlerdir. Pandit ve ark. (2016) 19'u kendilenmiş hat ve 1'i ticari çeşit olmak üzere toplamda 20 mısır genotipiyle yapmış oldukları çalışmada genotiplerin koçan püskülü çıkış süresinin 86-120 gün; Salami ve ark. (2017) Güney Beninin farklı ekolojik bölgelerinden temin edilen 87 mısır popülasyonu ile yaptıkları çalışmada ise koçan püskülü çıkış süresinin 47-67 gün arasında değiştiği bildirilmiştir.

Bu konuyla ilgili yapılan literatür taramasında önceki çalışmalardan elde edilen koçan püskülü çıkış süresi ile bizim elde ettiğimiz bulgular büyük ölçüde uyumluluk göstermektedir. Ancak gözlemlenen farklılıklar da bulunmakta ve bu farklılıkların çalışmada kullanılan çeşidin, ekim zamanının, ekolojik koşulların ve yetiştirme tekniklerinin farklılığına bağlı olarak meydana geldiği düşünülmektedir. Bu konuyla ilgili olarak ta; İdikut ve ark. (2015) koçan püskülü çıkış süresinin çeşide, toprak ve çevre koşullarına, Tsimba ve ark. (2013b) değişen çevre koşullarına bağlı olarak değişebileceğini ve Rattalino Edreira ve Otegui (2012) ise sıcaklık gibi çevresel faktörlerin genotipler arasında çiçeklenme başlangıç süresi ve çiçeklenme süresinin varyasyona neden olabileceğini belirtmişlerdir.

#### **4. 1. 3. Bitki boyu (cm)**

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısır popülasyonlarının bitki boyu (cm) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 5'de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 6'da verilmiştir.

Çizelge 4. 5. 'de görüldüğü gibi, ilk yıl ve ikinci yıl verilerinden elde edilen sonuçlara göre bitki boyu özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıllar, genotipler arasındaki ve yıl x genotip interaksyonuna ait farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 5. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki boyu (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	9.24	1.75	2	8.77	1.60	2	7.54	1.41
Genotip	34	780.42	148.15**	34	780.03	142.75**	34	1212.66	226.08**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	8547.92	1593.60**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	10.54	1.96
YılXGenotip	-	-	-	-	-	-	34	347.89	64.87**
Hata	68	5.27	-	68	5.46	-	136	5.36	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 6. incelendiğinde ise bitki boyu bakımından denemenin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşmuştur. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde bitki boyu değeri 124.167-204.533 cm arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 157.013 cm olduğu belirlenmiştir. En uzun bitki boyunun 204.533 cm ile 32 nolu genotipte olduğu, diğer genotiplerden ise istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. Bitki boyu yönünden 189.300 cm ile 33 nolu genotipin ikinci sırada en yüksek değeri izlediği ve diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Üçüncü sırada 17 nolu genotip 183.000 cm bitki boyuyla izlediği ve diğerlerinden istatistiki olarak farklılık oluşturduğu tespit edilmiştir. 8, 27 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 176.667, 177.967 ve 178.233 cm bitki boyuyla aynı grupta yer aldığı, 12 nolu genotip (175.800 cm) hariç diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. Bağlantılı geçiş grubuna sahip olan 3 ve 13 nolu genotipler sırasıyla 172.700 ve 171.223 cm bitki boyuna sahip olmuşlardır. 4, 19 ve 34 nolu genotipler sırasıyla 167.667, 169.433 ve 170.433 cm bitki boyuyla aynı geçiş grubunda yer aldığı ve 23 nolu (166.900 cm) genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu görülmüştür. Bitki boyu yönünden aynı geçiş grubunda yer alan 10, 11, 16, 24 ve 30 nolu genotipler sırasıyla 164.333, 163.333, 165.200, 166.000, 164.733 cm değerlerine sahip olduğuna, 7 nolu (162.380 cm) genotiple bağlantılı geçiş grubu oluşturdukları tespit edilmiştir. Bitki boyu bakımından en düşük değer 124.167 cm ile 21 nolu genotipte elde edildiği ve diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. En düşük ikinci sırada 20 nolu genotip 129.710 cm ile, üçüncü sırada 15 nolu genotip 139.867 cm bitki boylarıyla izledikleri ve birbirlerinden farklı gruplarda yer aldıkları gibi diğerlerinden de istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu gözlenmiştir. Bitki boyu yönünden aynı grupta yer alan 1, 14 ve 25 nolu genotipler sırasıyla 153.400, 152.927 ve

154.233 cm değerlere sahip olmuştur. 22, 28 ve 29 nolu genotiplerin sırasıyla 156.467, 156.967 ve 157.013 cm bitki boyuna sahip oldukları, 5 (158.733 cm) nolu genotip, 18 (160.507 cm) nolu genotip, 26 nolu (143.533 cm) genotip, 31 nolu (160.667 cm) genotiplerle aralarında bağlantılı geçiş grupları oluşturduğu belirlenmiştir. Diğer 2, 6 ve 9 nolu genotipler sırasıyla 144.400, 145.377 ve 144.700 cm bitki boyuyla diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturmuştur (Çizelge 4.6).

Araştırmanın ikinci yılında bitki boyu 146.833-214.667 cm arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 180.267 cm olduğu gözlenmiştir. Bitki boyu en uzun olan 32 nolu (214.667 cm) genotip 33 nolu (210.867 cm) genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer almıştır. En yüksek değeri üçüncü sırada izleyen 30 nolu genotip 202.887 cm ile, dördüncü sırada 34 nolu genotip 197.100 cm ile izlediği birbirlerinden ve diğer genotiplerden istatistiki önemli farklılık oluşturduğu tespit edilmiştir. Bitki boyu yönünden 181.000 cm'ye sahip olan 22 nolu genotip 7 nolu (178.267 cm), 12 nolu (180.000 cm), 14 nolu (178.333 cm) ve 29 nolu (180.267 cm) genotipler haricindeki diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. Aynı grupta yer alan 3, 13 ve 23 nolu genotipler sırasıyla 185.667, 185.600 ve 187.133 cm bitki boyuna sahip oldukları, 35 nolu genotip (187.667 cm) haricinde diğer genotiplerden istatistiki açıdan önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. 31 nolu genotip 191.200 cm bitki boyuna sahip olduğu 35 nolu genotip haricinde diğer genotiplerle istatistiki farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. En düşük bitki boyu 148.833 cm ile 20 nolu genotipte olduğu, 6 nolu (150.200 cm) genotip haricindeki diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. En düşük değeri üçüncü, dördüncü ve beşinci sırada izleyen 9, 10 ve 17 nolu genotipler sırasıyla 151.200, 153.667 ve 153.000 cm bitki boyuyla izlediği, aynı grupta yer aldığı, 6 nolu genotip haricinde diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. Bitki boyu yönünden 2, 4, 8, 18, 19, 21 ve 27 nolu genotipleri sırasıyla 172.800, 171.100, 171.333, 172.962, 174.600, 170.667 ve 172.467 cm değerlerine sahip olduğu bağlantılı geçiş grupları oluşturduğu belirlenmiştir. Bağlantılı geçiş grubuna yer alan 1, 24, 25, 26 ve 28 nolu genotiplerle sırasıyla 166.733, 165.333, 167.933, 168.067 ve 165.333 cm bitki boyuna sahip olduğu ve 166.333 cm olan 11 nolu genotiple de bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Diğer genotiplerden; 5 nolu genotip 160.333 cm bitki boyuna sahip olduğu, bunu izleyen 16 nolu genotipten (161.333 cm) istatistiki olarak farklılık oluşturmadığı belirlenmiştir. 15 nolu genotip 176.333 cm bitki boyuyla 2, 12, 18, 27 ve 29 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur.

Çizelge 4. 6. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki boyu (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

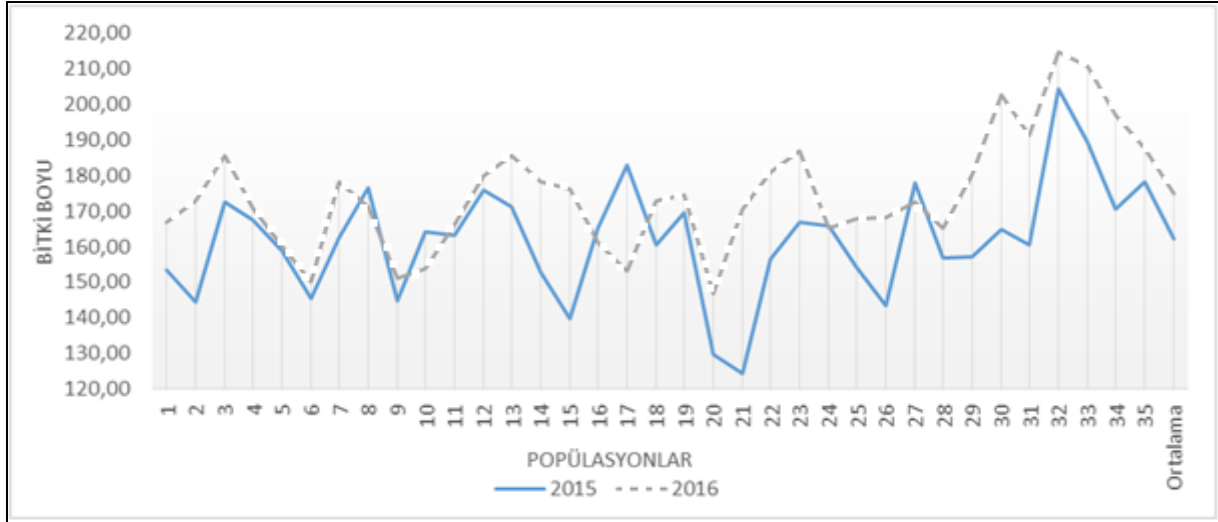
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	153.400	P	166.733	LM	160.067	P
2	144.400	Q	172.800	IJ	158.600	PQ
3	172.700	FE	185.667	E	179.183	D
4	167.667	HG	171.000	JK	169.333	IK
5	158.733	NO	160.333	O	159.533	P
6	145.377	Q	150.200	PQ	147.783	R
7	162.380	LM	178.267	FH	170.317	IJ
8	176.667	D	171.333	JK	174.000	GH
9	144.700	Q	151.200	P	147.950	R
10	164.333	LK	153.667	P	159.000	P
11	163.333	LK	166.333	M	164.833	MN
12	175.800	DE	180.000	FG	177.900	DF
13	171.223	FG	185.600	E	178.417	DE
14	152.927	P	178.333	FH	165.633	LN
15	139.867	R	176.333	GI	158.100	PQ
16	165.200	LK	161.333	NO	163.267	O
17	183.000	C	153.000	P	168.000	JL
18	160.507	NO	172.967	IJ	166.750	KM
19	169.433	HG	174.600	HJ	172.017	HI
20	129.710	S	<b>146.833</b>	<b>Q</b>	<b>138.267</b>	<b>S</b>
21	<b>124.167</b>	<b>T</b>	170.667	JL	147.417	R
22	156.467	PO	181.000	F	168.733	JK
23	166.900	HK	187.133	E	177.017	DF
24	166.000	LK	165.333	MN	165.667	LN
25	154.233	P	167.933	KM	161.083	OP
26	143.533	QR	168.067	KM	155.800	Q
27	177.967	D	172.467	IJ	175.217	FG
28	156.967	PO	165.333	MN	161.150	OP
29	157.013	PO	180.267	FG	168.633	JK
30	164.733	LK	202.867	B	183.800	C
31	160.667	NO	191.200	D	175.933	EG
32	<b>204.533</b>	<b>A</b>	<b>214.667</b>	<b>A</b>	<b>209.600</b>	<b>A</b>
33	189.300	B	<b>210.867</b>	<b>A</b>	200.083	B
34	170.433	HG	197.100	C	183.767	C
35	178.233	D	187.667	DE	182.950	C
<b>Ortalama</b>	162.071	B	174.831	A	168.451	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama bitki boyu değerleri 138.267-209.600 cm arasında değişmekle birlikte, bitki boyu en kısa olan genotipin 138.267

cm ile 20 nolu genotip, en uzun bitki boyu deęerinin ise 209.600 cm ile 32 nolu genotipten elde edildięi belirlenmiřtir. En yksek ikinci deęeri 33 nolu genotip 200.083 cm ile izledięi ve dięerlerinden istatistiki olarak nemli farklılık oluřturduęu kaydedilmiřtir. Bitki boyu ynnden aynı grupta yer alan 30, 34 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 183.800, 183.767 ve 182.950 cm deęerlere sahip olduęu ve dięerlerinden istatistiki olarak nemli farklılık oluřturduęu tespit edilmiřtir. 179.833 cm bitki boyuna sahip olan 3 nolu genotip 12 (177.900 cm), 13 (178.417 cm) ve 23 (177.017 cm) nolu genotiplerin haricindeki dięer genotiplerden istatistiki olarak nemli farklılık oluřturmuřtur. Bitki boyu ynnden 8, 27 ve 31 nolu genotipler 174.000, 175.217 ve 175.933 cm deęerleri ile baęlantılı geiř gruplarına sahip olmuřlardır. Baęlantılı geiř grubunda yer alan 4, 7 ve 19 nolu genotipler 169.333, 170.317 ve 172.017 cm bitki boyuna sahip olmuřlardır. En dřk deęeri ikinci grupta yer alarak izleyen 6, 9, 21 nolu genotiplerin 147.783, 147.950, 147.417 cm bitki boyu sahip oldukları ve dięerlerinden istatistiki olarak nemli farklılık oluřturduęu belirlenmiřtir. Bitki boyu ynnden aynı grupta yer alan 1, 5 ve 10 nolu genotipler sırasıyla 160.067, 159.533 ve 159.000 cm deęerlerine sahip olduęu, 2 (158.600 cm), 15 (158.100 cm), 25 (161.083 cm) ve 28 (161.150 cm) nolu genotiplerin dıřında dięerlerinden istatistiki olarak nemli farklılık oluřturduęu kaydedilmiřtir. 26 nolu genotip 155.800 cm bitki boyuna sahip olduęu 2 ve 15 nolu genotipler dıřında dięerleri ile istatistiki olarak nemli farklılık oluřturmuřtur. 16 nolu genotip 163.267 cm bitki boyuyla 25 ve 28 nolu genotiplerin dıřında dięerleri ile istatistiki olarak nemli farklılık oluřturduęu tespit edilmiřtir. Dięer 11, 14, 17, 18, 22, 24 ve 29 nolu genotipler sırasıyla 164.833, 165.633, 168.000, 166.750, 168.733, 165.667 ve 168.633 cm bitki boyuna sahip olduęu ve geiř gruplarını oluřturduęu kaydedilmiřtir (izelge 4.6).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki boyu (cm) verilerine ait karřılařtırma Őekil 4.3'de verilmiřtir. Genotiplere ait bitki boyu deęerleri yıllar aısından kıyaslandığında genel itibari ile 2015 yılına ait verilerin 2016 yılı verilerine nazaran daha dřk olduęu grlmřtr. Genotip bakımından incelendięinde 2015 yılına ait verilerin yksek olduęu genotiplerin 8, 10, 17 ve 27 nolu genotipler olduęu belirlenmiřtir. Dięer taraftan 5, 11, 16 ve 24 nolu genotiplere ait verilerin her iki yılda da birbirlerine yakın deęerlere sahip oldukları ve geriye kalan tm genotiplere ait bitki boyu deęerlerinin 2016 yılında daha dřk olduęu kaydedilmiřtir.



Şekil 4.3. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki boyu (cm) verilerine ait karşılaştırma

Yıllar arasında meydana gelen bu farklılığın dolaylı olarak iklimsel farklılıklara bağlı olurken, temel olarak bitki sıklığından kaynaklandığı düşünülmektedir. Denemenin ilk yılında meydana gelen dolu olayının henüz çıkış yapmış olan bitkilerin zarar görmesine ve parsellerdeki olması gereken bitki sayısında azalmaya neden olmuştur. Böylelikle bitki sıklığı daha az olan genotiplerin (2015 yılına ait genotipler) gün ışığından faydalanma olanağının fazla oluşunun bitkiler arasında rekabet oluşmamasına ve boy uzunluğu bakımından daha düşük olmasına neden olduğu belirlenmiştir.

Bitki boyu yalnızca mısır çeşidini tanımlamak için değil, aynı zamanda yeşil ve kuru ot üretimini ve dane verimini belirleyen en önemli faktörlerden biridir. Birçok araştırmacı çalışmalarında bitki boyu- dane dolumu, bitki boyu-kuru madde birikimi, bitki boyu-tane verimi ve bitki boyu-ilk koçan yüksekliği özellikleri arasında pozitif bir ilişki olduğunu ileri sürmüşlerdir. Bu konuyla alakalı olarak yapılan çalışmalardan; Özkaynak ve Samancı (2003) 15 kendilenmiş cin mısırı hatları ve onların melezlenmesinden elde edilen yoklama melezleri ile yaptığı çalışmada bitki boyunun hatlarda 98-128 cm, melezlerde 103-152 cm olarak belirlendiğini ifade etmişlerdir. Akdeniz ve ark (2004) Van koşullarında 13 mısır çeşidinin verim ve yem değerlerinin belirlenmesine yönelik çalışmasında genotiplerin bitki boylarının 143.7-242.6 cm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) çalışmalarında 12 cin mısırı genotipinde bitki boyu değerlerinin 194-240 cm arasında değiştiğini gözlemlemişlerdir. Kapar ve Öz (2006) çalışmalarında bitki boyu değerlerinin tek melezlerde 255-282 cm arasında değiştiğini kaydetmiştir. Konuşkan (2006) melez mısır genotipleriyle yapmış olduğu çalışmada bitki boyu uzunluklarının 206-230 cm arasında değiştiğini

kaydetmiştir. Bilici Çevik (2006) silajlık 8 mısır çeşidinde bitki boylarının 250.35-287.40 cm; Vartanlı (2006) Ankara koşullarında yetiştirdiği 12 hibrit mısırdaki bitki boylarının 288.5-320 cm değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir. Gürel (2007) 17 silajlık mısır çeşidiyle yapmış olduğu çalışmada bitki boyu değerlerini 227.8-273.9 cm olarak tespit etmiştir. Ergül (2008) 24 atdışı mısır çeşidinin tarımsal ve kalite özelliklerini incelemişler ve genotipler arasında bitki boyu değerlerinin 298-341 cm arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir. Erdal ve ark. (2009) silajlık mısır çeşit adayları olarak elde ettikleri 8 tek melez bitkilerde bitki boylarının 226-250 cm değişiklik gösterdiğini kaydetmişlerdir. Özsisli ve ark. (2009) farklı olum grubuna sahip hibrit mısır çeşitlerinde I. üründe 155-188 cm, II. üründe ise 170-205 cm bitki boyları elde ettiklerini ifade etmişlerdir.

Silva ve ark. (2010) 10 cin mısır hattını ve bu hatlardan elde ettikleri melezlerin tarımsal performanslarını araştırmışlar ve bitki boyu değerlerinin 106-207 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Aydoğan (2010) Ordu ilinde 4 mısır genotipinin silaj kalitelerini belirlemek için yaptıkları çalışmada bitki boylarının 265-277 cm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Adeleye ve Aveni (2010) farklı toprak işleme tekniklerinin ve bitki sıklığı uygulamalarının bitki boylarının (155-174 cm) belirlenmesinde etkili olduğunu öne sürmüşlerdir. Kuşaksız (2010) melez mısırlarda tarımsal değerleri belirleme çalışmasında genotiplere ait bitki boyu değerlerinin 173-238 cm arasında olduğunu ve Kuşaksız (2011) Manisa ilinde ana ürün olarak yetiştirdiği mısır çeşitlerinde bitki boyu değerlerinin 167-240 cm arasında değiştiğini; Cengiz ve ark. (2011) 17 adet kendilenmiş mısır hatlarında bitki boyu değerlerini 168-279 cm arasında değişim gösterdiğini ve Öz ve Kapar (2011) 22 adet hibrit cin mısır genotiplerinde yapmış oldukları çalışmada bitki boyunun 188-245 cm arasında değiştiği ve aralarında önemli farklılıklar oluşturduğunu kaydetmişlerdir. Bolat ve ark. (2011) iki farklı gübrenin silajlık mısır bitkisine olan etkilerini araştırdıkları bu çalışmada bitki boyunun 270-284 cm arasında değiştiğini saptamışlardır. Cerit ve ark. (2011) bazı atdışı mısır çeşitleri ile yapmış oldukları bu çalışmada bitki boylarının 206.7-237.5 cm olarak belirlemişlerdir. Pamukçu ve ark. (2011) Antalya ve Samsun koşullarında yetiştirdikleri beyaz hibrit çeşit adayları genotiplerinin bitki boylarını Antalya'da 275-301 cm, Samsun'da 283-318 cm olarak izlemişlerdir.

Özsisli (2010) çalışmasında Kahramanmaraş koşullarında birinci ve ikinci ürün olarak yetiştirilen farklı mısır çeşitlerinde bitki boyu 161-200 cm olarak belirlemiştir. Özkan ve Ülger (2011) çalışmalarında incelemiş oldukları cin mısırı çeşitlerinin bitki boylarının 177-213 cm arasında değiştiği belirtmişlerdir. Tezel ve ark. (2012) Konya koşullarında 12 mısır



genotipinin bitki boylarını 225-292 cm arasında; Öz ve ark. (2013) Samsun koşullarında yetiştirdiği mısır genotiplerinden bitki boyu değerini 213-325 cm arasında değiştiğini ve İdikut ve ark. (2013) Kahramanmaraş koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 hibrit mısır çeşidini yetiştirmişler ve bu çalışma neticesinde genotiplere ait bitki boyu değerlerinin 172-220 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Özata ve Kapar (2013) Samsun koşullarında 20 mısır genotipine ait verim parametrelerini incelemişler ve bitki boyunu 261-293 cm arasında olduğunu belirlemişlerdir.

Zamaninejad ve ark. (2013) mısır bitkisinin gelişimi esnasında farklı dönemlerde su stresi uygulayarak bitki boyu değerinin 108-112 cm arasında değiştiğini; Jasemi ve ark. (2013) mısırdaki farklı ekim zamanı ve farklı azot dozlarının verim ve verim özellikleri üzerine etkilerini araştırırken bitki boylarına ait değerleri 140-154 cm arasında; Aslam ve ark. (2014) çalışmalarında 6 mısır çeşidine su stresi uygulamışlar ve ilk koçan yüksekliğinin de bitki boyuna paralel olarak bu stresten olumsuz anlamda etkilendiğini ve bitki boyu değerlerinin 41.65-79.74 cm olduğunu belirlemişlerdir.

İdikut ve ark. (2015) 13 cin mısırı genotipini Kahramanmaraş ekolojik koşullarında iki yıl süreyle araştırmışlar ve genotipler ait bitki boyu değerlerinin 134-181 cm arasında değiştiğini ifade etmişlerdir. Kahraman ve ark. (2015) tek melez mısır genotiplerinin performansı değerlendirmişler ve bitki boyu 237-356 cm olarak tespit ederlerken, Kharazmshahi ve ark. (2015) 9 tatlı mısır çeşidini 2 farklı ekim zamanı uygulamasıyla değerlendirmiş ve genotiplere ait bitki boyu değerlerinin 148-160 cm arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Seyedzavar ve ark. (2015) farklı su rejimlerinin 14 farklı hibrit mısır üzerine etkilerini incelerken bitki boyu değerlerini 183-198 cm olarak belirlemişlerdir.

Maga ve ark. (2015) 2 mısır çeşidini 3 farklı ekim zamanına göre değerlendirmiş ve bitki boylarını 88-101 cm arasında değiştiğini izlemişlerdir. İdikut ve ark. (2016) kompozit ve hibrit şeker mısırı genotiplerinde bitki boyunun 119-178 cm arasında değişiklik gösterdiğini; Uwah ve ark. (2016) Nijerya'da farklı dozlarda kanatlı gübresinin 3 mısır çeşidinde büyüme verim açısından etkilerini araştırmışlar ve bitki boylarını 97-204 cm olduğunu; Bulut (2013) 24 adet mısır çeşidini yetiştirmiş ve bunlara ait bitki boyunu 156-239 cm arasında değişiklik gösterdiğini tespit etmişlerdir. Özata ve ark. (2016) Merit F<sub>1</sub> mısır çeşidinin farklı sıra arası mesafe ve farklı dozlarda azot kullanımı ile ilgili gözlenen değişimleri belirlemeye çalışmışlar ve bu bağlamda bitki boyu 192.7-212.1 cm arasında değişkenlik gözlendiğini bildirmişlerdir.

Sharifi ve Namvar (2016) mısırın farklı gelişim evrelerinde farklı dozlarda azot uygulamasının etkilerini inceledikleri bu çalışmada bitki boyunun 151-185 cm arasında değiştiğini; Pandit ve ark. (2016) 20 mısır genotipine ait bitki boyu değerini 82-176 cm olduğunu kaydetmişlerdir. Salami ve ark (2017) Benin'in farklı bölgelerinden temin edilen 87 mısır popülasyonuna ait bitki boyu değerlerinin 141-279 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Ijaz ve ark. (2017) farklı ekim sıklığı uyguladıkları mısır bitkisinde bitki boyu değerlerinin 256-261 cm arasında belirlemişlerdir.

Diğer bazı çalışmalarda elde edilen bitki boyları; 152-170 cm (Öktem ve ark., 2004), 188.3-220.3 cm (Keskin, 2011), 215.4-315.4 cm (Özata ve Kapar, 2011), 167-217 cm (Köse ve Turgut, 2011), 301-330 cm (Öner ve ark., 2011a), 270-325 cm (Öner ve ark., 2011b), 193.3-230 cm (Moralı, 2011), 217.7-280.3 cm (Aydın, 2011), 254-293 cm (Küçük, 2011), 203.6-256.6 cm (Akbaş, 2012), 210-274 cm (Balmuk, 2012), 250-290 cm (Coşkun ve ark., 2013), 180-226 cm (Öktem ve Toprak, 2013), 94.1-252.7 cm (Koca, 2013), 252.3-299.5 cm (Demiray, 2013), 256-268 cm (Gönülal, 2013), 201 cm (Sabancı, 2013) ve 256-319 cm (Kabakçı, 2014) olarak belirlemişlerdir.

Bizim araştırmamızda elde ettiğimiz bitki boyu değerleri patlak mısırla alakalı birçok çalışma ile benzerlik göstermiştir. Diğer taraftan bazı farklılıklarda gözlenmiş ve bu farklılıkların genetik faktörler nedeniyle genotipe bağlı olarak değişmekle (Kuşvuran ve Nazlı, 2014) birlikte, çeşit ekim zamanı interaksyonunun da önemli varyasyonlara neden olduğu (Maga ve ark., 2015) belirlenmiştir. Hatta bu varyasyonların genotiplerin yetiştiği çevre faktörlerinden büyük oranda etkilendiğini (Öz ve Kapar, 2011), böylelikle yapılan araştırmalarda yıllar arasında farklılıklara da neden olduğu belirlenmiştir.

#### **4. 1. 4. İlk koçan yüksekliği (cm)**

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısır genotiplerinin ilk koçan yüksekliği (cm) özelliğine yönelik 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4.7'de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 8'de verilmiştir.

Çizelge 4. 7. 'de görüldüğü gibi, ilk ve ikinci yıl verilerinden elde edilen sonuçlara göre ilk koçan yüksekliği özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıllar ve genotipler

arası farklılıklar ve yıl x genotip interaksyonunun %1 önem seviyesinde önemli olduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 7. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	1.82	0.95	2	10.29	0.58	2	7.76	0.78
Genotip	34	527.69	275.61**	34	528.84	29.58**	34	774.53	78.26**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	5801.78	586.21**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	4.36	0.44
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	282.07	28.50**
Hata	68	1.91	-	68	17.89	-	136	9.90	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 8 'de görüldüğü üzere ilk koçan yüksekliği bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşmuştur. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde ilk koçan yüksekliği değerleri 41.917-97.767 cm arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 61.367 cm olduğu belirlenmiştir. Buna göre ilk koçan yüksekliği en kısa olan genotip 41.917 cm ile 20 nolu genotip olduğu, 43.800 cm ile 2 nolu genotipin de 20 nolu genotiple aralarında istatistikî olarak önemli farklılığın olmadığı, aynı grupta yer aldığı ve diğer gruplardan istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. En yüksek ilk koçan yüksekliğine sahip olan genotipin ise 97.767 cm ile 32 nolu genotip olduğu ortaya çıkmıştır. Koçan yüksekliğinde en yüksek değeri ikinci grup olarak izleyen 8 ve 24 nolu genotipler sırasıyla 90.900 ve 91.200 cm yüksekliğe sahip olduğu ve 33 nolu (89.500 cm) genotip hariç diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. 12 nolu genotip 88.200 cm ilk koçan yüksekliği ile 33 nolu genotipin dışında diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. 17, 27 ve 30 nolu genotipler 85.400, 85.667 ve 84.200 cm ilk koçan yüksekliğine sahip olduğu, diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılıkların olduğu tespit edilmiştir. İlk koçan yüksekliğinde 14 nolu genotip 77.300 cm değere sahip olduğu ve diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Aynı geçiş grubuna sahip olan 3, 10, 11 ve 16 nolu genotipler sırasıyla 74.200, 73.800, 74.333 ve 74.133 cm koçan yüksekliğine sahip olan genotipler 72.167 cm ile 7 nolu, 74.967 cm ile 25 nolu genotiplerin dışındaki diğer genotiplerden önemli farklılık oluşturduğu görülmüştür. Koçan yüksekliği yönünden aynı grupta yer alan 31 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 68.567 ve 68.500

cm değerle, onu takip eden 66.233 cm ile 1 nolu genotip, 67.633 cm ile 9 nolu genotip, 67.067 cm ile 26 nolu genotipler dışında diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu izlenmiştir. Genotipler arasında 5, 22 ve 23 nolu genotipler 64.600, 62.200 ve 64.500 cm ilk koçan yüksekliği ile aralarında bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Bağlantılı geçiş grubunda yer alan 4, 19 ve 28 nolu genotipler sırasıyla 64.933, 63.500 ve 63.067 cm ilk koçan yüksekliğine sahip olmuştur. En düşük ilk koçan yüksekliğini ikinci grup olarak izleyen 21 nolu genotip 46.867 cm yüksekliğe sahip olduğu ve diğerlerinden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturmuştur. Üçüncü grupta yer alan 15 ve 18 nolu genotipler 58.367 ve 58.033 cm ilk koçan yüksekliği ile diğer genotiplerden istatistiki olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. Koçan yüksekliği yönünden 13 ve 29 nolu genotipler bağlantılı geçiş grubu oluşturarak 63.800 ve 61.367 cm ilk koçan yüksekliği göstermiştir. Genotiplerden 6 nolu genotip 60.830 cm ilk koçan yüksekliğine sahip olduğu, 22, 28 ve 29 nolu genotiplerin dışında diğerlerinden önemli derecede farklılık göstermiştir. Diğer 34 nolu genotip ise 65.233 cm ilk koçan yüksekliği ile bir geçiş grubunda yer almıştır (Çizelge 4.8).

Araştırmanın ikinci yılında ilk koçan yüksekliği 57.400-108.867 cm arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 78.267 cm olduğu belirlenmiştir. İlk koçan yüksekliği en düşük olan genotip 10 nolu genotip olarak belirlenirken, 57.467 cm ile 9 nolu genotip ve 59.000 cm ile 2 nolu genotipler 10 nolu genotiple aynı grubu oluştururken, 6 (64.333 cm), 11 (64.867 cm), 13 (64.333 cm) ve 19 (64.800 cm) nolu genotipler haricindeki diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklılık göstermiştir. İlk koçan yüksekliği yönünden bağlantılı geçiş grubunda yer alan 1, 3, 7, 8, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 21, 22, 28, 29 nolu genotipler sırasıyla 81.867, 76.467, 82.667, 80.333, 75.333, 83.333, 78.133, 75.667, 82.133, 76.933, 77.000, 83.200, 83.000 ve 78.267 cm değerlere sahip olmuştur. Genotiplerden 5 ve 16 nolu genotipler sırasıyla 71.667 ve 70.333 cm ilk koçan yüksekliği ile bağlantılı grup oluşturmuştur. İlk koçan yüksekliği yönünden 23, 25, 26, 27, 30, 34 ve 35 nolu genotiplerin bağlantılı geçiş grubunda yer aldıkları, sırasıyla 91.533, 86.600, 87.167, 93.133, 94.300, 93.267 ve 93.600 cm değerlere sahip oldukları kaydedilmiştir. İlk koçan yüksekliği en yüksek olan genotipin ise 33 nolu genotip olduğu ve 108.267 cm ile 32 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldığı belirlenmiştir. En yüksek koçan yüksekliğini 99.600 cm ile üçüncü sırada izleyen 24 nolu genotip, 31 (98.133 cm), 27, 30, 34 ve 35 dışındaki diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Diğer 4 nolu genotip 79.667 cm ilk koçan yüksekliği ile bir geçiş grubunda yer almıştır.

Çizelge 4. 8. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015. 2016 ve iki yılın birleştirilmiş ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	66.233	HK	81.867	EF	74.050	JL
2	43.800	R	<b>59.000</b>	<b>J</b>	<b>51.400</b>	<b>S</b>
3	74.200	FG	76.467	FH	75.333	IK
4	64.933	JL	79.667	EG	72.300	KN
5	64.600	JM	71.667	GI	68.133	OP
6	60.830	O	64.333	IJ	62.583	QR
7	72.167	G	82.667	EF	77.417	HJ
8	90.900	B	80.333	EF	85.617	E
9	67.633	HI	<b>57.467</b>	<b>J</b>	62.550	QR
10	73.800	FG	<b>57.400</b>	<b>J</b>	65.600	PQ
11	74.333	FG	64.867	IJ	69.600	MO
12	88.200	C	75.333	FH	81.767	FG
13	63.800	KN	64.333	IJ	64.067	Q
14	77.300	E	83.333	EF	80.317	FH
15	58.367	P	78.133	FH	68.250	NP
16	74.133	FG	70.333	HI	72.233	KN
17	85.400	D	75.667	FH	80.533	FH
18	58.033	P	82.133	EF	70.083	LO
19	63.500	LN	64.800	IJ	64.150	Q
20	<b>41.917</b>	<b>R</b>	76.933	FH	59.417	R
21	46.867	Q	77.000	FH	61.933	QR
22	62.200	MO	83.200	EF	72.700	KM
23	64.500	KM	91.533	CD	78.017	GJ
24	91.200	B	99.600	B	95.400	C
25	74.967	F	86.600	DE	80.783	FH
26	67.067	HJ	87.167	DE	77.117	HJ
27	85.667	D	93.133	BD	89.400	D
28	63.067	LO	83.000	EF	73.033	KM
29	61.367	NO	78.267	FH	69.817	MO
30	84.200	D	94.300	BD	89.250	D
31	68.567	H	98.133	BC	83.350	EF
32	<b>97.767</b>	<b>A</b>	<b>108.267</b>	<b>A</b>	<b>103.017</b>	<b>A</b>
33	89.500	BC	<b>108.867</b>	<b>A</b>	99.183	B
34	65.233	IL	93.267	BD	79.250	FI
35	68.500	H	93.600	BD	81.050	FH
<b>Ortalama</b>	70.14	B	80.648	A	75.391	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

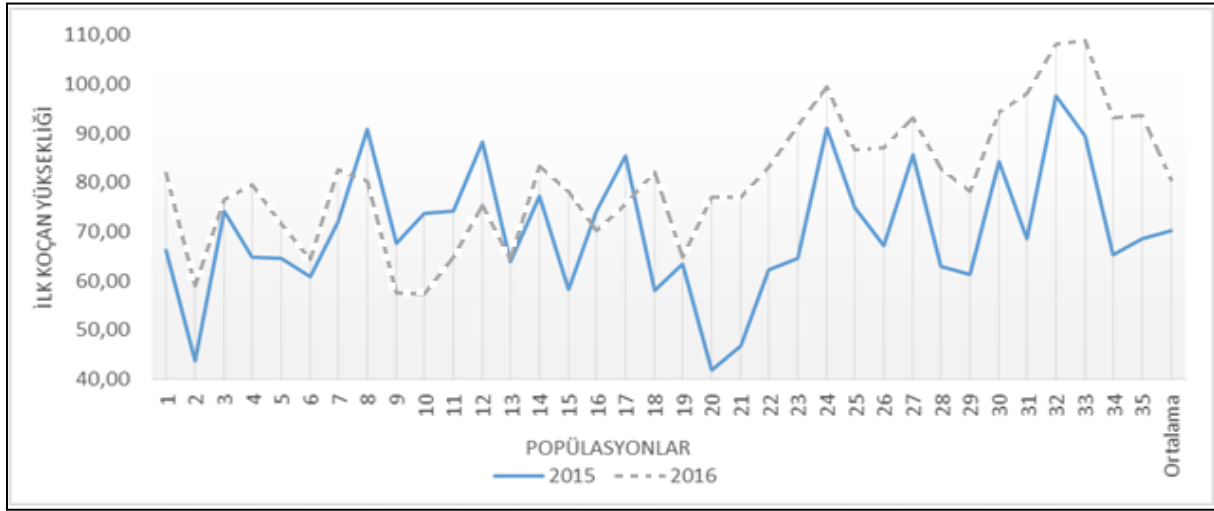
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama ilk koçan yüksekliği değerleri 51.400-103.017 cm arasında değişmekle birlikte, ilk koçan yüksekliği en kısa olan

genotipin 2 nolu genotip, en uzun ilk koçan yüksekliği değerinin ise 32 nolu genotipten elde edildiği belirlenmiştir. Ayrıca kontrol çeşidine ait ilk koçan yüksekliği 69.817 cm elde edilmiş olup, bu değer tüm genotiplere ait ortalama bir değer altında olduğu belirlenmiştir. İlk koçan yüksekliği yönünden 32 nolu genotip ve 2 nolu genotipin her birinin birbirinden ve diğer genotiplerden ayrı gruplarda yer aldığı belirlenmiştir. İlk koçan yüksekliği yönünden 99.183 cm ile 33 nolu genotip ikinci sırada, 95.400 cm ile 24 nolu genotip üçüncü sırada yer aldığı, birbirlerinde ve diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu gözlenmiştir. Dördüncü ve beşinci sırada yer alan 27 ve 30 nolu genotipler sırasıyla 89.400 ve 89.250 cm ilk koçan yüksekliği ile aynı grupta yer aldığı ve diğerlerinden istatistiksel olarak farklılık grup oluşturduğu izlenmiştir. En yüksek koçan yüksekliğini altıncı sırada izleyen 8 nolu genotip 85.617 cm ilk koçan yüksekliği ile 31 nolu (83.350 cm) genotipin haricindeki diğerlerinden istatistiksel olarak farklılık göstermiştir. Koçan yüksekliği yönünden bağlantılı geçiş grubunda yer alan 12, 14, 17, 25, 34 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 81.767, 80.317, 80.533, 80.783, 79.250 ve 81.050 cm değerlere sahip olmuşlardır. Bağlantılı grupta yer alan 5, 11, 18 ve 29 nolu genotipler sırasıyla 68.133, 69.600, 70.083 ve 69.817 cm ilk koçan yüksekliği ile diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklılık oluşturmuşlardır. Diğer bağlantılı grupta yer alan 3, 4, 16, 22 ve 28 nolu genotiplerin ilk koçan yükseklikleri sırasıyla 75.333, 72.300, 72.233, 72.700 ve 73.033 cm olarak kaydedilmiştir. İlk koçan yüksekliği yönünden 1, 7, 23 ve 26 nolu genotipler 74.050, 77.417, 78.017 ve 77.117 cm değerlerle bağlantılı geçiş grubunda yer almışlardır. Genotiplerden 15 nolu genotip 68.250 cm ilk koçan yüksekliği ile bir geçiş grubunda yer almıştır. İlk koçan yüksekliği yönünden 64.150 cm ve 64.067 cm değerlerle aynı gruba yer alan 19 ve 13 nolu genotipler, 62.583, 62.550, 65.600, 61.933 cm ile 6, 9, 10 ve 21 nolu genotiplerden farklılık oluşturmadığı diğer genotiplerden ise istatistiksel olarak farklılık oluşturduğu saptanmıştır. Diğer 20 nolu genotip ilk koçan yüksekliğinde 59.417 cm değere sahip olduğu 6, 9 ve 21 nolu genotiplerin dışında diğerlerinden önemli derecede farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir (Çizelge 4.8).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.4'de verilmiştir. Genotiplere ait ilk koçan yüksekliği değerlerinin yıllar açısından kıyaslandığında genel itibari ile 2015 yılına ait verilerin 2016 yılı verilerine nazaran daha düşük olduğu görülmüştür. Genotip bakımından incelendiğinde 2015 yılına ait verilerin yüksek olduğu genotiplerin 8, 9, 10, 11, 12 ve 17 genotipler olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan 13 ve 19 nolu genotiplere ait verilerin her iki yılda da

birbirlerine yakın değerlere sahip oldukları ve geriye kalan tüm genotiplere ait ilk koçan yüksekliği değerlerinin 2016 yılında daha düşük olduğu kaydedilmiştir.

İlk koçan yüksekliğinin bitki boyuna bağlı olarak değişim gösterdiği, uzun boylu bitkilerde genellikle ilk koçan yüksekliğinin de yüksek olduğu belirlenmiştir. Buna bağlı olarak genotiplere ait verilerin 2015 yılında, bitki sıklığının az olması ve geç ekime bağlı olarak sıcaklık artışının daha kısa sürede olması ile daha düşük olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.4. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında ilk koçan yüksekliği (cm) verilerine ait karşılaştırma

İlk koçan yüksekliği özelliği mısır bitkisinde makineli hasata uygunluk açısından önemli bir parametre olması araştırmacıları bu konuda incelemelere yöneltmiştir. Bu konuyla alakalı; Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş cin mısır hatlarını ve onlardan elde ettikleri yoklama melezlerini verim ve verimle ilgili parametreler açısından kıyaslamış, ilk koçan yüksekliği değerlerinin 53.9-100.8 cm arasında değişmekle birlikte yoklama melezlerin ilk koçan yüksekliği değerlerinin hatlardan elde değerlere göre daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir.

Tekkanat ve Soylu (2005) çalışmalarında 12 cin mısırı genotipinde ilk koçan yüksekliğinin 73-109 cm arasında değiştiğini; Kapar ve Öz (2006) çalışmalarında ilk koçan yüksekliğinin 95-126 cm arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Gürel (2007) 17 silajlık mısır çeşidiyle Kastamonu koşullarında yapmış olduğu çalışmada ilk koçan yüksekliğini 94.2-138.9 cm olarak tespit etmişlerdir. Ergül (2008) 24 atdışi mısır çeşidinin silajlık kullanılabilme

özelliğini belirlemek için tarımsal ve kalite özelliklerini incelemişler ve genotipler arasında ilk koçan yüksekliği değerlerinin 114.4-187.3 cm arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir.

Silva ve ark. (2010) 10 cin mısır hattını ve bu hatlardan elde ettikleri melezleri kullanarak bu bitkilerin kombinasyon yeteneklerini incelemişler ve ilk koçan yüksekliği değerlerinin 74-127 cm arasında değiştiğini; Aydoğan (2010) Ordu ilinde 4 mısır genotipinin silaj kalitelerini belirlemek için yaptıkları çalışmada ilk koçan yüksekliğini 106.8-123.6 cm olarak değişiklik gösterdiğini ifade etmişlerdir. Öner ve ark. (2011b) Samsun koşullarında yetiştirdikleri bazı hibrit mısır çeşitlerinde ilk koçan yüksekliğini 92-135 cm olarak belirlemişlerdir. Karşahin ve Sade (2011) 2 farklı sulama yöntemiyle 3 farklı olgunlaşma grubundan 3 mısır çeşidini 4 farklı ekim sıklığıyla yetiştirmiş ve çalışmanın sonucunda ilk koçan yüksekliği değerlerinin 101.45-117.75 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Cerit ve ark. (2011) bazı atdışi mısır çeşitlerinde tarımsal ve verim özelliklerini belirlemek için yapmış oldukları bu çalışmada ilk koçan yüksekliğini 104.7-124 cm olarak tespit etmişlerdir. Pamukçu ve ark. (2011) Antalya ve Samsun koşullarında yetiştirdikleri çeşit aday genotiplerin ilk koçan yüksekliklerinin Antalya'da 115-150 cm, Samsun'da 112-168 cm arasında değişiklik gösterdiğini ifade etmişlerdir. Tezel ve ark. (2012) Konya koşullarında 12 mısır genotipinin ilk koçan yüksekliğini 95-131 cm arasında belirlemişlerdir. Peykarestan ve Seify (2012) ekim zamanı ve bitki sıklığı uygulamalarının cin mısırdaki koçan yüksekliğine önemli etkide bulunduğu ve koçan yüksekliğinin 17.87-23.67 cm arasında değiştiğini açıklamışlardır. Diğer araştırmacılar; Moralar (2011) 85-126.6 cm, Aydın (2011) 101.7-138 cm, Küçük (2011) 113.3-152 cm, Öktem ve Toprak (2013) 79.8-11.3 cm olarak kaydetmişlerdir.

Coşkun ve ark. (2013) Harran ovası koşullarında 15 mısır çeşidini ikinci ürün olarak yetiştirmişler ve ilk koçan yüksekliğini 87-128 cm ve Öz ve ark. (2013) Samsun koşullarında yetiştirdiği mısır genotiplerinden ilk koçan yüksekliğini 73-133 cm arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Gönülal (2013) Konya ekolojik koşullarında, Sakarya hibrit mısır çeşidinin yetişme döneminin farklı süreçlerinde su kısıtlaması uygulayarak verim ve verim parametrelerine olan etkisini incelemiş bunun neticesinde ilk koçan yüksekliği değerlerinin 115.16-108.79 cm arasında değiştiğini, bu değişikliğin su kısıtlamasının uygulandığı dönemlerin ve su kısıtlamasının miktarının önemli ölçüde etkisi olduğunu öne sürmüşlerdir. İdikut ve ark. (2013) Kahramanmaraş koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15



hibrit mısır çeşidini yetiştirmişler ve bu çalışma neticesinde genotiplere ait ilk koçan yüksekliği değerlerinin 53-77 cm arasında değiştiğini gözlemlemişlerdir.

Sabancı (2013) çalışmasında mısır ve soya bitkilerini birlikte ekmiş ve mısır bitkisinde ilk koçan yüksekliğinin ortalama olarak 90.03 cm olduğunu ifade etmiştir. Özsisli (2010) çalışmasında Kahramanmaraş koşullarında birinci ve ikinci ürün olarak yetiştirilen farklı mısır çeşitlerinde ilk koçan yüksekliğini 82-122 cm olarak tespit etmiştir. Özata ve Kapar (2013) Samsun koşullarında 20 mısır genotipine ait verim parametrelerini incelemişler ve ilk koçan yüksekliğini 99-131 cm arasında olduğunu; Zamaninejad ve ark. (2013) mısır bitkisinin gelişimi esnasında farklı dönemlerde su stresi uygulayarak ilk koçan yüksekliği değerinin 51.93-57.23 arasında değiştiğini; Kabakçı (2014) silajlık olarak yetiştirdiği 9 mısır çeşidinde ilk koçan yüksekliğini 119.7-177.7 cm olarak belirlemişlerdir. Aslam ve ark. (2014) çalışmalarında 6 mısır çeşidine su stresi uygulamışlar ve ilk koçan yüksekliğinin de bitki boyuna paralel olarak bu stresten olumsuz anlamda etkilendiğini vurgulamışlardır.

İdikut ve ark. (2015) 13 cin mısırı genotipini Kahramanmaraş ekolojik koşullarında iki yıl süreyle araştırmışlar ve genotipler ait ilk koçan yüksekliğini 56-106 cm arasında değiştiğini; Kahraman ve ark. (2015) tek melez mısır genotiplerinin performansı değerlendirmişler ve ilk koçan yüksekliğini 97-172 cm olduğunu; Kharazmshahi ve ark. (2015) 9 tatlı mısır çeşidini 2 farklı ekim zamanı uygulamasıyla değerlendirmiş ve genotiplere ait ilk koçan yükseklik değerlerinin 104.7-126 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

İdikut ve ark. (2016) kompozit ve hibrit şeker mısırı genotiplerinde ilk koçan yüksekliğini 31-51 cm arasında değişiklik gösterdiğini saptamışlardır. Özata ve ark. (2016) Merit F<sub>1</sub> mısır çeşidinin farklı sıra arası mesafe ve farklı dozlarda azot kullanımı ile ilgili gözlenen değişimleri belirlemeye çalışmışlar ve bu bağlamda ilk koçan yüksekliğini 91.5-79.4 cm arasında değişkenlik gösterdiğini izlemişlerdir. Pandit ve ark. (2016) 20 mısır genotipine ait ilk koçan yükseklik değerini 40.67-106.67 cm olarak belirlemişlerdir. Salami ve ark (2017) Benin'in farklı bölgelerinden temin edilen 87 mısır popülasyonuna ait ilk koçan yüksekliği değerlerinin 60.86-158.13 cm arasında değiştiğini ifade etmişlerdir.

Bizim araştırmamızda ise ilk koçan yüksekliği verileriyle büyük oranda örtüşmektedir. Ancak yapılmış olan bu çalışmalarda benzerliklerin yanı sıra birçok farklı değerlerinde elde edildiği görülmektedir. İlk koçan yüksekliğinin büyük ölçüde genetik faktörlerin etkisi altında iken mısırın yetiştirildiği çevre faktörlerinin de bu özellik üzerinde etkili olmaktadır (Kuşvuran ve Nazlı, 2014). Bununla ilgili Maga ve ark. (2015) çeşit ve ekim zamanı

interaksiyonunun ilk koçan yüksekliği üzerine önemli varyasyonlara neden olduğu kaydetmişlerdir.

#### 4. 1. 5. Bitkide Sap Kalınlığı (mm)

Araştırmada ele alınan yerel cin mısır genotiplerinde bitkide sap kalınlığı özelliğine yönelik 2015, 2016 yılları ve her iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları Çizelge 4. 9’da, ortalama değerleri ve oluşan gruplar Çizelge 4. 10’da verilmiştir.

Çizelge 4. 9. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.21	1.84	2	5.39	2.01	2	2.17	1.55
Genotip	34	14.82	131.21**	34	11.65	4.34**	34	16.57	11.85**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	5706.52	4081.68**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	3.42	2.44
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	9.91	7.09**
Hata	68	0.11	-	68	2.68	-	136	1.40	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p<0.05$ ; \*\*:  $p<0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 9. ‘da görüldüğü gibi, genotipler arası bitkide sap kalınlığı (mm) özelliği bakımından farklılık her iki yılda da %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıllar, genotipler ve yıl x genotip interaksiyonu arasındaki farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 10’ da ki sonuçlar incelendiğinde, araştırmanın birinci yılı verilerinde bitkide sap kalınlığı değerlerinin 20.513-30.567 mm arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 27.700 mm olduğu belirlenmiştir. Buna göre sap kalınlığı en ince olan 20.513 mm ile 8 nolu genotip, en kalın olan 30.567 mm ile 26 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. En yüksek bitkide sap kalınlığını ikinci sırada 28.483 mm ile 18 nolu genotipin izlediği ve 28.233 mm’ye sahip olan 23 nolu genotipten farklılık oluşturmadığı diğer genotipler arasında istatistiksel olarak farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Bitkide sap kalınlığı yönünden 14, 29 ve 31 nolu genotipler sırasıyla 27.693, 27.700 ve 28.133 mm ile aynı geçiş grubunda yer aldığı, 23 ve 17 (27.583 mm) nolu genotiplerin dışında diğerlerinden istatistiksel olarak farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Aynı geçiş grubunda yer alan 1, 2 ve 15 nolu genotipler sırasıyla 24.753, 24.553 ve 24.640 mm sap kalınlığı ile 25.097 mm’ye sahip olan 7 nolu genotip, 25.153

mm'ye sahip 19 nolu genotip, 24.337 mm'ye sahip 22 nolu genotiplerin dışında diğer genotiplerden önemli derecede farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Sap kalınlığı yönünden 25.520 ve 25.433 mm ile 24 ve 35 nolu genotipler aynı grupta yer aldığı, 25.700 mm'ye sahip 34 nolu genotip, 25.233 mm'ye sahip 30 nolu genotip, 7 ve 19 nolu genotiplerle aralarında önemli bir farklılık oluşturmadığı, diğerlerinden ise önemli derecede farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Aynı geçiş grubunda yer alan 4, 20 ve 32 nolu genotipler sırasıyla 26.570, 26.507 ve 26.667 mm sap kalınlığına sahip olduğu, 26.980 mm'ye sahip olan 12 nolu genotip ve 26.233 mm'ye sahip olan 27 nolu genotipler arasında istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu kaydedilmiştir. Genotiplerden 13 nolu genotip 27.347 mm sap kalınlığı ile geçiş grubunda yer almıştır. En düşük değeri ikinci grup olarak izleyen 9, 21 ve 28 nolu genotipler sırasıyla 22.193, 22.167 ve 22.033 mm sap kalınlığı ile diğerlerinden istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturmuştur. Sap kalınlığı yönünden en düşük değeri için grup olarak izleyen 16 ve 33 nolu genotipler sırasıyla 22.993 ve 23.033 mm değerlere sahip olduğu, 23.410 mm'ye sahip olan 5 nolu, 23.230 mm'ye sahip olan 6 nolu genotip ve 23.210 mm'ye sahip olan 11 nolu genotipler haricinde diğerleri ile aralarında istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu tespit edilmiştir. Genotiplerden 3, 10 ve 25 nolu genotiplerin sap kalınlığı yönünden sırasıyla 24.143, 23.883 ve 23.733 mm değerlere sahip olduğu ve bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.10).

Araştırmanın ikinci yılında sap kalınlığı 11.133-19.467 mm arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 15.267 mm olduğu tespit edilmiştir. En düşük sap kalınlığına sahip 2 nolu genotip 1 (13.733 mm), 3 (13.533 mm), 5 (13.800 mm), 7 (13.267 mm), 8 (13.133 mm), 9 (12.533 mm), 10 (11.867 mm), 13 (13.200 mm), 14 (12.333 mm), 15 (12.533 mm), 25 (13.600 mm), 26 (13.933 mm), 27 (13.400 mm) ve 28 (13.333 mm) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu ve diğerlerinden istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir. En yüksek sap kalınlığına sahip 18 nolu genotip ise 16 (17.267 mm), 17 (17.067 mm), 21 (17.800 mm), 22 (16.933 mm), 23 (17.600 mm), 24 (17.333 mm) ve 34 (17.667 mm) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş gruplarını oluşturduğu ve diğerlerinden istatistiksel olarak önemli olduğu kaydedilmiştir. Diğer 4, 6, 11, 12, 19, 20, 29, 30, 31, 32, 33 ve 35 nolu genotipler ise birbirleriyle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu ve sırasıyla 14.933, 14.600, 14.400, 14.533, 15.067, 14.667, 15.267, 14.667, 16.000, 16.333, 15.667 ve 16.133 mm sap kalınlığı değerlerine sahip olmuşlardır.

Çizelge 4. 10. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

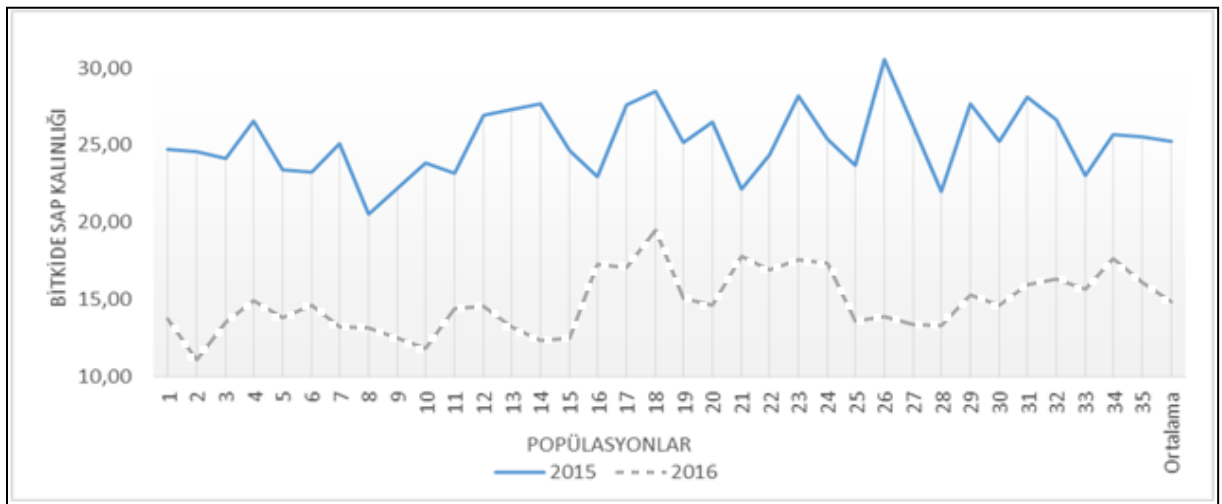
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	24.753	LM	13.733	FK	19.250	HL
2	24.553	LM	<b>11.133</b>	<b>K</b>	17.850	KN
3	24.143	OP	13.533	GK	18.833	IM
4	26.570	GH	14.933	BJ	20.750	CH
5	23.410	QS	13.800	FK	18.600	JM
6	23.230	RS	14.600	BJ	18.917	IM
7	25.097	LJ	13.267	GK	19.183	HL
8	<b>20.513</b>	<b>U</b>	13.133	GK	<b>16.817</b>	<b>N</b>
9	22.193	T	12.533	HK	17.367	MN
10	23.883	QP	11.867	JK	17.867	KN
11	23.210	RS	14.400	DI	18.800	IM
12	26.980	GF	14.533	CJ	20.750	CH
13	27.347	EF	13.200	GK	20.267	EI
14	27.693	DC	12.333	IK	20.017	FJ
15	24.640	LM	12.533	HK	18.583	JM
16	22.993	S	17.267	AD	20.133	EJ
17	27.583	DE	17.067	AE	22.317	BC
18	28.483	B	<b>19.467</b>	<b>A</b>	<b>23.983</b>	<b>A</b>
19	25.153	LJ	15.067	BJ	20.117	EJ
20	26.507	GH	14.667	BJ	20.583	DH
21	22.167	T	17.800	AB	19.983	FJ
22	24.337	OM	16.933	AF	20.633	DH
23	28.233	BC	17.600	AD	22.917	AB
24	25.433	J	17.333	AD	21.383	BG
25	23.733	QP	13.600	GK	18.667	IM
26	<b>30.567</b>	<b>A</b>	13.933	EK	22.250	BC
27	26.233	IH	13.400	GK	19.817	GJ
28	22.033	T	13.333	GK	17.683	LN
29	27.700	DC	15.267	BI	21.483	BF
30	25.233	KJ	14.667	BJ	19.950	FJ
31	28.133	DC	16.000	BG	22.067	BD
32	26.667	GH	16.333	BG	21.500	BF
33	23.033	S	15.667	BH	19.350	HK
34	25.700	IJ	17.667	AC	21.683	BE
35	25.520	J	16.133	BG	20.833	CH
<b>Ortalama</b>	25.247	A	14.821	B	20.034	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama sap kalınlığı değerleri 16.817-23.983mm arasında değişmektedir. Bu sonuçla birlikte, kontrol çeşidinde ortalama sap kalınlığı değeri

21.483 mm olarak elde edilmiştir. İki yılın birleştirilmiş verilerine göre sap kalınlığı en yüksek olan değer 18 nolu genotipten elde edilmiş olup 23 nolu (22.917 mm) genotiple istatistiksel olarak bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur ve diğerlerinden istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu tespit edilmiştir. Sap kalınlığı yönünden 4, 12, 13, 14, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 27, 29, 30, 31, 32, 34 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 20.750, 20.750, 20.267, 20.017, 20.133, 22.317, 20.117, 20.583, 19.983, 20.633, 22.917, 21.383, 22.250, 19.817, 21.483, 19.950, 22.067, 21.500, 21.683 ve 20.833 mm değerlerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu ve diğerlerinden istatistiksel olarak farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Aynı geçiş grubunda yer alan 3, 6, 11 ve 25 nolu genotipler sırasıyla 18.833, 18.917, 18.800 ve 18.667 mm sap kalınlığına sahip olduğu diğer 1 (19.250 mm), 2 (17.850 mm), 9 (17.367 mm), 10 (17.867 mm), 15 (18.583 mm), 28 (17.683 mm) ve 33 (19.350 mm) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu belirlenmiştir. En düşük sap kalınlığının ise elde edildiği 8 nolu genotipin 2, 9, 10 ve 28 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturmuş olduğu kaydedilmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.5'te verilmiştir.



Şekil 4. 5. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide sap kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma

Şekilde incelendiğinde bitkide sap kalınlığı özelliğinin yıllar arasında önemli farklılıklar belirlenmiştir. Oluşan bu farklılıkların deneme yerine ait toprak özellikleri, ekim tarihleri, iklim verileri ve bakım işlemleri arasında oluşan farklılıklara bağlı olarak

değişebileceği gibi bizim denememizde ilk yıl yağışların devam etmesinden dolayı toprak hazırlığı ve ekim geç yapılmış, ancak buna rağmen çıkışlar olduktan sonra da dolu yağışına maruz kalmıştır. Dolu yağışı bitkilerde hasara neden olmuş ve parselde olması gereken bitki sayısında azalma gözlenmiştir. Bu azalma bitkiler arasında rekabeti azaltmış ve bitkilerin güneşlenme ihtiyacını gidermek maksatlı uzama ihtiyacını ortadan kaldırmıştır. Uzama ihtiyacının az olması bitkinin sap kalınlığında artışa neden olmuştur.

Mısır bitkisinde sap kalınlığı özelliğine ait diğer araştırmacılar; Gözübenli ve ark. (1997) bazı hibrit mısır çeşitlerinde gözlemledikleri sap kalınlığı değerlerinin 22-26 mm olduğunu ifade etmişlerdir. Babaoğlu (2003) Trakya ilinde farklı kökenlere sahip yerli ve yabancı olmak üzere 36 atdışı mısırdaki verim ve verim parametreleriyle ilgili varyasyonları araştırmışlar ve bu özelliklerden sap kalınlığı özelliğine ait değerlerin 17.0-22.6 mm arasında değişkenlik gösterdiğini gözlemlemişlerdir. Ayrıca Öktem ve Öktem (2006) çalışmalarında sap kalınlığı değerini 19.3-24.5 mm arasında değiştiğini ve bu değişikliğin çeşitlerden kaynaklandığını öne sürmüşlerdir. İdikut ve ark. (2009) 2 hibrit mısır çeşidine 3 farklı azot dozu uygulamış ve gözlemleri neticesinde bitkilere ait sap kalınlığı değerinin 16-18 mm arasında değiştiğini tespit etmişlerdir.

Kuşaksız (2011) Manisa koşullarında yetiştirdiği silajlık mısır çeşitlerinde sap kalınlığını 18.7-25.3 mm arasında; Moral (2011) Tekirdağ ilinde yetiştirdiği bazı silajlık mısır çeşitlerinde sap kalınlığını 30.3-32.6 mm arasında değişiklik gösterdiği sonucunu sunmuşlardır. İdikut ve Kara (2013) ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 hibrit mısırdaki sap kalınlığı değerlerini 21-25 mm arasında değişiklik gösterdiğini ifade etmişlerdir. Zamaninejad ve ark. (2013) mısırdaki su kısıtlamasının bitkinin gelişim evrelerine bağlı olarak değişimlerini araştırdıkları bu çalışmada bitkide sap kalınlığı değerlerinin 20.48-20.89 mm arasında değişikliklere neden olduğunu öne sürmüşlerdir. Kharazmshahi ve ark. (2015) 2 farklı ekim zamanı uyguladığı 9 hibrit tatlı mısır çeşidinde sap kalınlığının 14-20 mm arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Özerkişi (2016) yapmış olduğu çalışmada Tekirdağ ekolojik koşullarında farklı sıra üzeri mesafelerin bazı şeker mısır çeşitlerinde verim ve kalite özelliklerini incelemiş ve bitkilerde sap kalınlığının 16.5-19.8 mm değiştiğini belirlemiştir.

Sap kalınlığı özelliğine ait değerlerin araştırmanın yapıldığı yıl, çevre, çeşit ve yetiştirme koşullarına bağlı olarak varyasyonlar gösterdiği daha önceden yapılan çalışmalarda da belirtilmiştir. Bizim elde ettiğimiz değerler ise büyük oranda önceki çalışmadan elde edilen sap kalınlığı değerleri ile uyumlu olduğu gözlenmiştir.

#### 4. 1. 6. Bitkide yaprak sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>)

Araştırmada ele alınan yerel cin mısır genotiplerinde bitkide yaprak sayısı özelliğine yönelik 2015, 2016 yılları ve her iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları Çizelge 4. 11’da, ortalama değerleri ve oluşan gruplar Çizelge 4. 12’da verilmiştir.

Çizelge 4. 11. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitkide yaprak sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.59	4.24*	2	0.29	0.84	2	0.03	0.11
Genotip	34	2.33	16.71**	34	1.61	4.64**	34	2.43	9.98**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	12.45	51.20**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.86	3.52*
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	1.51	6.20**
Hata	68	0.14	-	68	0.35	-	136	0.24	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 11. ‘de görüldüğü üzere bitkide yaprak sayısına yönelik 2015 yılı varyans analizi sonucunda bloklar arası farklılığın %5, genotipler arası farklılığın % 1 önem seviyesinde önemli olduğu belirlenmiştir. Araştırmanın ikinci yılında genotipler arası farklılık istatistiksel olarak % 1 önem seviyesinde önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş verilerinde yıl, genotip ve yıl x genotip interaksiyonu %1, yıl x blok interaksiyonu %5 önem düzeyinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur.

Çizelge 4. 12’ de ki sonuçlar incelendiğinde, bitkide yaprak sayısı bakımından denemenin birinci yılı verilerinde bitkide yaprak sayısı değerlerinin 8.267-12.633 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 11.400 adet bitki<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Buna göre yaprak sayısı en az olan 21 nolu genotip, en çok olan 12 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. İstatistiksel olarak gruplandırıldığında 12 nolu genotip 17 (12.567 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 24 nolu (12.533 adet bitki<sup>-1</sup>) genotiplerle aynı grupta yer alırken 9 nolu (12.233 adet bitki<sup>-1</sup>) genotiple bağlantılı grupta yer almıştır. En az yaprak sayısına sahip olan 21 nolu genotip tek başına ayrı bir grupta yer almıştır. Yaprak sayısı bakımından en az ikinci değere sahip olan 14 nolu (9.467 adet bitki<sup>-1</sup>) genotip te tek başına ayrı bir grupta yer alarak diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılığını ortaya koymuştur. Üçüncü grupta yer yer alan 11, 15, 22 ve 23 nolu genotipler sırasıyla 10.300, 10.100, 10.167 ve 10.400 adet bitki<sup>-1</sup> değerleri ile aynı

grupta yer alırlarken 10.467 adet bitki<sup>-1</sup> ile 31 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur.

Çizelge 4. 12. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitkide yaprak sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	11.767	CB	12.333	AC	12.050	BE
2	10.700	IH	11.933	AE	11.317	FK
3	11.367	FE	12.200	AD	11.783	CH
4	11.650	CB	11.867	AF	11.758	CI
5	11.267	FH	12.333	AC	11.800	CH
6	10.693	IH	11.667	AF	11.180	GL
7	11.523	CD	12.000	AE	11.762	CI
8	11.527	CD	11.000	EH	11.263	FL
9	12.233	AB	10.733	FH	11.483	DK
10	11.700	CB	12.000	AE	11.850	CG
11	10.300	J	11.667	AF	10.983	JM
12	<b>12.633</b>	<b>A</b>	<b>12.800</b>	<b>A</b>	<b>12.717</b>	<b>A</b>
13	10.667	IH	10.933	EH	10.800	KN
14	9.467	K	12.733	AB	11.100	HL
15	10.100	J	10.733	FH	10.417	MN
16	12.130	CB	11.133	DG	11.632	CJ
17	<b>12.567</b>	<b>A</b>	11.800	AF	12.183	AC
18	11.317	FE	11.600	BF	11.458	DK
19	11.433	CD	11.800	AF	11.617	CJ
20	11.383	FE	<b>12.800</b>	<b>A</b>	12.092	BD
21	<b>8.267</b>	<b>L</b>	11.133	DG	<b>9.700</b>	<b>O</b>
22	10.167	J	10.433	GH	10.300	N
23	10.400	J	12.200	AD	11.300	FK
24	<b>12.533</b>	<b>A</b>	12.667	AB	12.600	AB
25	10.567	IH	11.067	DG	10.817	KN
26	11.567	CB	11.200	CG	11.383	EK
27	11.167	IH	10.867	EH	11.017	JM
28	11.233	FH	<b>9.933</b>	<b>H</b>	10.583	LN
29	11.400	DE	12.467	AB	11.933	CF
30	11.133	IH	11.000	EH	11.067	IM
31	10.467	IJ	11.267	CG	10.867	KN
32	11.500	CD	11.800	AF	11.650	CJ
33	11.233	FH	12.667	AB	11.950	CF
34	10.633	IH	11.267	CG	10.950	JN
35	11.433	CD	11.133	DG	11.283	FK
<b>Ortalama</b>	11.146	B	11.633	A	11.390	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.



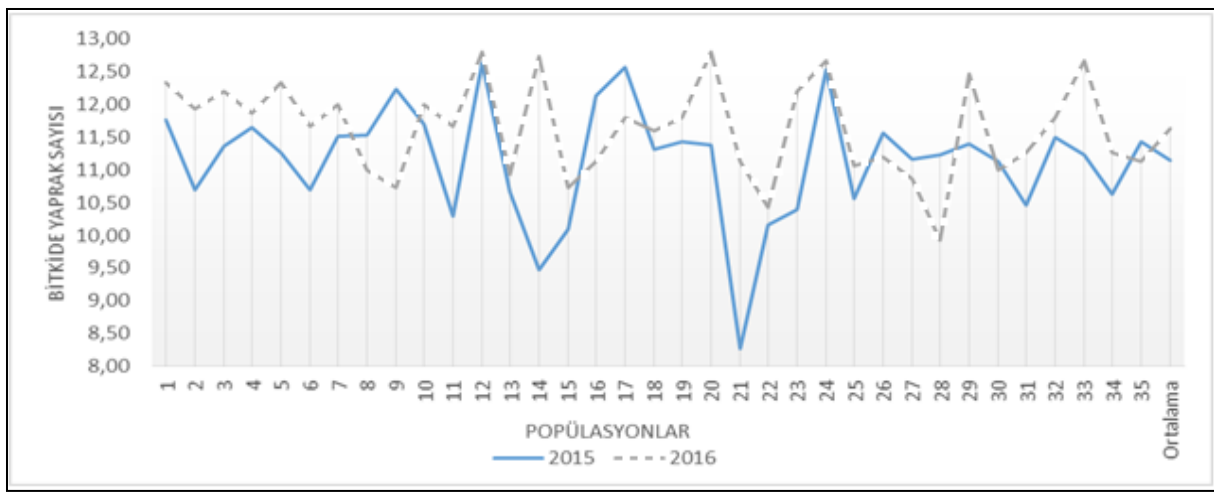
Bağlantılı geçiş grubu oluşturan 2, 5, 6, 13, 25, 27, 28, 30, 33 ve 34 nolu genotipler sırasıyla 10.700, 11.267, 10.693, 10.667, 10.567, 11.167, 11.233, 11.133, 11.233 ve 10.633 adet bitki<sup>-1</sup> yaprak sayısına sahip olmuşlardır. 3, 18, 20 ve 29 nolu genotipler de ayrı bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Geriye kalan 1, 4, 7, 8, 10, 16, 19, 26, 32 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 11.767, 11.650, 11.523, 11.527, 11.700, 12.130, 11.433, 11.567, 11.500 ve 11.433 adet bitki<sup>-1</sup> yaprak sayısı ile geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

Araştırmanın ikinci yılında yaprak sayısı 9.933-12.800 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 12.467 adet bitki<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Bitkide yaprak sayısının en az olduğu genotip 28 nolu genotip olup 11.000, 10.733, 10.933, 10.733, 10.433, 10.867 ve 11.000 adet bitki<sup>-1</sup> değerlere sahip olan sırasıyla 8, 9, 13, 15, 22, 27 ve 30 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur. En fazla yaprak sayısına sahip olan genotip 12.800 ile 12 ve 20 nolu (12.800 adet bitki<sup>-1</sup>) genotipler olup bunlar istatistiksel olarak birbirinden farksız olduğu için aynı grupta yer almışlardır. Diğer taraftan 1 (12.333 adet bitki<sup>-1</sup>), 2 (11.933 adet bitki<sup>-1</sup>), 3 (12.200 adet bitki<sup>-1</sup>), 4 (11.867 adet bitki<sup>-1</sup>), 5, 6, 7, 10, 11, 14, 17, 19, 23, 24, 29, 32 ve 33 nolu genotipler 12 ve 20 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Bitkide yaprak sayısı yönünden 16, 18, 21, 25, 26, 31, 34 ve 35 nolu genotipler ise sırasıyla 11.133, 11.600, 11.133, 11.067, 11.200, 11.267, 11.267 ve 11.133 adet bitki<sup>-1</sup> sayıları ile ayrı bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama bitkide yaprak sayısı değerleri 9.700-12.717 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde yaprak sayısı ortalama değeri 11.933 adet bitki<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Bitkide yaprak sayısı en yüksek olarak 12 nolu genotip belirlenirken 17 (12.183 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 24 nolu (12.600 adet bitki<sup>-1</sup>) genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Geçiş grubunda yer alan 3, 4, 5, 7, 10, 16, 19, 29, 32 ve 33 nolu genotipler sırasıyla 11.783, 11.758, 11.800, 11.762, 11.850, 11.632, 11.617, 11.933, 11.650 ve 11.950 adet bitki<sup>-1</sup> yaprak sayısına sahip olmuşlar, 1 (12.050 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 20 nolu (12.092 adet bitki<sup>-1</sup>) genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Yaprak sayısı en düşük genotip 21 nolu genotip olarak belirlenmiş ve bu genotipin tek başına bir grup oluşturduğu ve istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden farklı olduğu görülmüştür. İkinci en düşük yaprak sayısı 10.300 adet bitki<sup>-1</sup> ile 22 nolu genotipten elde edilmiş olup 11, 13, 15, 22, 25, 27, 28, 30, 31, 34 nolu genotiplerin sırasıyla 10.983, 10.800, 10.417, 10.300, 10.817, 11.017, 10.583, 11.067, 10.867 ve 10.950 adet bitki<sup>-1</sup> sayısı ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Geçiş grubunda yer alan genotiplerden 11.263, 11.100, 11.300, 11.383 ve 11.283 adet bitki<sup>-1</sup> yaprak sayısı ile 8, 14, 23, 26 ve 35 nolu

genotipler 9 (11.483 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 18 nolu (11.458 adet bitki<sup>-1</sup>) genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak sayısı (adet) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.6'da verilmiştir. Şekil incelendiğinde genotiplerde yaprak sayısının yıllar açısından farklılık gösterdiği ve elde edilen verilerde genellikle 2016 yılında genotiplerin yaprak sayısının daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ancak 9, 16, 17, 26, 27, 28 ve 35 nolu genotiplerde yaprak sayısının 2015 yılında daha fazla olduğu, 12, 13 ve 30 nolu genotiplere ait verilerin her iki yılda da benzer olduğu kaydedilmiştir.



Şekil 4. 6. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak sayısı (adet) verilerine ait karşılaştırma

Bitkide yaprak sayısı genetik özelliklerden kaynaklanmakla birlikte iklim ve çevre koşullarından etkilenmektedir. Bitki sıklığına bağlı olarak 2016 yılında yapılan denemede genotiplere ait bitki boylarının fazla olması yaprak sayısının da fazla olmasına neden olduğu düşünülmüştür.

Mısır bitkisinde yaprak sayısı verimi olumlu yönde etkileyen önemli bir özellik olmasından dolayı günümüze kadar birçok araştırmacı tarafından incelenmiştir. Bunlardan bazılarına değinecek olursak; Değirmenci (2000) Menemen- İzmir ekolojik koşullarında ana ürün olarak yetiştirilen 4 mısır çeşidinde yaprak sayıları 8.1-12.7 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini gözlemlemişler. Geren (2000) Bornova-İzmir koşullarında ana ürün olarak yetiştirdiği 6 silajlık mısır çeşidinde yaprak sayısını 12.0-14.3 adet bitki<sup>-1</sup> olarak bildirmişlerdir. Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) İspanya'nın kuzeyine ait 100 yerel

popülasyonda karakterizasyon çalışması yapmışlar ve yaprak sayısının 6-15 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Soya ve ark., (2001) farklı mısır çeşitlerinde ikinci ürün mısır ekim tarihlerinin etkilerini araştırdıkları bu çalışmada bitkilerde yaprak sayısının 13.1-13.9 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Sade ve ark. (2002), bazı silajlık mısır çeşitlerinde bitkide yaprak sayısı değerlerinin 13.75-14.87 adet bitki<sup>-1</sup> olduğunu tespit etmişlerdir. Mülayim ve ark. (2002) Bursa ekolojik koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda yetiştirdikleri bazı silajlık mısır çeşitlerinde yaprak sayısını 8.6-14.1 adet bitki<sup>-1</sup> olarak ifade etmişlerdir. Budak ve Soya (2003) Bornova-İzmir koşullarında ikinci ürün olarak yetiştirdikleri 4 silajlık mısır çeşidinde yaprak sayılarını 8.3-13.2 adet bitki<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Kuşaksız ve Kuşaksız (2005) çalışmalarında ana ürün döneminde yetiştirdikleri mısır bitkisinde yaprak sayısı değerlerini 8.3-13.2 adet bitki<sup>-1</sup> olarak elde etmişlerdir. Vartanlı (2006), 12 hibrit mısır çeşidinin verim ve verim parametrelerini incelemiş ve bitkide yaprak sayısını 13.25 - 15.40 adet bitki<sup>-1</sup> olarak tespit etmişlerdir. Bulut ve ark. (2008) Erzurum ovasında ana ürün koşullarında 17 silajlık mısır çeşidinde yaprak sayısını 10.9-13.6 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Ergül (2008), bazı atdışi mısır çeşitlerinin silaj verimi ve kalitesiyle ilgili özellikleri belirlemeyi amaçladıkları bu çalışmada bitkide yaprak sayısını 13.00-18.46 adet bitki<sup>-1</sup> olduğunu kaydetmişlerdir.

Kuşaksız, (2011), Manisa ekolojik koşullarında ana ürün olarak 15 silajlık mısır çeşidiyle yürüttüğü çalışmada yaprak sayılarının 10.6-14.2adet bitki<sup>-1</sup>; Moralar, (2011), Tekirdağ ilinde yetiştirilen 6 silajlık mısır çeşitlerinde yaprak sayılarının 15.33-17.33adet bitki<sup>-1</sup>; Akbay, (2012), Tokat ekolojik koşullarında ikinci ürün olarak yetiştirilebilecek 13 silajlık mısır çeşitlerinin yaprak sayılarının 8.73-10.97adet bitki<sup>-1</sup>; Balmuk, (2012), Konya-Yunak koşullarında ikinci ürün olarak yetiştirilebilecek silajlık mısır çeşitlerinin yaprak sayılarının 12.33-14.68 adet bitki<sup>-1</sup>; Koca, (2013), Kayseri koşullarında yeşil gübre uygulamasından sonra ikinci ürün koşullarında 24 adet melez mısır çeşidiyle yürüttüğü çalışmada yaprak sayılarının 9.1-11.1adet bitki<sup>-1</sup>; Öktem ve Toprak, (2013), Çukurova koşullarında 17 atdışi mısır genotipi ile yürüttükleri çalışmada yaprak sayılarının 13.4-15.8 adet bitki<sup>-1</sup>; Kabakçı, (2014), Iğdır'da 9 silajlık mısır çeşitleriyle yürüttüğü çalışmada bitki yaprak sayılarının 9.8-11.6adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Bunlara ilaveten, Zamaninejad ve ark. (2013) mısırın gelişim evrelerin farklı dönemlerinde su stresi uygulamış ve bitkilerdeki yaprak sayısının 15.57-15.86 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Gönülal (2013) çalışmasında Sakarya hibrit mısır çeşidinin farklı fenolojik dönemlerinde su stresi uygulamış ve bitkilerde ki yaprak sayısının

16.95-16.59 adet bitki<sup>-1</sup> arasında deęiřtięini gözlemlemiřtir. Maga ve ark. (2015) ekim tarihlerinin 2 farklı mısır çeřidine olan etkilerini incelemiř ve bitkilerde yaprak sayısı deęerlerinin 18.5-20.19 adet bitki<sup>-1</sup> arasında deęiřtięini bildirmiřlerdir. Kharazmshahi ve ark. (2015) 9 hibrit mısır çeřidini iki farklı ekim zamanında deęerlendirmiřler ve bitkilerdeki yarsak sayısını 10-13 adet bitki<sup>-1</sup> olarak tespit etmiřlerdir. Sayedzavar ve ark. (2015) farklı su rejimi uyguladıkları 14 hibrit mısır çeřidinde bitkide yaprak sayısını 11.72-14.02 adet bitki<sup>-1</sup> olarak gözlemlediklerini aktarmıřlardır. Uwah ve ark. (2016) kanatlı gübresinin farklı mısır çeřitleri üzerine etkilerini arařtırmıřlar ve elde ettikleri sonuçlarda yaprak sayısının 8.69-10.43 adet bitki<sup>-1</sup> olduęunu kaydetmiřlerdir.

Bizim elde ettięimiz bulgular önceki çalıřmalarla büyük oranda örtüřmekle birlikte, farklılıkların nedenleri hakkında arařtırmacılar; ekim tarihlerinin mısır bitkisinde yaprak sayısı deęerlerini önemli düzeyde etkiledięi (Maga ve ark., 2015), yaprak sayısı ile olgunlařma süresi arasında olumlu ve önemli bir iliřkinin bulunduęu (Allen ve ark., 1973), geçi çeřitlerde yaprak sayısının erkenci çeřitlere göre daha çok yapraęa sahip olduęu (Chase ve Nanda, 1967) bildirilmiřtir. Ayrıca yaprak sayısının genotiplere ve iklim řartlarına baęlı olarak deęiřtięi de belirtilmiřtir.

#### 4. 1. 7. Yaprak açısı (°)

Arařtırmamızda inceledięimiz yerel cin mısır genotiplerinin yaprak açısı (°) özellięine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleřtirilmiř deęerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 13’de, ortalama deęerleri ve Duncan çoklu karřılařtırma testine göre oluřan gruplar Çizelge 4. 14’da verilmiřtir.

Çizelge 4. 13. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleřtirilmiř yaprak açısı (°) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynaęı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Deęeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Deęeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Deęeri
Blok	2	0.08	0.17	2	18.73	3.02	2	9.03	2.66
Genotip	34	110.45	232.67**	34	223.54	36.08**	34	170.90	50.41**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	9561.38	2820.42**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	9.78	2.88
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	163.32	48.18**
Hata	68	0.48	-	68	6.20	-	136	3.39	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları ierisinde önemli

Çizelge 4. 13. 'de görüldüğü gibi, ilk ve ikinci yıllara ait verilerinden elde edilen sonuçlara göre yaprak açısı (°) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotipler, yıllar arası farklılıklar ve yıl x genotip interaksyonu %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 14' de ki sonuçlar incelendiğinde, araştırmanın birinci yılı verilerinde yaprak açısı değerlerinin 18.783-52.400° arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 39.300° olduğu belirlenmiştir. Buna göre yaprak açısı en dar olan 17 nolu genotip, en geniş olan 23 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Yaprak açısı yönünden en dar veri elde edilen 17 nolu genotip ve en geniş veri elde edilen 23 nolu genotipler, en düşük yaprak açısının ikinci sırada izleyen 8 nolu genotip (31.370°) ve üçüncü sırada seyreden 21 nolu genotipler (32.833°) birbirlerinden ve tüm diğer genotiplerden ayrı birer grup oluşturmuş, istatistiksel olarak tüm genotiplerden farklı olduğu kaydedilmiştir. Yaprak açısı özelliği yönünden dördüncü grupta yer alan 27 ve 33 nolu genotipler sırasıyla 36.733 ve 37.167° değerle istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve 24 nolu (37.800 °) genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur. İstatistiksel olarak aralarındaki farklılık önemsiz çıkan 2, 3, 15, 29, 30 ve 32 nolu genotipler sırasıyla 39.300, 39.333, 39.733, 39.300, 39.767 ve 39.167° yaprak açısıyla 20 nolu (38.740°) genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. 19 nolu genotipin 41.000° ile 25 ve 34 nolu genotipler haricinde diğer genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılığa sahip olduğu belirlenmiştir. Başka bir geçiş grubunda yer alan 6, 11 ve 14 nolu genotipler 41.960, 42.300 ve 43.067 ° yaprak açısına sahip olduğu tespit edilmiştir. İstatistiksel olarak 4, 5 ve 22 nolu genotipler sırası ile 44.500, 44.600 ve 44.433° yaprak açısıyla geçiş grubunu oluşturmuşlar, 7 (43.430°) ve 9 (43.867°) nolu genotiplerle ve 12 (44.833°) ve 26 (44.933°) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Yaprak açısı verileri bakımından 1, 10, 16 ve 18 nolu genotipler sırasıyla 46.333, 45.667, 46.283 ve 45.500° ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. En geniş yaprak açısına sahip olup ikinci sırada 50.133 ° ile 28 nolu genotip 35 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerle istatistiksek olarak önemli farklı gözlenmiştir. Başka bir geçiş grubunda ise 48.073 ve 47.433° ile 13 ve 31 nolu genotipler yer almıştır (Çizelge 4.14).

Çizelge 4. 14. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015. 2016 ve iki yılın birleştirilmiş yaprak açısı (°) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	46.333	FE	54.000	FI	50.167	FH
2	39.300	O	56.333	EG	47.833	HK
3	39.333	O	46.333	MO	42.833	OQ
4	44.500	IG	<b>41.333</b>	<b>P</b>	43.000	OQ
5	44.600	IG	50.333	IM	47.500	IL
6	41.960	LM	52.667	GK	47.333	IM
7	43.430	IJ	53.000	FK	48.167	HJ
8	31.370	S	52.667	GK	42.000	QR
9	43.867	IJ	53.667	FJ	48.833	GI
10	45.667	FG	53.333	FJ	49.500	GI
11	42.300	LM	49.000	JN	45.667	KN
12	44.833	HG	45.000	NP	45.000	MP
13	48.073	DC	66.667	BD	57.333	B
14	43.067	LJ	70.333	B	56.667	B
15	39.733	O	68.967	BC	54.333	CD
16	46.283	FE	65.667	CD	56.000	BC
17	<b>18.783</b>	<b>T</b>	65.333	CD	42.000	QR
18	45.500	FG	67.667	BD	56.667	B
19	41.000	N	57.333	EG	49.167	GI
20	38.740	OP	51.333	HL	45.167	LO
21	32.833	R	47.000	LO	<b>39.833</b>	<b>R</b>
22	44.433	IG	57.667	EF	51.000	EG
23	<b>52.400</b>	<b>A</b>	46.333	MO	49.333	GI
24	37.800	QP	53.333	FJ	45.667	KN
25	41.333	NM	64.000	D	52.667	DE
26	44.933	HG	42.833	OP	44.000	NQ
27	36.733	Q	48.333	KN	42.667	PQ
28	50.133	B	<b>75.667</b>	<b>A</b>	<b>63.000</b>	<b>A</b>
29	39.300	O	52.667	GK	46.000	JN
30	39.767	O	48.333	KN	44.167	NQ
31	47.433	DE	54.667	FI	51.000	EG
32	39.167	O	44.333	NP	41.833	QR
33	37.167	Q	59.667	E	48.333	HJ
34	41.333	NM	64.667	CD	53.000	DE
35	49.100	BC	55.333	EH	52.167	DF
<b>Ortalama</b>	41.819	B	55.314	A	48.567	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

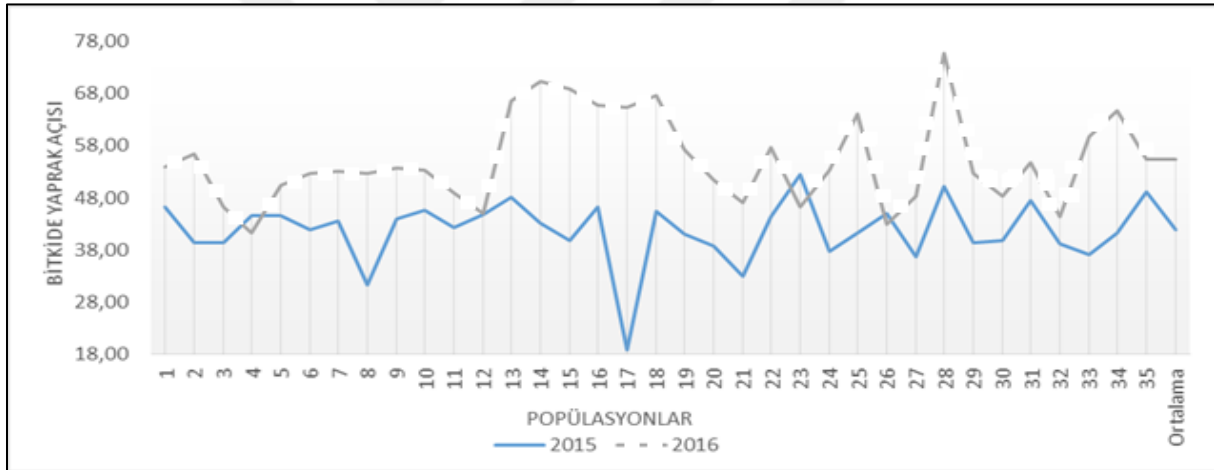
Araştırmanın ikinci yılında yaprak açısı 41.333-75.667° arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 52.667° olduğu izlenmiştir. Yaprak açısı en dar olan genotip 4 nolu genotip

45.000° ile 12, 42.833° ile 26 ve 44.333° ile 32 nolu genotiplerle haricinde diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılık göstermiştir. En geniş olan genotip ise 25.667° ile 28 nolu genotip olmuştur. En geniş yaprak açısı ise 75.667° ile 28 nolu genotipte gözlenmiş olup, istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden önemli farklı olduğu kaydedilmiştir. Yaprak açısı en geniş ikinci sırada yer alan 14 (70.333°) nolu genotip 13 (66.667°), 15 (68.967°) ve 18 (67.667°) nolu genotipler hariç diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Diğer taraftan 64.000° ile 25 nolu genotip 16 (65.667°), 17 (65.333°) ve 34 (64.667°) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluştururken, 13 ve 18 nolu genotipler hariç diğer genotiplerle istatistiki farklılık göstermiştir. İstatistiksel olarak değerlendirildiğine 59.667° yaprak açısı ile 33 nolu genotipin sırasıyla 56.333, 57.333, 57.667 ve 55.333° açığa sahip 2, 19, 22 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu izlenmiştir. Yaprak açısı 53.000° olan 7 nolu genotipin 1, 9, 10, 24 ve 31 nolu genotiplerin 54.000, 53.667, 53.333, 53.333 ve 54.667° 'lik açıyla bağlantılı geçiş grubunu oluştururken aynı zamanda 52.667° 'lik açılarla 6, 8 ve 29 nolu genotiplerle de bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu görülmüştür. Diğer genotipler incelendiğinde 46.333° yaprak açısıyla 3 ve 23 nolu genotipler 47.000° yaprak açısıyla 21 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Ayrıca 48.333° açı ile 27 ve 30 nolu genotipler 11 nolu (49.000°) genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Başka bir geçiş grubunda ise 5 ve 20 nolu genotipler yer alırken yaprak açısı değerleri sırasıyla 50.333 ve 51.333° olduğu belirlenmiştir.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama yaprak açısı değerleri 39.833-63.000° arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde yaprak açısı ortalama değeri 46.000° olarak elde edilmiştir. Yaprak açısı en dar olan genotip 39.833° ile 21 nolu genotip, 42.000° ile 8 ve 17, 41.833° ile 32 nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık göstermiştir. En geniş yaprak açısının ise 63.000° ile 28 nolu genotip olduğu ve diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılık gösterip tek başına ayrı bir grupta yer aldığı kaydedilmiştir. Yaprak açısı bakımından en geniş ikinci sırada yer alan 13 (57.333°) nolu genotip 56.667° yaprak açısıyla 14 ve 18 nolu genotiplerle aynı grupta yer alıp 56.000° açı ile 16 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu tespit edilmiştir. Diğer taraftan 52.667 ve 53.000° açılarla 25 ve 34 nolu genotipler 15, 22, 31 ve 35 nolu genotiplerin 54.333, 51.000, 51.000 ve 52.167° açılarla bağlantılı geçiş grubu oluşturdukları anlaşılmıştır. Geçiş grubu oluşturan diğer bir grupta ise 50.167, 47.833, 48.167, 48.833, 49.500, 49.167, 49.333 ve 48.333° yaprak açısı ile 1, 2, 7, 9, 10, 19, 23 ve 33

nolu genotipler yer almaktadır. Yaprak açısının istatistiksel gruplandırılmasında 3, 4, 12, 26, 27 ve 30 nolu genotipler 42.833, 43.000, 45.000, 44.000, 42.667 ve 44.167° açılarla, 45.667° açı ile 11 ve 24 nolu genotipler de 5 (47.50045.667°), 6 (47.333°), 20 (45.167°) ve 29 (46.000°) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş gruplarını oluşturdukları kaydedilmiştir. Ayrıca en düşük yaprak açısı ile 21 nolu genotipte 8 (42.000°), 17 (42.000°) ve 32 (41.833°) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunda yer almıştır (Çizelge 4.14).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak açısı (°) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.7’de verilmiştir. Genotiplere ait yaprak açısı değerleri Şekil 4.7’de de görüldüğü üzere genel olarak 2016 yılı verilerinin 2015 yılındaki verilere nazaran daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Ancak 4 ve 23 nolu genotiplere ait yaprak açısı değerleri 2015 yılında 2016 yılına göre biraz daha yüksek kaydedilmiştir. Diğer taraftan 12 ve 26 nolu genotiplere ait yaprak açısı değerleri birbirine oldukça yakın çıktığı görülmüştür.



Şekil 4. 7. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitkide yaprak açısı (°) verilerine ait karşılaştırma

Bitkide yaprak açısı güneş ışığının yaprak yüzeyinde maksimum alana nüfuz etmesi açısından büyük önem arz etmektedir. Yaprak yüzeyine düşen güneş ışığı fotosentez oluşum hızı ve miktarını etkilemektedir. Bu durumda tanede kuru madde miktarının artmakta ve böylelikle de verim önemli ölçüde değişmektedir. Yaprakların güneş ışığından en iyi faydalanması için yaprak açısının küçük olması beklenmektedir. Dar açılı yapraklarda güneş ışığı yaprağın alt-üst olmak üzere her yerine nüfuz ederek verimi olumlu yönde etkilemektedir. İlk yıl kurulan denemede parselde ki bitki sayısının ikinci yıla nazaran daha az olması nedeniyle genotiplerde bitki formunun daha geniş olmasına neden olmuştur.



Cömertpay, (2008) 20 yerel mısır popülasyonuna ait bitkide yaprak açısı 26.8-55.8° arasında; Topal (2016) ana ürün koşullarında 4 farklı atdişi mısır çeşitlerinde koçan yaprağı klorofil miktarı ile verim ve verim öğeleri arasındaki ilişkileri belirlemeye yönelik yaptıkları çalışmada bitkide yaprak açısı değerlerinin 41.1° - 44.5° arasında oldukça dar bir aralık tespit etmişlerse de bizim bulgularımızla örtüşmektedir.

#### 4. 1. 8. Üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısır genotiplerinin üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 15’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 16’da verilmiştir.

Çizelge 4. 15. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	127.24	1.39	2	44.37	0.19	2	16.32	0.10
Genotip	34	4626.25	50.51**	34	2575.69	10.98**	34	4565.46	27.98**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	28936.99	177.36**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	155.44	0.95
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	2637.12	16.16**
Hata	68	91.59	-	68	234.68	-	136	163.15	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 15 incelendiğinde 2015 ve 2016 yıllarında genotipler arası üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>) değerleri arasındaki farklılığın istatistikî olarak %1 önem seviyesinde önemli bulunduğu görülmüştür. İki yılın birleştirilmiş verilerin analizi sonucu blok, genotip, yıl ve yıl x genotip interaksyonu faktörlerinin istatistiksel olarak (p<0.01) önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 16. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	272.733	MN	321.200	CD	296.967	GK
2	335.200	DG	258.870	HK	297.033	GK
3	292.520	IL	305.530	DE	299.027	FJ
4	361.103	BC	278.870	EJ	319.985	CE
5	331.930	EG	283.870	EJ	307.905	EH
6	320.737	GH	265.700	GK	293.213	HM
7	328.003	FG	271.130	FK	299.555	FJ
8	293.127	IL	<b>247.900</b>	<b>K</b>	270.518	NO
9	302.433	IJ	290.130	EG	296.303	GK
10	368.377	B	276.500	EK	322.437	CD
11	304.980	HJ	318.600	CD	311.792	CG
12	348.250	CE	296.370	DF	322.307	CD
13	281.120	KM	296.870	DF	288.988	IM
14	374.997	B	333.900	C	354.443	AB
15	290.597	JM	263.770	GK	277.187	MO
16	274.780	LM	283.670	EJ	279.218	LO
17	331.137	EG	259.570	GK	295.345	GL
18	339.433	DF	269.770	FK	304.598	EI
19	297.220	IK	264.470	GK	280.845	KO
20	376.900	B	274.100	FK	325.497	C
21	276.133	LM	280.730	EJ	278.442	LO
22	282.280	KM	275.730	EK	278.998	LO
23	344.877	CF	283.170	EJ	314.020	CF
24	328.260	FG	355.770	AB	342.025	B
25	277.530	LM	266.030	GK	271.788	NO
26	<b>413.390</b>	<b>A</b>	319.170	CD	<b>366.262</b>	<b>A</b>
27	254.623	O	283.530	EJ	269.072	NP
28	276.940	LM	253.830	JK	265.372	OP
29	349.927	CD	346.300	AC	348.118	B
30	309.647	HI	325.200	CD	317.422	CE
31	338.760	DF	<b>361.330</b>	<b>A</b>	350.057	B
32	257.163	NO	297.900	DF	277.523	MO
33	<b>251.343</b>	<b>O</b>	256.330	IK	<b>253.835</b>	<b>P</b>
34	292.113	IL	286.830	EI	289.473	IM
35	283.193	KM	287.470	EH	285.335	JN
<b>Ortalama</b>	313.193	A	289.716	B	301.455	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Çizelge 4. 16' de ki sonuçlar incelendiğinde, üçüncü yaprak alanı (cm<sup>2</sup>) bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde üçüncü yaprak alanı değerlerinin 251.343-413.390 cm<sup>2</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 349.927 cm<sup>2</sup> olduğu belirlenmiştir.

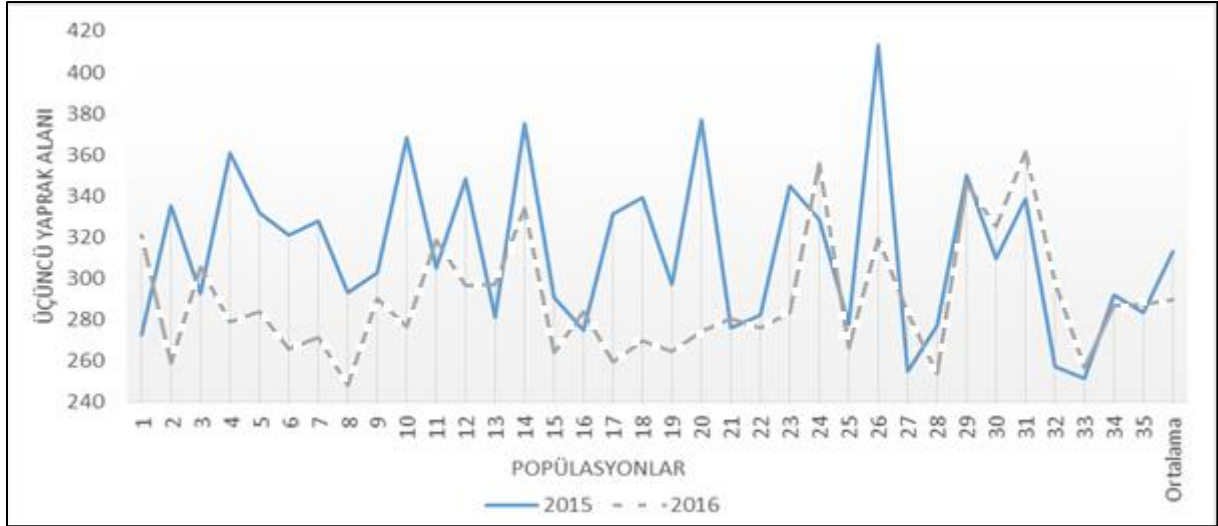
Üçüncü yaprak alanı en düşük olan 251.343 cm<sup>2</sup> ile 33 nolu genotip 254.623 cm<sup>2</sup> ile 27 nolu genotiplerin istatistiksel olarak 257.163 cm<sup>2</sup> alana sahip 32 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Yaprak alanının 290.597 cm<sup>2</sup> alana sahip olan 15 nolu genotipin, 272.733, 281.120, 274.780, 276.133, 282.280, 277.530, 276.940 ve 283.193 cm<sup>2</sup> alana sahip olan sırasıyla 1, 13, 16, 21, 22, 25, 28 ve 35 nolu genotiplerle ve 292.520, 293.127, 302.433, 304.980, 297.220 ve 292.113 cm<sup>2</sup> alana sahip olan sırasıyla 3, 8, 9, 11, 19 ve 34 nolu genotipler birbirleri ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Geçiş grubunda yer alan 331.930 ve 331.137cm<sup>2</sup> alana sahip olan 5 ve 17 nolu genotipler, 7 (328.003 cm<sup>2</sup>) ve 24 (328.260 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir. En fazla yaprak alanına sahip olan 26 nolu genotip 413.390 cm<sup>2</sup> alanlık bir değerle istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerle arasında önemli farklılığa sahip olduğu kaydedilmiştir. Yaprak alanı en fazla olan ikinci sırada yer alan 20 (376.900 cm<sup>2</sup>) nolu genotip 10 ve 14 nolu genotiplerle sırasıyla 368.377 ve 374.997 cm<sup>2</sup> alanlık bir değerle aynı grupta yer alırlarken 361.103 cm<sup>2</sup> alan ile 4 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan 2 (335.200 cm<sup>2</sup>), 18 (339.433 cm<sup>2</sup>) ve 31 (338.760 cm<sup>2</sup>) nolu genotipler bir geçiş grubunu 12(348.250 cm<sup>2</sup>), 23 (344.877 cm<sup>2</sup>) ve 29 (349.927 cm<sup>2</sup>) nolu genotipler ise başka bir geçiş grubunda yer almışlardır (Çizelge 4.16).

Araştırmanın ikinci yılında üçüncü yaprak alanı 251.343-413.390 cm<sup>2</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 346.300 cm<sup>2</sup> ve tüm genotiplere ait ortalama yaprak alanının 289.717 cm<sup>2</sup> olduğu belirlenmiştir. Gruplandırma analizinde yaprak alanı en yüksek olan genotipin 31 nolu genotip olduğunu, 355.770 cm<sup>2</sup> ile 24 ve 346.300 cm<sup>2</sup> ile 29 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Üçüncü yaprak alanı bakımından 333.900 cm<sup>2</sup> alana sahip olan 14 nolu genotipin 29 nolu genotiple ve 321.200, 318.600, 319.170 ve 325.200 cm<sup>2</sup> alana sahip olan sırasıyla 1, 11, 26 ve 30 nolu genotipler dışında diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılıklara sahip olduğu tespit edilmiştir. En düşük yaprak alanına sahip olan 8 nolu genotipin 2, 6, 7, 10, 15, 17, 18, 19, 20, 22, 25, 28 ve 33 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu ve sırasıyla 258.870,

265.700, 271.130, 276.500, 263.770, 259.570, 269.770, 264.470, 274.100, 275.730, 266.030, 253.830 ve 256.330 cm<sup>2</sup> alana sahip olmuşlardır. Geçiş grubunda yer alan 4 (278.870 cm<sup>2</sup>), 5 (283.870 cm<sup>2</sup>), 16 (283.670 cm<sup>2</sup>), 21 (280.730 cm<sup>2</sup>), 23 (283.170 cm<sup>2</sup>) ve 27 (283.530 cm<sup>2</sup>) nolu genotipler birbirleri ile istatistiksel olarak farksız olurken 9 (290.130 cm<sup>2</sup>), 34 (286.830 cm<sup>2</sup>) ve 35 (287.470 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerle ve 10 ile 22 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu anlaşılmıştır. Başka bir geçiş grubunda yer alan 12 (296.370 cm<sup>2</sup>), 13 (296.870 cm<sup>2</sup>) ve 32 (297.900 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerin de 3 (305.530 cm<sup>2</sup>) nolu genotiple bağlantılı olduğu saptanmıştır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama üçüncü yaprak alanı değerleri 253.835-366.262 cm<sup>2</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde üçüncü yaprak alanı ortalama değeri 348.118 cm<sup>2</sup> olarak elde edilmiştir. Üçüncü yaprak alanı en yüksek olan 26 nolu genotip tek başına ayrı bir grupta yer alarak 354.443 cm<sup>2</sup> alana sahip olan 14 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturmuştur. İstatistiksel olarak 342.025, 348.118 ve 350.057 cm<sup>2</sup> alan ile 24, 29 ve 31 nolu genotipler aynı grupta yer alırken 14 nolu genotip haricinde diğer genotiplerle önemli varyasyon gösterdiği kaydedilmiştir. Geçiş grubunda yer alan 4, 10, 11, 12, 23 ve 30 nolu genotipler 319.985, 322.437, 311.792, 322.307, 314.020 ve 317.422 cm<sup>2</sup> değere sahip olduklarını ve 325.497 cm<sup>2</sup> alana sahip olan 20 nolu genotip ile bağlantılı oldukları tespit edilmiştir. Başka bir geçiş grubunda yer alan 3 (299.027 cm<sup>2</sup>) ve 7 (299.555 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerin 5 (307.905 cm<sup>2</sup>) ve 18 (304.598 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu, 1 (296.967 cm<sup>2</sup>), 2 (297.033 cm<sup>2</sup>), 9 (296.303 cm<sup>2</sup>) ve 17 (295.345 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerin ise başka bir geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir. Yaprak alanı değerlerinin 293.213, 288.988 ve 289.473 cm<sup>2</sup> alana sahip olan 6, 13 ve 34 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları ve ayrıca 285.335 cm<sup>2</sup> alan ile 35 nolu genotiple de bağlantılı olduğu anlaşılmıştır. İstatistiksel olarak değerlendirildiğinde 280.845 cm<sup>2</sup> ile 19 nolu genotipin 8, 15, 16, 21, 22, 25 ve 32 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu ve bu genotiplerin sırasıyla 270.518, 277.187, 279.218, 278.442, 278.998, 271.788 ve 277.523 cm<sup>2</sup> değerleri aldığı izlenmiştir. En düşük yaprak alanına sahip genotip olan 33 nolu genotipin ise 27 (269.072 cm<sup>2</sup>) ve 28 (265.372 cm<sup>2</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı olmakla birlikte diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak aralarında yüksek varyasyon gösterdiği kaydedilmiştir (Çizelge 4. 16).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında üçüncü yaprak alanı (°) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.8'de verilmiştir.



Şekil 4. 8. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında üçüncü yaprak alanı (°) verilerine ait karşılaştırma

Şekil 4.8'e göre üçüncü yaprak alanı bakımından 2015 yılı verilerinin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu, sadece 1, 24 ve 31 nolu genotiplerin belirgin şekilde 2016 yılında yüksek olduğu ve 3, 11, 16 ve 33 nolu genotiplerin her iki yılda da birbirlerine yakın değerlere sahip olduğu kaydedilmiştir.

Bitkide yaprak alanı bitkinin topraktan aldığı besin miktarına, su ihtiyacına ve parseldeki bitki sayısına bağlı olarak değişmektedir. İlk yıl denemenin ekildiği toprak ikinci yıla nazaran biraz daha kumlu bir yapıya sahip olmasından dolayı bitkinin kök gelişimi ve besin alımı daha iyi olmuştur. Diğer taraftan parseldeki bitki sayısını 2015 yılında daha az olması bitkinin gelişimine pozitif etkide bulunmuştur. Bu faktörler düşünüldüğünde 2015 yılı üçüncü yaprak alanı verilerinin daha yüksek olması beklenmiş ve sonuç olarak ta daha yüksek olarak elde edilmiştir.

Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) İspanya'nın kuzeyine ait 100 yerel popülasyonuna ait yaprak alanı değerlerinin 110-112 cm<sup>2</sup>; Vijay ve ark. (2009), Hindistan'da yaptıkları çalışmada 4 ekim zamanı uygulamışlar ve elde edilen sonuçlarda maksimum yaprak alanını 44 cm<sup>2</sup>; Zamaninejad ve ark. (2013) mısırdaki farklı gelişim dönemlerinde uyguladıkları su stresi sonucunda bitkilerde yaprak alanı değerlerinin 339.6-360.1 cm<sup>2</sup>; Gönülal (2013) Konya-Karapınar koşullarında Sakarya hibrit mısır çeşidinin farklı fenolojik dönemlerde uyguladığı su stresi neticesinde yaprak alanı değerleri 107.1-110 cm<sup>2</sup>; Aslam ve ark. (2014) 6 mısır çeşidine uyguladıkları su stresi neticesinde yaprak alanı değerlerinin 178.6-865.1 cm<sup>2</sup>; Maga ve ark. (2015) Güney Gine Savannah bölgesinde 2 mısır çeşidine 3 farklı ekim zamanı

uygulamasında neticesinde yaprak sayısı değerlerinin 208-227 cm<sup>2</sup>; Seyedzavar ve ark. (2015) farklı su rejimlerinde 14 mısır çeşidini incelemiş yaprak sayılarının 183.7-238 cm<sup>2</sup> arasında değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir.

Gökçel (2008) yapmış olduğu çalışmada mısırdaki yaprak alanının tepe püskülü görününceye dek düzenli olarak arttığı belirlemiştir, bu dönemden sonraki artışların vejetatif gelişme dönemine göre daha az olduğunu saptamıştır. Adekayode ve Olojugba (2009), mısır çeşitlerinde tane verimi özelliği ile bitki başına toplam yaprak alanı özelliği arasında bir ilişkinin olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca başka araştırmacılar da ekim zamanı ve bitki sıklığının yaprak alanını etkilediğini bildirmişlerdir (Garcia ve ark., 2009; Mohammadi ve Alikhani, 2007).

#### 4. 1. 9. Bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>)

Yerel cin mısır genotiplerinin bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) incelendiğinde ise 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 17’de, genotiplerin ortalamaları ve Duncan testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 18’de verilmiştir.

Çizelge 4. 17 incelendiğinde 2015 ve 2016 yıllarında genotipler arası bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) değerleri arasındaki farklılığın istatistikî olarak % 1 önem seviyesinde önemli bulunduğu görülmüştür. İki yılın birleştirilmiş verilerin analizi sonucu genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörlerinin istatistiksel olarak (p<0.01) önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 17. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.001	0.82	2	0.007	2.21	2	0.004	1.60
Genotip	34	0.17	113.57**	34	0.058	17.38**	34	0.128	53.06**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	1.094	453.01**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.005	1.94
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	0.101	41.75**
Hata	68	0.002	-	68	0.003	-	136	0.002	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 18' de ki sonuçlar göre, bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) bakımından denemenin 2015, 2016 yıllarında ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde bitki başına düşen koçan sayısı değerlerinin 0.984-1.883 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 1.098 adet bitki<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Bitki başına düşen koçan sayısı bakımından en yüksek değer 2 nolu genotipten elde edilirken, 1.829 adet bitki<sup>-1</sup> ile 34 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık göstermiştir. Bitki başına düşen koçan sayısı 1.801 adet bitki<sup>-1</sup> olan 13 nolu genotip 34 ve 16 (1.760 adet bitki<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. İstatistiksel olarak 18 nolu genotip 1.734 adet bitki<sup>-1</sup> ile 16 nolu genotip haricinde diğer tüm genotiplerden önemli farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Diğer taraftan 1.605 adet bitki<sup>-1</sup> ile 20 nolu genotip istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden farklı olup, tek başına ayrı bir grupta yer almıştır. Bitki başına düşen koçan sayısı bakımından 3, 6 ve 21 nolu genotipler sırasıyla 1.513, 1.529 ve 1.518 adet bitki<sup>-1</sup> ile istatistiksel olarak aralarında hiçbir farklılığın olmamasından dolayı aynı grupta yer almışlar, 7 (1.458 adet bitki<sup>-1</sup>), 25 (1.505 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 35 (1.482 adet bitki<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Genotiplerden 10 nolu genotip 1.440 adet bitki<sup>-1</sup> ile 7, 25 ve 35 nolu genotipler haricinde diğer tüm genotiplerden farklılık göstermiştir. 19 nolu genotip ise 1.372 adet bitki<sup>-1</sup> ile 1 (1.347 adet bitki<sup>-1</sup>), 5 (1.316 adet bitki<sup>-1</sup>), 8 (1.344 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 27 (1.327 adet bitki<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı diğer genotiplerle bağlantısız bir grupta yer almıştır. En düşük koçan sayısı 0.992 adet bitki<sup>-1</sup> ile 11 nolu genotip, 0.984 ve 1.011 adet bitki<sup>-1</sup> ile 23 ve 28 nolu genotiplerle istatistiksel olarak aralarında hiçbir farklılık olmadığı, diğer genotiplerden ise yüksek varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Diğer taraftan 9, 14, 29 ve 30 nolu genotipler 1.154, 1.109, 1.098 ve 1.143 adet bitki<sup>-1</sup> ile geçiş grubunu oluşturmuştur. Aynı geçiş grubunda yer alan 12, 15 ve 24 nolu genotipler 1.278, 1.277 ve 1.273 adet bitki<sup>-1</sup> değerini almış, 17, 22 ve 31 nolu genotiplerin sırasıyla 1.250, 1.292 ve 1.293 adet bitki<sup>-1</sup> değerle bağlantılı bulunmuştur. 4, 26, 32 ve 33 nolu genotipler ise sırasıyla 1.186, 1.241, 1.209 ve 1.177 adet bitki<sup>-1</sup> koçan ile bir geçiş grubunu oluşturduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.18).

Çizelge 4. 18. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	1.347	HI	1.250	DI	1.297	FI
2	<b>1.883</b>	<b>A</b>	1.253	DI	<b>1.570</b>	<b>A</b>
3	1.513	F	1.287	DG	1.400	CD
4	1.186	MO	1.480	AB	1.333	EH
5	1.316	HJ	1.127	KN	1.222	JK
6	1.529	F	<b>1.577</b>	<b>A</b>	<b>1.552</b>	<b>A</b>
7	1.458	FG	1.330	CE	1.393	CE
8	1.344	HI	1.137	JM	1.240	IK
9	1.154	OQ	1.147	IM	1.150	LO
10	1.440	G	1.110	KN	1.275	HJ
11	<b>0.992</b>	<b>R</b>	1.257	DI	1.125	MO
12	1.278	IL	1.137	JM	1.207	KL
13	1.801	BC	1.183	GM	1.492	B
14	1.109	PQ	1.497	AB	1.303	FI
15	1.277	IL	<b>0.930</b>	<b>O</b>	1.105	O
16	1.760	CD	1.347	CD	<b>1.553</b>	<b>A</b>
17	1.250	JM	1.200	FL	1.225	JK
18	1.734	D	1.247	DJ	1.490	B
19	1.372	H	1.273	DH	1.322	FH
20	1.605	E	1.163	HM	1.385	CE
21	1.518	F	1.297	DF	1.408	C
22	1.292	IK	1.260	DI	1.277	GJ
23	<b>0.984</b>	<b>R</b>	1.257	DI	1.122	MO
24	1.273	IL	1.097	LN	1.185	KM
25	1.505	FG	1.177	GM	1.342	DG
26	1.241	KN	<b>0.970</b>	<b>O</b>	1.105	O
27	1.327	HI	1.027	NO	1.177	KN
28	<b>1.011</b>	<b>R</b>	1.077	MN	<b>1.043</b>	<b>P</b>
29	1.098	Q	1.163	HM	1.132	MO
30	1.143	OQ	1.090	LN	1.117	NO
31	1.293	IK	1.307	DF	1.300	FI
32	1.209	LO	1.147	IM	1.177	KN
33	1.177	NP	1.413	BC	1.295	FI
34	1.829	AB	1.240	DJ	1.533	AB
35	1.482	FG	1.220	EK	1.350	CF
<b>Ortalama</b>	1.364	A	1.219	B	1.292	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Araştırmanın ikinci yılında bitki başına düşen koçan sayısı verilerinin 0.933-1.577 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin 1.163 adet bitki<sup>-1</sup> olduğu



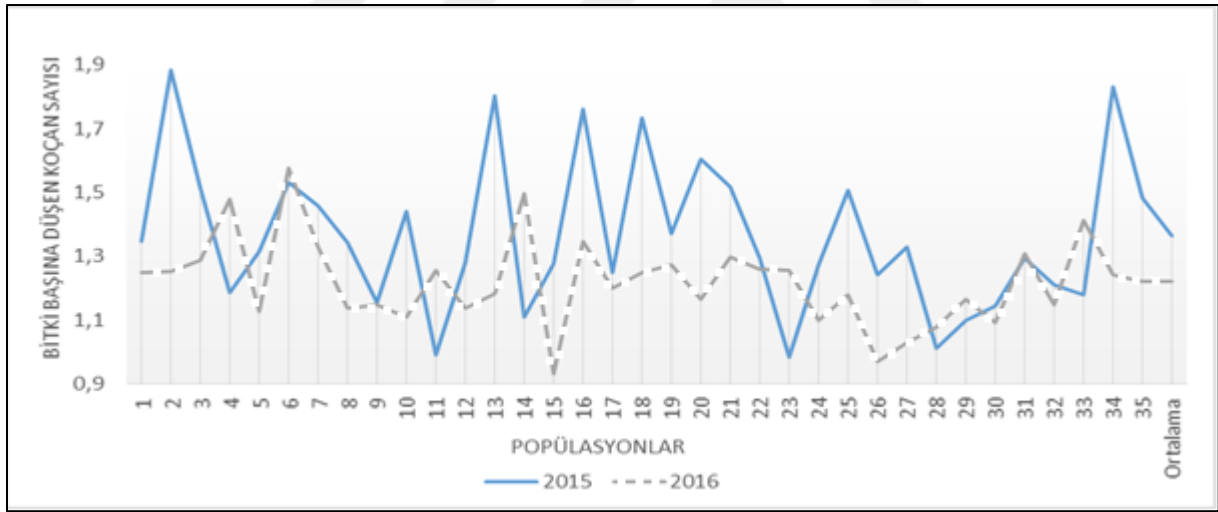
belirlenmiştir. Buna göre bitki başına düşen koçan sayısı en az olan 15 nolu genotip, en çok olan 6 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Ancak, 0.970 adet bitki<sup>-1</sup> ile 26 nolu genotip 15 nolu genotiple aynı grupta yer alarak bitki başına düşen koçan sayısı bakımından aralarında istatistiksel olarak fark olmadığı ayrıca 27 nolu genotip ile bağlantılı geçiş grubu oluşturdukları belirlenmiştir. En yüksek bitki başına düşen koçan sayısı yönünden 6 nolu genotip ise 1.480 adet bitki<sup>-1</sup> ile 4 ve 1.497 adet bitki<sup>-1</sup> ile 14 nolu genotiplerle arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Koçan sayısı değeri 1.330, 1.347 ve 1.413 adet bitki<sup>-1</sup> olan genotipler sırasıyla 7, 16 ve 33 nolu genotipler olup geçiş grubunda yer aldığı tespit edilmiştir. İstatistiksel olarak geçiş grubunu oluşturan bir diğer grupta ise 1, 2, 3, 11, 18, 19, 21, 22, 23, 31 ve 34 nolu genotipler sırasıyla 1.250, 1.253, 1.287, 1.257, 1.247, 1.273, 1.297, 1.260, 1.257, 1.307 ve 1.240 adet bitki<sup>-1</sup> koçan sayısı ile yer almışlardır. Bitki başına koçan sayısı 1.127, 1.110, 1.097, 1.077 ve 1.090 adet bitki<sup>-1</sup> olan 5, 10, 24, 28 ve 30 nolu genotipler aynı geçiş grubunda yer aldığı izlenmiştir. Diğer taraftan 8, 9, 12, 13, 20, 25, 29 ve 32 nolu genotipler sırasıyla 1.137, 1.14, 1.137, 1.183, 1.163, 1.177, 1.163 ve 1.147 adet bitki<sup>-1</sup> değerlerini alarak aynı geçiş grubunda yer alırken 17 (1.200 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 35 (1.220 adet bitki<sup>-1</sup>) nolu genotipler de yine bir geçiş grubunda yer almışlardır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama bitki başına düşen koçan sayısı değerleri 1.043-1.570 adet bitki<sup>-1</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer 1.132 adet bitki<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Bitki başına düşen koçan sayısı en az olan 28 nolu genotip olup istatistiksel olarak diğer genotiplerden çok farklı çıkmıştır. En fazla olan genotip ise 1.570 adet bitki<sup>-1</sup> ile 2 nolu genotip olup, 1.553 ve 1.552 adet bitki<sup>-1</sup> ile 16 ve 6 nolu genotiplerle aralarında istatistiksel hiçbir fark olmamasından dolayı aynı grupta yer alırken, 34 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerle önemli farklılık göstermişlerdir. Üçüncü gruptaki 13 ve 18 nolu genotipler 1.492 ve 1.490 adet bitki<sup>-1</sup> koçan ile aynı grupta yer almışlar ve 34 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Bir diğer genotip olan 21 nolu genotipin 1.408 adet bitki<sup>-1</sup> koçana sahip olup, 1.400, 1.393, 1.385 ve 1.350 adet bitki<sup>-1</sup> koçan sayısı ile sırasıyla 3, 7, 20 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu kaydedilmiştir. En düşük ikinci grup bitkideki koçan sayısının 1.105 adet bitki<sup>-1</sup> ile 15 ve 26 nolu genotipler istatistiksel olarak aralarında hiçbir fark olmayıp, 9 (1.150 adet bitki<sup>-1</sup>), 11 (1.125 adet bitki<sup>-1</sup>), 23 (1.122 adet bitki<sup>-1</sup>), 29 (1.132 adet bitki<sup>-1</sup>) ve 30 (1.117 adet bitki<sup>-1</sup>) nolu genotipler dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak çok farklı olduğunu ortaya koymuşlardır. Geçiş grubunu oluşturan 5, 8, 12, 17, 24, 27 ve 32 nolu genotipler bitkide koçan sayısı özelliği bakımından 1.222, 1.240, 1.207, 1.225, 1.185, 1.177 ve 1.177 adet bitki<sup>-1</sup>

değerlerini aldıkları tespit edilmiştir. Diğer genotiplerden 1, 4, 10, 14, 19, 22, 25, 31 ve 33 nolu genotipler 1.297, 1.333, 1.275, 1.303, 1.322, 1.277, 1.342, 1.300 ve 1.295 adet bitki<sup>-1</sup> ile geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Bununla birlikte 1.553 adet bitki<sup>-1</sup> ile 16 nolu genotip ve 1.552 adet bitki<sup>-1</sup> ile 6 nolu genotip 2 nolu genotiple istatistiksel olarak birbirlerinden farklı olup aynı grupta yer almışlardır. Ayrıca 34 nolu genotip 2, 6 ve 16 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır (Çizelge 4.2).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4.9'da verilmiştir.

Genel itibari ile incelendiğinde 2015 yılı verilerinin 2016 yılı verilerinden yüksek olduğu belirlenmiştir. Ancak 4, 11, 14, 23 ve 33 nolu genotiplere ait 2016 yılı verileri 2015 yılı verilerinden belirgin şekilde yüksek çıkmıştır. Ayrıca 5, 17, 28 ve 29 nolu genotiplere ait bitki başına düşen koçan sayısı her iki yılda da birbirlerine yakın çıkarken, 9, 22 ve 31 nolu genotiplere ait veriler hem ilk yıl hem de ikinci yıl hemen hemen aynı olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4. 9. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bitki başına düşen koçan sayısı (adet bitki<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma

Bitki başına düşen koçan sayısı verimi etkileyen önemli özelliklerden biridir. Bitkide koçan sayısının artması tane kalitesini ve dolayısıyla da verimi düşürmesinden dolayı tercih edilen bir durum değildir. Ancak özellikle yerel cin mısır popülasyonlarında birden fazla koçan oluşturma potansiyeli yüksektir.

Bitki başına koçan sayısının incelendiği birçok çalışma yapılmıştır. Bu çalışmalardan bazıları hakkında edindiğimiz bilgilere göre, Gürel (2011) Kastamonu ilinde yetiştirdiği 17 silajlık mısır çeşidinde 1-1.8 adet bitki<sup>-1</sup>; Moralar (2011) Tekirdağ ilinde yetiştirdiği 6 silajlık mısır çeşidinde 1 adet bitki<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Adeleye ve Ayeni (2010) farklı toprak işleme ve farklı bitki yoğunluğu uygulamasında koçan sayısının 1.18-1.63 adet bitki<sup>-1</sup>; Bulut ve ark. (2008) Erzurum ilinde yetiştirdikleri 17 silajlık mısırdaki koçan sayısını 1.2 – 1.5 adet bitki<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Ayrıca, Eşiyok ve ark. (2004) koçan sayısını 1.14-1.21 adet, Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısırı çeşidinde koçan sayısını 1-1.6 adet arasında değiştiğini belirlemişlerdir.

Koca (2013) Kayseri koşullarında yeşil gübre uygulamasından sonra 24 mısır çeşidinde koçan sayısı 0.5-2.2 adet bitki<sup>-1</sup>; Aydın (2011) Tokat-Kazova koşullarında yetiştirdiği 15 atdışi mısırdaki 0.97-1.04 adet bitki<sup>-1</sup>; Küçük (2011) Ankara ilinde 8 silajlık mısır çeşidinde 1-1.1 adet bitki<sup>-1</sup>; Budak ve ark. (2013) Ege sahil koşullarında yetiştirdikleri farklı mısır çeşitlerinde 1.08-1.36 adet bitki<sup>-1</sup>; Maga ve ark. (2015) güney Gine Savannah bölgesinde farklı ekim tarihlerinde yetiştirdikleri 2 mısır çeşidinde 1.67-2.33 adet bitki<sup>-1</sup>; İdikut ve ark. (2015) biri kompozit, ikisi yerel çeşit ve 10 adet yerel popülasyon olmak üzere 13 cin mısır genotipinde koçan sayısının 1.03-1.28 adet bitki<sup>-1</sup>; Kahraman ve ark. (2015) tek melez mısır genotiplerinde koçan sayısını 0.75-1.16 adet bitki<sup>-1</sup>; Uwah ve ark. (2016) Nijerya'da yetiştirdiği 3 mısır çeşidine farklı dozlarda kanatlı gübresi uygulamış ve bitkide koçan sayısını 1.1-1.6 adet bitki<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Kavut ve Soya, (2014), Akdeniz iklim koşullarında farklı toprak yapılarının mısırdaki bitkide koçan sayısı bakımından mısır çeşitleri arasında önemli bir farklılığın olmadığını, Grosbach (2008) ise cin mısırdaki uyguladıkları sıklık denemesinde bitkide koçan sayısı yönünden bitki sıra üzeri mesafesinin etkili olmadığını bildirmişlerdir.

Bizim çalışmamızda kullandığımız genotiplere ait koçan sayılarının önceki araştırmacıların bildirdiği koçan sayılarına göre yüksek olduğu görülmüştür. Bu durumun ise mısırın farklı varyetelerine ait farklılıkların ve genotiplerin etkisiyle meydana gelebileceği gözlemlenmiştir. Cin mısır genotiplerinde koçan sayısı atdışi ve sert mısıra göre fazla olması ve yerel popülasyon olmasından kaynaklanmıştır.

#### 4. 1. 10. Koçan uzunluğu (cm)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısır genotiplerinin koçan uzunluğu özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 19’da, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 20’de verilmiştir.

Çizelge 4. 19. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan uzunluğu (cm) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.12	0.92	2	0.11	0.93	2	0.026	0.21
Genotip	34	3.70	28.34**	34	5.22	44.51**	34	4.544	36.60**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	16.576	133.53**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.206	1.66
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	4.372	35.22**
Hata	68	0.13	-	68	0.12	-	136	0.124	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Koçan uzunluğuna özelliğine ait varyans analiz sonuçları Çizelge 4. 19 incelendiğinde genotipler arası koçan uzunluğu değerlerinin farklılığı istatistikî olarak 2015, 2016 yıllarında ve iki yılın birleştirilmiş analizlerin %1 önem seviyesinde önemli bulunmuş ve ayrıca iki yılın birleştirilmiş analizinde yıl ve yıl x genotip interaksyonu faktörlerinin istatistiksel olarak (p<0.01) önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 20’ de ki verilere göre, koçan uzunluğu bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçan uzunluğu değerlerinin 14.333-19.333 cm arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 18.033 cm olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçan uzunluğu en kısa olan genotipin 5 nolu genotip olduğu ve 14.460 cm değerle 9 nolu genotiple aralarında istatistiksel anlamda fark olmayarak aynı grupta yer aldıkları ve diğer tüm genotiplerden yüksek varyasyon gösterdiği anlaşılmıştır. En uzun koçana sahip olan 25 nolu genotipin de istatistiksel olarak tüm genotiplerden önemli düzeyde farklı olduğu kaydedilmiştir. Koçan uzunluğu bakımından en uzun ikinci sırada 18.567 cm ile yer alan 19 nolu genotipin 10, 15, 24, 31 ve 33 nolu genotiplerin sırasıyla 18.500, 18.500, 18.367, 18.500 ve 18.400 cm koçan uzunluğu ile istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları ve 18.000, 18.233, 17.867, 18.033, 17.933 ve 18.000 cm koçan uzunluğuna sahip sırasıyla 1, 26, 27, 29, 30 ve 32 nolu

genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir. En kısa koçan uzunluğuna sahip ikinci grupta yer alan 6 (15.653 cm) nolu genotip 16 ve 20 nolu genotipler hariç diğer genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılık göstermiştir. Başka bir geçiş grubu oluşturan ve 16.767, 16.733, 16.667, 16.907, 16.867, 16.867 ve 16.600 cm değerlerle 3, 4, 8, 18, 22, 28 ve 34 nolu genotipler olmuştur. Diğer taraftan 7, 12 ve 35 nolu genotipler koçan uzunlukları sırasıyla 17.233, 17.253 ve 17.233 cm değer alarak bir geçiş grubunu oluşturmuş ve başka bir geçiş grubu olan ve içinde 14, 17 ve 21 nolu genotiplerin yer aldığı grupla istatistiksel olarak bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Geriye kalan 2 ve 11 nolu genotipler 16.333 ve 16.400 cm değerlerle bir geçiş grubunu; 13 ve 23 nolu genotipler de 17.667 ve 17.367 cm değerlerle başka bir geçiş grubunda yer almışlardır (Çizelge 4. 20).

Araştırmanın ikinci yılında koçan uzunluğu verilerinin 15.633-20.367 cm arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 20.267 cm olduğu belirlenmiştir. Buna göre en kısa koçan uzunluğu 30 nolu genotipte, en uzun koçan uzunluğu ise 12 nolu genotipten elde edilmiş ve 20.267 cm koçan uzunluğu ile 29 nolu genotipin de 12 nolu genotiple aralarında istatistiksel olarak farksız olmasından dolayı aynı grupta yer aldığı, 12 ve 29 nolu genotiplerin aynı zamanda 7 nolu genotiple (19.867 cm) bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu belirlenmiştir. Koçan uzunluğu en kısa olarak ikinci sırada yer alan, 16.233 cm uzunluğu ile 27 nolu genotip 16.300 cm ile 35 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve 16.500, 16.367, 16.667, 16.433, 16.400, 16.700, 16.700, 16.633 ve 16.700 cm değerlere sahip olan 5, 6, 10, 13, 15, 17, 18, 20 ve 22 nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerle aralarında önemli farklılık olduğu kaydedilmiştir. Yapılan ölçümler neticesinde 17.433 cm koçan uzunluğuna sahip olan 11, 19 ve 25 nolu genotiplerin 17.600, 17.500, 17.467 ve 17.533 cm uzunluk değerleri ile istatistiksel olarak farksız olduğu, aynı grupta yer aldığı ve 17.033 ve 16.967 cm değerlere sahip olan 1 ve 4 nolu genotiplerle bağlantılı grupta yer almışlardır. Diğer taraftan 18.200 ve 18.367 cm koçan uzunluğunda 26 ve 28 nolu genotipler kendi içinde aynı grupta yer almışlar ve 14 (18.533 cm) ve 31 (18.600 cm) nolu genotipler dışındaki genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılık göstermişlerdir. Geçiş grubunda yer alan 2, 16, 21 ve 32 nolu genotipler sırasıyla 19.367, 19.433, 19.567 ve 19.333 cm değerlere sahip olmuşlar ve başka bir geçiş grubunda yer ala 3 (19.067 cm), 8 (19.000 cm) ve 23 (19.100 cm) nolu genotiplerle de bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

Çizelge 4. 20. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan uzunluğu (cm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

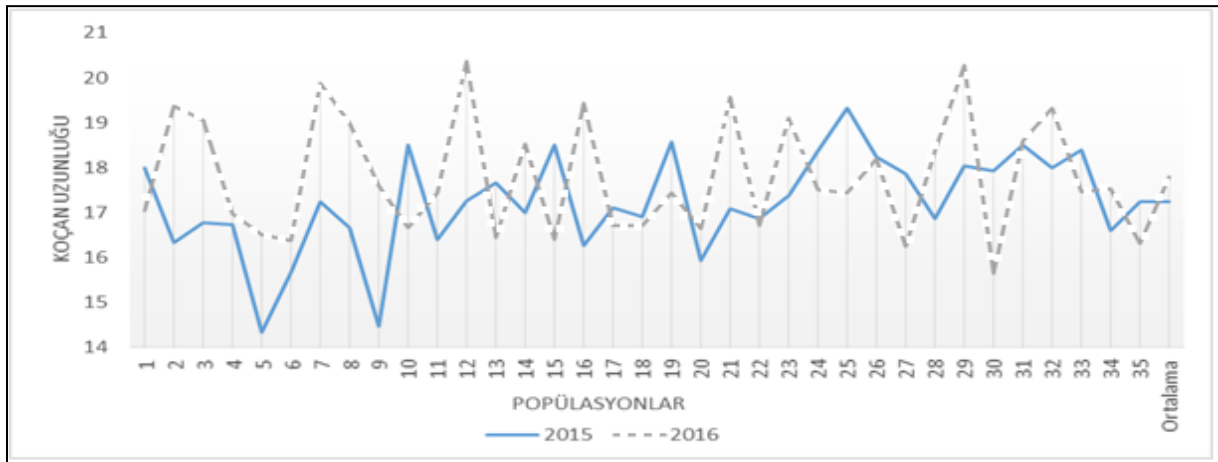
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	18.000	BD	17.033	FG	17.517	GH
2	16.333	JL	19.367	BC	17.850	EH
3	16.767	GK	19.067	CD	17.917	DH
4	16.733	GK	16.967	FH	16.850	J
5	<b>14.333</b>	<b>N</b>	16.500	GI	<b>15.417</b>	<b>L</b>
6	15.653	M	16.367	HI	16.017	K
7	17.233	EH	19.867	AB	18.567	BC
8	16.667	GK	19.000	CD	17.833	EH
9	<b>14.460</b>	<b>N</b>	17.600	F	16.033	K
10	18.500	B	16.667	GI	17.583	FH
11	16.400	IL	17.433	F	16.917	J
12	17.253	EH	<b>20.367</b>	<b>A</b>	18.817	AB
13	17.667	CF	16.433	GI	17.050	IJ
14	17.000	FJ	18.533	DE	17.767	EH
15	18.500	B	16.400	GI	17.450	HI
16	16.267	KM	19.433	BC	17.850	EH
17	17.100	FH	16.700	GI	16.900	J
18	16.907	GK	16.700	GI	16.800	J
19	18.567	B	17.433	F	18.000	DF
20	15.927	LM	16.633	GI	16.283	K
21	17.087	FI	19.567	BC	18.333	CD
22	16.867	GK	16.700	GI	16.783	J
23	17.367	DG	19.100	CD	18.233	CE
24	18.367	B	17.500	F	17.933	DG
25	<b>19.333</b>	<b>A</b>	17.433	F	18.383	CD
26	18.233	BC	18.200	E	18.217	CE
27	17.867	BE	16.233	I	17.050	IJ
28	16.867	GK	18.367	E	17.617	FH
29	18.033	BD	<b>20.267</b>	<b>A</b>	<b>19.150</b>	<b>A</b>
30	17.933	BD	<b>15.633</b>	<b>J</b>	16.783	J
31	18.500	B	18.600	DE	18.550	BC
32	18.000	BD	19.333	BC	18.667	BC
33	18.400	B	17.467	F	17.933	DG
34	16.600	HK	17.533	F	17.067	IJ
35	17.233	EH	16.300	I	16.783	J
<b>Ortalama</b>	17.231	B	17.792	A	17.512	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama koçan uzunluğu değerleri 15.417-19.150 cm arasında değişmektedir. Bu değerler arasında en düşük değer kontrol çeşidinde bu değer 19.150 cm olarak

elde edilmiştir. En kısa koçan uzunluğuna sahip olan 5 nolu genotip, en fazla olan ise 29 nolu genotip olmuştur. Koçan uzunluğu yönünden 5 nolu genotip diğer genotiplerden bağımsız bir grupta yer alırken 29 nolu genotip 18.817 cm uzunluğa sahip 12 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur. Koçan uzunluğu en kısa olan ikinci grupta 16.017, 16.033 ve 16.283 cm değerlerle 6, 9 ve 20 nolu genotipler, üçüncü grupta 16.850, 16.917, 16.900, 16.800, 16.783, 16.783 ve 16.783 değerlerle 4, 11, 17, 18, 22, 30 ve 35 nolu genotipler yer almış ve 17.050, 17.050 ve 17.067 değerlerle 13, 27 ve 34 nolu genotipler üçüncü grupta yer alan genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. En yüksek koçan uzunluğuna üçüncü sırada sahip olan 31 nolu genotip (18.550 cm), 18.567 ve 18.667 cm uzunluğa sahip 7 ve 32 nolu genotiplerle bir geçiş grubunu oluşturduklarını ve başka bir geçiş grubunu oluşturan 21 (18.333 cm), 23 (18.233 cm), 25 (18.383 cm) ve 26 (18.217 cm) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Geçiş grubunda yer alan diğer bir genotip ise 17.917 cm uzunlukla 3 nolu genotip olmuş ve hem 18.000, 17.933 ve 17.933 cm değerlere sahip 19, 24 ve 33 nolu genotiplerle (21 ve 25 nolu genotipler de dahil) hem de 17.517, 17.850, 17.833, 17.583, 17.767, 17.450, 17.850 ve 17.617 cm değerlere sahip 1, 2, 8, 10, 14, 15, 16 ve 28 nolu genotiplerle bağlantılı bulunmuştur (Çizelge 4. 20).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan uzunluğu (cm) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 10'da verilmiştir.



Şekil 4. 10. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan uzunluğu (cm) verilerine ait karşılaştırma

Denememizde genotiplere ait koçan uzunluğu verilerin genel itibari ile 2016 yılında daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan ikinci yıla ait veriler incelendiğinde 10, 13, 15,

17, 18, 19, 24, 25, 27, 30, 33 ve 35 nolu genotipler 2015 yılı verilerinden daha düşük olduğu kaydedilmiştir. İki yıla ait veriler de 22, 26 ve 31 nolu genotiplere ait koçan uzunluğu değerleri hemen hemen aynı çıkararak, bu genotiplerin iklim ve çevre şartlarına toleransının diğer genotiplere nazaran daha yüksek olduğu tespit edilmiştir.

Koçan uzunluğu belirleyen en önemli faktör genetik yapıdır. Buna bağlı olarak genotiplere ait koçan uzunluğu değerleri önemli farklılık gösterebilmektedir. Diğer taraftan iklim ve çevre gibi faktörler de koçan uzunluğunu etkilemektedir.

Koçan uzunluğu özelliği koçanda tane sayısını etkilemesinden ve direk olarak verimi etkilemesinden dolayı mısır yetiştiriciliğinde ve mısırla ilgili yapılan/yapılacak tüm araştırmalarda oldukça önem arz etmektedir.

Koçan uzunluğu ile ilgili olarak yapılan önceki çalışmalarda; Sezer ve Yanbeyi (1997) 13-17 cm, Gökmen ve ark. (2001) 15.7-16.9 cm, Özkaynak ve Sabancı (2003) 11.3-17.7 cm, Babaoğlu (2003) 17.5-24.0 cm, Şener ve ark. (2004) 16.19-18.1 cm, Eşiyok ve ark. (2004) 19-21 cm, Öktem ve ark. (2004) 17-19 cm, Saruhan ve Sireli (2005) 12-18 cm, Tekkanat ve Soylu (2005) 17-20 cm, Çetinkaya ve Dura (2010) 21-23 cm, Koca ve ark. (2010) 18-19 cm, Karaşahin ve Sade (2011) 20.6-22.3 cm, Khodarahmpour ve Hamidi (2012) 16.2-17.8 cm, İdikut ve ark. (2012) 13.0-15.1 cm, Budak ve ark. (2013) 18.6-19.4 cm, Sönmez ve ark. (2013) 21-24.5 cm, Gönülal (2013) 16.5-17.0 cm, Zamaninejad ve ark. (2013) 11.9-13.7 cm, İdikut ve Kara (2013) 17.0-26.0 cm, İdikut ve ark. (2015) 14.0-18.0 cm, Kharazmshahi ve ark. (2015) 18.0-21.9 cm, Dumral (2015) 16.4-20.9 cm, Maga ve ark. (2015) 10.2-14.3 cm, Seyedzavar ve ark. (2015) 18.5-20.3 cm, Çağlayan Dumral (2015) 16.4-20.9 cm, Sharifi ve Namvar (2016) 18.6-20.1 cm, Yılmaz ve Han (2016) 19.8-23.0 cm, Pandit ve ark. (2016) 8.3-22.7 cm, Ijaz ve ark. (2017) 15.5-18.6 cm arasında değişen koçan uzunluğu değerleri elde etmişlerdir.

Koçanla ilgili parametreler genotipe, çevresel koşullara ve genotip x çevre interaksiyonuna bağlı olarak büyük varyasyonlar gösterebilmektedir (Kaya ve ark., 2002; Şener ve ark., 2004). Bunların yanı sıra bitki yoğunluğunun da bu karakterler üzerine önemli etkilerinin olduğu belirlenmiştir (Gökmen ve ark., 2001; Şener ve ark., 2004). Park ve ark. (1986) koçan uzunluğunun ve bin tane ağırlığının tane verimine direk etkide bulunduğunu bildirmiştir. Daha önce yapılan çalışmalardan da görüldüğü üzere koçan uzunluğu özelliğinin çeşide, çevreye ve uygulanan yöntemeye göre farklılık gösterdiği ve bizim bulgularımızı da desteklediği görülmektedir.



#### 4. 1. 11. Koçan kalınlığı (mm)

Araştırmamızda 2015, 2016 yılları ve her iki yılın birleştirilmiş verilerinde yerel cin mısır genotiplerinin koçan kalınlığı özelliğine yönelik varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 21' de, genotiplerin ortalamaları ve Duncan analizine göre oluşan grupları Çizelge 4. 22' de verilmiştir.

Çizelge 4. 21. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan kalınlığı (mm) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.11	0.43	2	0.46	0.75	2	0.268	0.62
Genotip	34	18.10	71.02**	34	15.47	25.54**	34	21.307	49.51**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	40.656	94.48**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.297	0.69
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	12.262	28.50**
Hata	68	0.26	-	68	0.61	-	136	0.430	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Koçan kalınlığına yönelik varyans analiz sonuçları Çizelge 4. 21'de incelendiğinde her iki yılda da genotipler arası koçan kalınlığı değerleri arasındaki farklılığın istatistikî olarak %1 önem seviyesinde önemli olduğu görülmüştür. İki yılın birleştirilmiş verilerin analizi sonucu yıllar ve genotipler arası farklılık ile yıl x genotip interaksiyonunun %1 önem seviyesinde önemli olduğu görülmüştür.

Çizelge 4. 22' de ki verilere göre, yerel cin mısır genotiplerinin koçan kalınlığı (mm) bakımından denemenin her iki yılın ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçan kalınlığı değerlerinin 28.467-39.267 mm arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 33.333 mm olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçan kalınlığı bakımından en ince olan genotip 21 nolu genotip olduğu 29.200 mm ile 5 nolu genotip haricinde ki genotiplerden istatistiksel olarak farklılık gösterdiği, en kalın olanının ise 12 nolu genotip olduğu ve 38.467 mm ile 11 nolu genotiple istatistiksel olarak aralarında hiçbir fark olmadığı ve diğer genotiplerde ayrı bir grupta yer aldıkları belirlenmiştir. Üçüncü en yüksek koçan kalınlığına sahip olan 26 nolu genotip 36.467 mm kalınlığa sahip olmuş ve 35.600, 36.067 ve 36.133 mm kalınlıktaki 1, 34 ve 35 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden yüksek varyasyon gösterdiği kaydedilmiştir. Geçiş grubu oluşturan 14, 22, 30 ve 32 nolu

genotipler sırasıyla 35.333, 35.333, 35.333 ve 35.300 mm koçan kalınlığına sahip olmuş, 35.467 mm ile 20 nolu genotip ve 35.000 mm ile 27 nolu genotiplerle bağlantı bulunmuştur. 10, 16 ve 17 nolu genotipler başka bir geçiş grubunu oluşturmuşlar, sırasıyla 34.733, 33.933 ve 34.467 mm değerler sahip olmuş ve ayrıca bu genotipler 27 nolu genotiple de bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. İstatistiksel olarak kendi aralarında farksız olan 19 (33.067 mm) ve 33 (33.033 mm) nolu genotipler, hem 25 (33.267 mm) ve 29 (33.333 mm) nolu genotiplerle hem de 8 (33.000 mm) ve 18 (32.933 mm) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Diğer taraftan 32.600 mm koçan kalınlığı değerine sahip olan 6, 7 ve 28 nolu genotipler 8 ve 18 nolu genotiplerle de bağlantılı bulunmuştur. Koçan kalınlığı 31.733 ve 31.667 mm ile sırasıyla 24 ve 31 nolu genotipler 3 (31.300 mm), 9 (31.000 mm), 13 (32.267 mm), 15 (31.567 mm) ve 23 (31.933 mm) nolu genotiplerle bağlantılı bulunurken, 2 ve 4 nolu genotiplerde 29.553 ve 30.333 mm değerlerle başka bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır (Çizelge 4.22).

Araştırmanın ikinci yılında koçan kalınlığı verilerininin 27.667-38.333 mm arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 34.400 mm olduğu belirlenmiştir. Yapılan gruplandırma analizinde en yüksek koçan kalınlığına sahip 27 nolu genotip 1 (37.267 mm), 18 (37.533 mm) ve 26 (37.867 mm) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluştururken, en düşük koçan kalınlığına sahip 15 nolu genotip tek başına ayrı bir grupta yer almıştır. En ince koçan kalınlığı değeri bakımından ikinci sırada yer alan 30.567 mm ile 11 nolu genotip 31.800 ve 31.867 mm değerlere sahip 22 ve 23 nolu genotipler hariç diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı çıkmıştır. En inceden en kalına doğru koçan kalınlığı verileri değerlendirildiğinde bir geçiş grubunda yer alan 33.200 mm kalınlığa sahip 25 ve 28 nolu genotiplerin 32.333, 31.967, 33.400, 32.900, 32.200, 32.567 ve 32.133 mm değerlerle 9, 10, 13, 17, 21, 30 ve 31 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Diğer taraftan 34.933, 35.067, 35.067 ve 34.933 değerlerle 3, 6, 7 ve 33 nolu genotipler istatistiksel olarak birbirlerinden farksız ve 34.567 ve 34.400 değerlerle 2 ve 29 nolu genotiplerle bağlantılı bulunmuştur. Koçan kalınlığı bakımından 35.800 ve 35.867 mm değerle 4 ve 19 nolu genotipler de birbirlerinden istatistiksel olarak farksız ve 35.500, 35.933, 35.600 ve 36.033 mm ile 8, 16, 20 ve 32 nolu genotiplerle de bağlantı oluşturduğu izlenmiştir. Geriye kalan 12, 34 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 36.133, 36.133 ve 36.900 mm değerlerle bir geçiş grubunu oluştururken, 34.000 mm koçan kalınlığı değeri ile 5 ve 24 nolu genotipler başka bir geçiş grubunu oluşturmuştur.

Çizelge 4. 22. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan kalınlığı (mm) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	35.600	BD	37.267	AD	36.433	BD
2	29.553	OP	34.567	GJ	32.050	N
3	31.300	LM	34.933	FI	33.117	KM
4	30.333	NO	35.800	DH	33.067	LM
5	29.200	PQ	34.000	IK	31.600	N
6	32.600	HJ	35.067	FI	33.833	IL
7	32.600	HJ	35.067	FI	33.833	IL
8	33.000	HI	35.500	EH	34.250	HJ
9	31.000	MN	32.333	LM	31.667	N
10	34.733	DF	31.967	LM	33.350	KM
11	<b>38.467</b>	<b>A</b>	30.567	N	34.517	GI
12	<b>39.267</b>	<b>A</b>	36.133	CF	<b>37.700</b>	<b>A</b>
13	32.267	IK	33.400	JL	32.833	M
14	35.333	CE	35.467	EI	35.400	EF
15	31.567	KM	<b>27.667</b>	<b>O</b>	<b>29.617</b>	<b>O</b>
16	33.933	FG	35.933	DG	34.933	FH
17	34.467	EF	32.900	KM	33.683	IM
18	32.933	HI	37.533	AC	35.233	FG
19	33.067	GI	35.867	DH	34.467	GI
20	35.467	CD	35.600	EH	35.533	EF
21	<b>28.467</b>	<b>Q</b>	32.200	LM	<b>30.333</b>	<b>O</b>
22	35.333	CE	31.800	MN	33.567	JM
23	31.933	JL	31.867	MN	31.900	N
24	31.733	JM	34.000	IK	32.867	M
25	33.267	GH	33.200	JM	33.233	KM
26	36.467	B	37.867	AB	37.167	AB
27	35.000	DE	<b>38.333</b>	<b>A</b>	36.667	BC
28	32.600	HJ	33.200	JM	32.900	M
29	33.333	GH	34.400	HJ	33.867	IL
30	35.333	CE	32.567	KM	33.950	IL
31	31.667	JM	32.133	LM	31.900	N
32	35.300	CE	36.033	DG	35.667	DF
33	33.033	GI	34.933	FI	33.983	IK
34	36.067	BC	36.133	CF	36.100	CE
35	36.133	BC	36.900	BE	36.517	BC
<b>Ortalama</b>	33.495	B	34.375	A	33.935	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

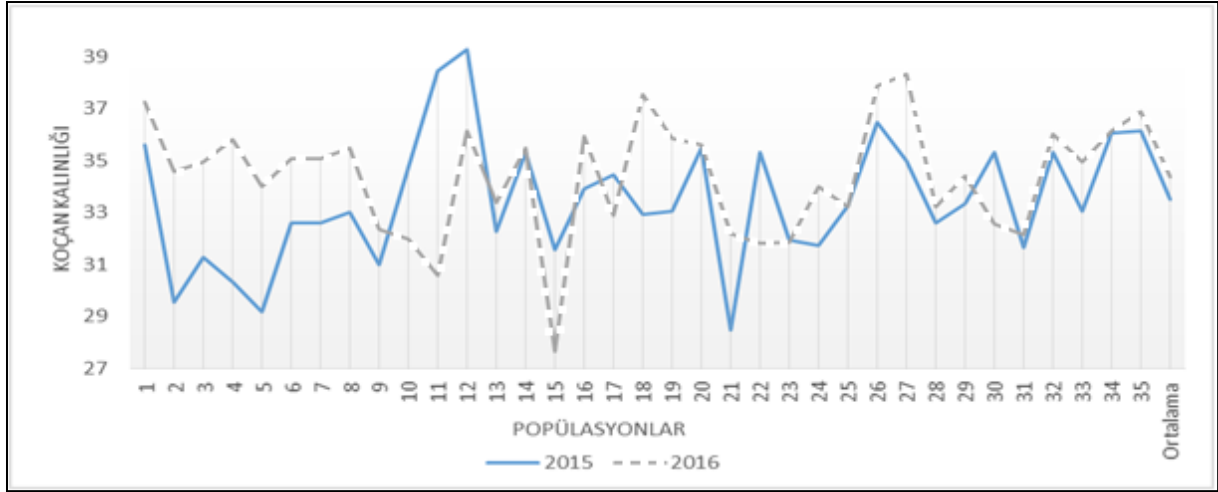
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama koçan kalınlığı değerleri 29.617-37.700 mm arasında değişmekte birlikte, kontrol çeşidinde bu değer 33.867 mm

olarak elde edilmiştir. En düşük koçan kalınlığı değeri 15 nolu genotipten elde edilirken onu 30.333 mm ile 21 nolu genotip izlemiş ve her iki genotipte istatistiksel olarak farksız olduğu için aynı grupta yer almışlar ve diğer tüm genotiplerden önemli derecede varyasyon göstermiştir. Koçan kalınlığını en inceden itibaren gruplandırarak olursak ikinci grupta 32.050, 31.600, 31.667, 31.900 ve 31.900 değerlerle 2, 5, 9, 23 ve 31 nolu genotiplerin yer aldığı, istatistiksel olarak kendi aralarında fark gözlenmezken diğer genotiplerden önemli derecede farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Üçüncü gruptaki genotipler 32.833, 32.867 ve 32.900 mm koçan kalınlığı değerlerine sahip olan 13, 24 ve 28 nolu genotipler yer alırken, bu genotipler ayrıca 33.117, 33.067, 33.350, 33.683, 33.567 ve 33.233 mm koçan kalınlığına sahip olan 3, 4, 10, 17, 22 ve 25 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. En yüksek koçan kalınlığına sahip olan 12 nolu genotip 26 nolu genotip haricinde diğer tüm genotiplerden istatistiksel anlamda farklılığı önemli çıkmıştır. Koçan kalınlığı yüksek genotiplerden bir diğeri ise 36.667 mm ile 27 nolu genotip olmuş, 36.433 ve 36.517 mm ile 1 ve 35 nolu genotiplerle geçiş grubunu oluşturmuşlar ve ayrıca 26 nolu genotiple bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Diğer taraftan 6, 7, 29 ve 30 nolu genotipler sırasıyla 33.833, 33.833, 33.867 ve 33.950 mm koçan kalınlığı ile aynı geçiş grubunda yer alıp, 33.983 mm ile 33 nolu genotiple bağlantılı oldukları kaydedilmiştir. Geriye kalan 8, 11, 14, 16, 18, 19, 20, 32 ve 34 nolu genotiplerin sırasıyla 34.250, 34.517, 35.400, 34.933, 35.233, 34.467, 35.533, 35.667 ve 36.100 mm koçan kalınlığına sahip olarak birbirleri ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 11’de verilmiştir.

Şekil 4. 11 incelendiğinde, yerel mısır genotiplerinin iki yıllık koçan kalınlığı verileri birbirlerinden değişiklik gösterdiği belirlenmiştir. İlk yıl denememizde genel olarak genotiplere ait koçan kalınlığı verileri 2016 yılı verilerine nazaran daha düşük değerlere sahip olduğu, ancak 10, 11, 12, 15, 17, 22 ve 30 nolu genotiplere ait 2015 yılı verileri 2016 yılı verilerinden yüksek bulunmuştur. Diğer taraftan 9, 13, 28 ve 31 nolu genotiplere ait iki yıllık veriler birbirlerine yakın bulunurken, 14, 20, 23 ve 25 nolu genotiplere ait veriler her iki yılda da aynı olduğu tespit edilmiştir.

Koçan kalınlığı verilerinin genotipler arasında dalgalanması, genotiplerin genetik farklılıklarından ve genotiplerin popülasyon olmasından (durulmuş olmaması) kaynaklandığı; yıllar arasında dalgalanmaların ise genotiplerin iklim ve çevre faktörlerine olan toleranslılık düzeyinin farklılığından kaynaklandığı düşünülmüştür.



Şekil 4. 11. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan kalınlığı (mm) verilerine ait karşılaştırma

Koçan kalınlığı bakımından en ince olan genotip 15 nolu genotip, en kalın olan genotip ise 12 nolu genotip olmuştur. Koçan kalınlığı en yüksek olan 12 nolu genotipin 26 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluştururken; koçan kalınlığı en düşük olan 15 nolu genotip 30.333 mm ile 21 nolu genotip istatistiksel olarak aralarında hiçbir fark bulunmadığı için aynı grupta yer almışlardır (Çizelge 4.22).

Koçan kalınlığı özelliği koçanda sıra sayısını ve dolayısıyla tane sayısını etkilemesiyle direkt olarak verimi etkilemekte ve mısır yetiştiriciliğinde oldukça önem arz etmektedir.

Koçan kalınlığı ile ilgili olarak yapılan önceki çalışmalarda; Cerit (2001) 46-48 mm, Rebourg ve ark. (2001) 23-49.8 mm, Ruiz de Galarreta ve Alvarez (2001) 28-68 mm, Babaoğlu (2003) 42.1-49.8 mm, Özkaynak ve Samancı (2003) 24-30 mm arasında, Eşiyok ve ark. (2004) 42-43 mm, Tekkanat ve Soylu (2005) 33-44 mm, Saruhan ve Şireli (2005) 36-39 mm, Çetinkaya ve Dura (2010) 52-55 mm, Farsiani ve ark. (2011), 30.2-40.1 mm, İdikut ve ark. (2012) 28.3-30.7 mm, Peykarestan ve Seify (2012) 40.2-50.2 mm, İdikut ve ark. (2015) 27-33 mm, Cömertpay (2008) 23-50 mm, Beyene ve ark., (2005) 33-49 mm, Vartanlı ve Emekliler (2007) 53.0-57.9 mm, Topal (2016) 45.8 - 49.6 cm, Alıcı (2005) 36-47 mm, Öktem ve Öktem (2006) 37.8-47.4 mm, Kılınç (2016) 44.5-49.0 mm, Özsisli (2010) 38-43 mm, Kuşaksız ve Kuşaksız (2009) 39.0-40.8 mm, Vartanlı, (2006) 53.0-57.9 mm, Karaşahin ve Sade (2011) 52.08-52.85 mm, Öktem ve Toprak, (2013) 44-51 mm, Demiray, (2013) 48.9-48.3 mm, Gözübenli ve ark. (2007) 44.2 - 49.7 mm, Budak ve ark., (2013) 47.5 mm, Sabancı (2013) 40.3 mm, Gönülal (2013) 28.5-29.2 mm, Khodarahmpour ve Hamidi (2012) 35.2-36.3 mm,

Maga ve ark. (2015) 10.79-12.97 mm, Seyezavar ve ark. (2015) 46.9-49.2 mm, Yılmaz ve Han (2016) 45.33-48.86 mm, İdikut ve ark. (2015) 27-34 mm, Özkaynak ve Sabancı (2003) 24.8-30.6 mm, Pandit ve ark. (2016) 37-55 mm ve Zamaninejad ve ark. (2013) 38.54-40.46 mm olarak bildirmişlerdir.

Koçan çapı artığında tek koçan ağırlığının arttığı, bununla birlikte tek koçan ve tane ağırlığının artmasıyla birlikte dekara tane veriminin de arttığını saptamıştır (Mani ve Dadari, 2003; Ekin, 2004). Önceki çalışmalardan elde edilen sonuçlara göre cin mısırı çeşitleriyle yapılan çalışmalar bizim sonuçları büyük ölçüde desteklerken, diğer atdişi ve sert mısır hibritleri ile yapılan çalışmalar arasında çok büyük farklılık gözlenmiştir. Bu farklılığın cin mısır çeşitlerinde ki koçan kalınlığının atdişi ve sert mısır çeşitlerinden daha dar olduğunu göstermektedir. Ayrıca, yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlar, koçan kalınlığı genotip, çevre ve genotip x çevre interaksiyonuna bağlı farklılık göstermekle (Konuskan, 2000; Turgut ve Duman, 2004; Alıcı, 2005; Lushsinger ve Camilo, 2008; Özmen, 2008) birlikte aynı zamanda, yetiştirme zamanına, yetiştirme tekniğine ve ekim sıklığına bağlı olarak ta değişiklik gösterdiğini (Eşiyok ve Bozokalfa, 2005; Peykarestan ve Seify, 2012) ortaya koymuştur.

#### 4. 1. 12. Koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>)

Araştırmamızda incelediğimiz koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 23’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 24’de verilmiştir.

Çizelge 4. 23. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.06	0.51	2	0.17	1.40	2	0.203	1.68
Genotip	34	9.49	77.17**	34	4.74	40.25**	34	10.833	89.87**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	4.576	37.97**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.021	0.18
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	3.411	28.30**
Hata	68	0.12	-	68	0.12	-	136	0.121	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 23. 'de görüldüğü gibi, ilk yıl ve ikinci yıl verilerinden elde edilen sonuçlara göre koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistiki olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıllar, genotipler arasındaki farklılıklar ve yıl x genotip interaksiyonu %1 önem seviyesinde istatistiki olarak önemli bulunduğu ortaya çıkmıştır.

Çizelge 4. 24' de ki verilere göre, koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) bakımından denemenin 2015, 2016 yıllarının ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçanda sıra sayısı değerlerinin 12.100-20.533 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 16.200 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçanda sıra sayısı bakımından en az olan genotip 33 nolu genotip, en çok olanının ise 14 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Koçanda sıra sayısı yönünden 33 ve 14 nolu genotipler birbirlerinden ve diğer genotiplerden istatistiki olarak farklılık oluşturduğu izlenmiştir. En yüksek sıra sayısına sahip olarak ikinci sırada yer alan 30 nolu genotip 19.133 adet koçan<sup>-1</sup> ile tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Üçüncü sırada yer alan genotip ise 17.700 adet koçan<sup>-1</sup> ile 16 nolu genotip olmuş ve onu 17.433 adet koçan<sup>-1</sup> ile takip eden 10 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve 17.067, 17.100, 17.200 ve 17.333 değerlere sahip olan 1, 9, 11 ve 13 nolu genotiplerle de bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir. Koçanda sıra sayısı bakımından 7, 12, 17 ve 19 nolu genotipler sırasıyla 15.600, 15.933, 15.867 ve 15.600 adet koçan<sup>-1</sup> değerlerle geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Diğer taraftan 15.200 adet koçan<sup>-1</sup> ile 28 nolu genotipin koçanda sıra sayısı bakımından 14.933, 15.533, 15.467, 15.067, 14.933, 14.933 ve 15.467 adet koçan<sup>-1</sup> ile 3, 6, 8, 24, 31, 34 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Başka bir geçiş grubunda ise 16.733 ve 16.200 adet koçan<sup>-1</sup> ile 27 ve 29 nolu genotiplerin bulunduğu görülmüştür. En düşük koçanda sıra sayısı bakımında ikinci sırada yer alan 32 (12.933 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotipin yer aldığı, 13.200 ve 13.467 adet koçan<sup>-1</sup> sayısı ile 22 ve 26 nolu genotiplerin dışındaki diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu kaydedilmiştir. Koçanda sıra sayısı bakımından 4, 15, 20 ve 21 nolu (14.267, 14.133, 14.200 ve 14.117 adet koçan<sup>-1</sup>) genotiplerle birbirlerinden istatistiksel olarak farklı olup aynı geçiş grubunda yer almışlardır. Diğer geçiş grupları incelendiğinde 2 (13.733 adet koçan<sup>-1</sup>), 5 (13.667 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 23 (13.867 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotipler bir geçiş grubunu, 18 (14.533 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 25 (14.400 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotipler ise başka bir geçiş grubunda yer almışlardır (Çizelge 4.24).

Çizelge 4. 24. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	17.067	CD	17.133	B	17.100	C
2	13.733	MO	15.200	GI	14.467	N
3	14.933	HJ	16.400	CE	15.667	GI
4	14.267	KM	15.733	FG	15.000	KM
5	13.667	MO	15.067	HI	14.367	N
6	15.533	GH	15.733	FG	15.633	GI
7	15.600	FH	15.133	GI	15.367	IK
8	15.467	GH	15.233	GI	15.350	IL
9	17.100	CD	14.933	IJ	16.017	EG
10	17.433	C	15.200	GI	16.333	DE
11	17.200	CD	16.200	DF	16.700	CD
12	15.933	FG	14.767	IL	15.350	IL
13	17.333	CD	13.567	M	15.450	HJ
14	<b>20.533</b>	<b>A</b>	<b>17.933</b>	<b>A</b>	<b>19.233</b>	<b>A</b>
15	14.133	KM	<b>12.300</b>	<b>N</b>	13.217	Q
16	17.700	C	15.867	EF	16.783	C
17	15.867	FG	16.533	CD	16.200	EF
18	14.533	IK	16.933	BC	15.733	GI
19	15.600	FH	15.867	EF	15.733	GI
20	14.200	KM	16.067	DF	15.133	JL
21	14.117	KM	14.400	JL	14.267	NO
22	13.200	OP	14.400	JL	13.800	P
23	13.867	LN	14.600	IL	14.233	NO
24	15.067	HI	14.200	L	14.633	MN
25	14.400	JL	14.333	JL	14.367	N
26	13.467	NP	14.267	KL	13.867	OP
27	16.733	DE	15.067	HI	15.900	FH
28	15.200	H	14.633	IL	14.917	LM
29	16.200	EF	14.867	IK	15.533	HJ
30	19.133	B	16.133	DF	17.633	B
31	14.933	HJ	16.000	DF	15.467	HJ
32	12.933	P	<b>12.200</b>	<b>N</b>	<b>12.567</b>	<b>R</b>
33	<b>12.100</b>	<b>Q</b>	13.200	M	<b>12.650</b>	<b>R</b>
34	14.933	HJ	13.600	M	14.267	NO
35	15.467	GH	15.600	FH	15.533	HJ
<b>Ortalama</b>	15.418	A	15.123	B	15.271	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Araştırmanın ikinci yılında koçanda sıra sayısı verilerinin 12.200-17.933 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 14.867 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir.



Koçanda sıra sayısı bakımından elde edilen en düşük değer 32 nolu genotipten elde edilmiş olup, 12.300 adet koçan<sup>-1</sup> ile 15 nolu genotiple istatistiksel olarak aralarında hiç fark gözlenmeyip aynı grupta yer aldığı ve diğer tüm genotiplerden yüksek varyasyon gösterdikleri görülmüştür. En düşük koçanda sıra sayısı bakımından ikinci grupta yer alan genotipler 13, 33 ve 34 nolu genotipler olmuş ve sırasıyla 13.567, 13.200 ve 13.600 adet koçan<sup>-1</sup> değerlerini almışlar ve diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık göstermişlerdir. Diğer taraftan 24 nolu genotip 14.200 adet koçan<sup>-1</sup> değeri almış ve 14.767, 14.400, 14.400, 14.600, 14.333, 14.267 ve 14.633 adet koçan<sup>-1</sup> değerlere sahip 12, 21, 22, 23, 25, 26 ve 28 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu ve bu genotipler hariç diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılığa sahip olduğu kaydedilmiştir. Koçanda sıra sayısının en yüksek olduğu genotip ise 14 nolu genotip olmuş ve diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. En yüksek sıra sayısı bakımından ikinci sırada 17.133 adet koçan<sup>-1</sup> ile 1 nolu genotip yer almış ve 16.933 adet koçan<sup>-1</sup> değerle 18 nolu genotip dışında diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Bir geçiş grubunda yer alan 16 ve 19 nolu genotiplerin 15.867 adet koçan<sup>-1</sup> değere sahip olduğu, 16.200, 16.067 ve 16.000 adet koçan<sup>-1</sup> koçanda sıra sayısı değerlere sahip 11, 20, 30 ve 31 nolu genotiplerle ve 15.733, 15.733 ve 15.600 adet koçan<sup>-1</sup> sıra sayısı ile 4, 6 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu izlenmiştir. Koçanda sıra sayısının 15.200 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlendiği 2 ve 10 nolu genotiplerin 15.133 adet koçan<sup>-1</sup> ile 7 nolu genotip ve 15.233 adet koçan<sup>-1</sup> ile 8 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldığı, 15.067 adet koçan<sup>-1</sup> sıra sayısı ile 5 ve 27 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan 3 ve 17 nolu genotipler 16.400 ve 16.533 adet koçan<sup>-1</sup> değerlerle bir geçiş grubunda yer alırken, 9 ve 29 nolu genotiplerin de 14.933 ve 14.867 adet koçan<sup>-1</sup> değerlerle başka bir geçiş grubunu oluşturduğu saptanmıştır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama koçanda sıra sayısı değerleri 12.567-19.233 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer 15.533 adet koçan<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Koçanda sıra sayısı bakımından en az olan genotip 32 nolu genotip, 12.650 adet koçan<sup>-1</sup> sıra sayısı ile 33 nolu genotiple aynı grupta yer almışlar ve diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu elde edilmiştir. Sıra sayısı en az olarak ikinci grupta yer alan 15 nolu genotip 13.217 adet koçan<sup>-1</sup> ile istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden farklı çıkmış ve tek başına bir grupta yer almıştır. Üçüncü grupta ise 13.800 adet koçan<sup>-1</sup> ile 22 nolu genotip yer almış ve 26 (13.867 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerden farklı çıkmıştır. Başka bir grupta ise 14.367 adet koçan<sup>-1</sup>

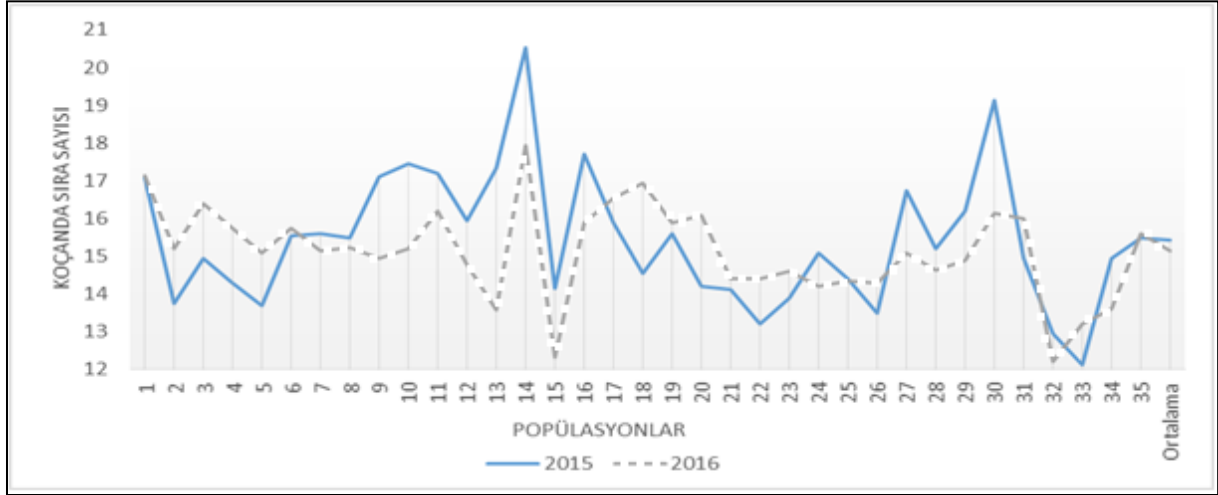
<sup>1</sup> ile 5 ve 25 nolu genotipler ve 14.467 adet koçan<sup>-1</sup> ile de 2 nolu genotip yer almış ve bu genotiplerin istatistiksel anlamda aralarında farklılık gözlenmezken, 21, 23, 24 ve 34 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu görülmüştür. En yüksek koçanda sıra sayısı değeri ise 14 nolu genotipten elde edilmiştir ve istatistiksel olarak tek başına bir grupta yer almıştır. Sıra sayısı en yüksek ikinci sırada yer alan 30 nolu genotipin 17.633 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu ve onun da ayrı bir grupta yer alıp diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu tespit edilmiştir. Üçüncü en çok sıra sayısının elde edildiği koçana ait genotip 17.100 adet koçan<sup>-1</sup> ile 1 nolu genotip olmuş ve 16.783 adet koçan<sup>-1</sup> ile 16 nolu genotiple aynı grupta yer alıp, 17.700 adet koçan<sup>-1</sup> olan 11 nolu genotip dışında diğer genotiplerden önemli derece farklı olduğu kaydedilmiştir. Bir birleri ile bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu görülen 9, 10 ve 17 nolu genotiplerdeki sıra sayısı ise 16.017, 16.333 ve 16.200 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu izlenmiştir. Diğer taraftan 3, 6, 18 ve 19 nolu genotiplerin aynı geçiş grubunda yer aldığı sırasıyla 15.667, 15.633, 15.733 ve 15.733 adet koçan<sup>-1</sup> sıra sayısı aralarında istatistiksel bir fark olmadığı gibi ayrıca 15.900 adet koçan<sup>-1</sup> değere sahip 27 nolu genotiple bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Başka bir geçiş grubunu oluşturan genotiplerin ise 13, 29, 31 ve 35 nolu genotipler olduğu sırasıyla 15.450, 15.533, 15.467 ve 15.533 adet koçan<sup>-1</sup> sıra sayısına sahip oldukları kaydedilmiştir. Koçanda sıra sayısının 15.350 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu görülen 8 ve 12 nolu genotiplerin aynı geçiş grubunda yer aldığı, 7 (15.367 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 20 (15.133 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan 4 (15.000 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 28 (14.917 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin de birbirleri ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu görülmüştür (Çizelge 4.24).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 12'de verilmiştir.

Genotipler ait koçanda sıra sayısı verileri 2015 yılında 2016 yılına nazaran daha fazla olduğu görülmüştür. Sadece 2, 3, 4, 5, 18, 20, 22, 23, 26 ve 33 nolu genotipler bu genellemenin dışına çıkarak 2015 yılı verilerinin 2016 yılı verilerinden düşük olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan 6, 17, 19, 21 ve 31 nolu genotiplere ait koçanda sıra sayısı verileri her iki yılda birbirlerine yakın değerler gösterirken, 1 ve 35 nolu genotiplere ait verilerinin her iki yılda da aynı değerlere sahip olduğu kaydedilmiştir.

Genotipler ve yıllar arasında koçanda sıra sayısının farklılık göstermesi, her bir yıla ait denemenin aynı bölgede yetiştirilmiş olmasına rağmen ekimi yapılan toprak özelliğinin farklılık göstermesi, yağış farklılığından kaynaklanan ekim süresinde ki farklılıklar, parselde

ki bitki sıklığındaki değişikliklerden ve genotiplerin genetik yapısına bağlı olarak değişim gösterdiği düşünülmektedir.



Şekil 4. 12. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda sıra sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma

Koçanda sıra sayısı özelliği, koçanda dane sayısı ve koçan dane verimi özellikleri üzerine doğrudan etkili olmasından dolayı, verim açısından üzerinde önemle durulan bitkisel bir özelliktir. Birçok araştırmacı bu konuyla ilgili çalışmalarda bulunmuşlardır. Babaoğlu (2003) Edirne koşullarında 36 atdışi mısır genotipinde koçanda sıra sayısını 13.8-17.1 adet koçan<sup>-1</sup> olarak elde etmişlerdir. Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinde koçanda sıra sayısı değerini 11.00-15.73adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısırı çeşitlerinin koçanda sıra sayısının 13-17 adet koçan<sup>-1</sup> olduğunu çalışmasında açıklamışlardır.

Vartanlı ve Emekliler (2007) Ankara koşullarında 12 adet hibrit mısır çeşidinde koçanda sıra sayısını 13.8-18.9 adet koçan<sup>-1</sup> belirlemişlerdir. Özmen (2008) farklı lokasyonlarda 17 mısır çeşidi yetiştirmiş ve koçanda sıra sayısını 14.1-17.6 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini gözlemlemiştir. Kuşaksız ve Kuşaksız (2009) Manisa koşullarında 7 melez mısır çeşidinde koçanda sıra sayısını 14.85-18.03 adet koçan<sup>-1</sup> olarak değiştiğini tespit etmişlerdir. Khodarahmpour ve Hamidi (2012) kuraklık stresi uyguladıkları 7 farklı kendilenmiş mısır hattında koçanda sıra sayısını 12.83-13.33 adet koçan olarak gözlemlemiştir. Todorovic ve ark. (2012) yapmış olduğu çalışmada koçanda sıra sayısını kendilenmiş mısır hatlarında 11-17 adet koçan<sup>-1</sup>, hibrit mısırlarda ise 13-15 adet koçan<sup>-1</sup>

olarak tespit etmişlerdir. Budak ve ark. (2013) Ege bölgesinde farklı mısır çeşitlerinin verim değerlerini belirledikleri bu çalışmada koçanda sıra sayısını 14.1-14.2 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Sönmez ve ark. (2013) 6 farklı şeker mısır çeşidinde ortalama koçanda sıra sayısını 16-21 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Zamaninejad ve ark. (2013) farklı dönemlerde su stresi uyguladıkları mısır bitkisinde koçanda sıra sayısını 12.6-13.4adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Seyedzavar ve ark. (2015) farklı su rejimlerinde 14 hibrit mısırdaki koçanda sıra sayısını 14.02-15.28 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. İdikut ve ark. (2015) Kahramanmaraş koşullarında 13 cin mısır genotipinde koçanda sıra sayısının 14-16 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Kharazmshahi ve ark. (2015) farklı ekim zamanlarında 9 hibrit şeker mısırı çeşidinde koçanda sıra sayısını 8-11 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Sharifi ve Namvar (2016) farklı azot dozlarını farklı dönemlerde uyguladıkları mısır çeşidinde koçanda sıra sayısını 15-15.8 adet koçan<sup>-1</sup> olarak değiştiğini bildirmişlerdir. Yılmaz ve Han (2016) Giresun koşullarında 8 mısır çeşidinde koçanda sıra sayısını 14.8-18.13 adet koçan<sup>-1</sup> elde etmişlerdir. Jasim ve Ghanee (2016) farklı dozlarda ve farklı içeriklerde gübre uygulanan cin mısırlarda koçanda sıra sayısı 16.45-20.27 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Pandit ve ark. (2016) 20 mısır genotipinde koçanda sıra sayısını 10-21 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Saygı (2016) Çukurova koşullarında 20 atdışı mısırın verim performanslarını kıyaslamış ve koçanda sıra sayısını 14.7-17.8 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemiştir. Ijaz ve ark. (2017) mısırdaki farklı bitki yoğunluğu durumunda koçanda sıra sayısının 14-14.5 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini tespit etmişlerdir.

Çalışmamızda elde ettiğimiz koçanda sıra sayısı sonuçlarının önceki çalışmalarda elde edilen bulgularla örtüştüğü gözlenmiştir. Ancak çalışmalar arasında gözlenen farklılıkların çeşit, iklim ve uygulama faktörlerinden kaynaklandığı birçok çalışmada da belirtilmiştir.

Yapılan çalışmalarda koçanda sıra sayısının fazla olması, koçanda tane sayısının fazla olmasını ve dolayısıyla da tane verimini etkilediği açıkça ortaya konmuştur (Şekeroğlu ve ark., 2000; Saygı, 2016; Özerkişi, 2016). Koçanda sıra sayısına, bitki büyüme ve gelişmesine etki eden unsurların (Turgut, 2000), mısra uygulanan azot dozu miktarlarının (Yürürdurmaz, 2007) etkilediği ama en fazla etkiye genetik faktörlerin neden olduğu (Kavut ve Soya, 2014) belirtilmiştir.

#### 4. 1. 13. Koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>)

Yerel mısır genotiplerinde koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) özelliğine yönelik 2015, 2016 yılı ve bu yılların birleştirilmiş verilerinin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 25’de, ortalamalar ve Duncan testine göre belirlenen oluşan gruplar Çizelge 4. 26’ da verilmiştir.

Çizelge 4. 25. ‘de görüldüğü gibi, 2015 ve 2016 yıllarına ait verilerinden elde edilen sonuçlara göre koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistiki olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotipler arası farklılık ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri açısından farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu ancak yıl etkisinin istatistiksel olarak önemsiz olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 25. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.25	0.52	2	3.59	0.78	2	0.970	0.38
Genotip	34	30.43	62.44**	34	26.62	5.80**	34	27.362	10.79**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	0.448	0.18
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	2.872	1.13
YılXGenotip	-	-	-	-	-	-	34	29.686	11.70**
Hata	68	0.49	-	68	4.59	-	136	2.537	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 26’ de ki verilere göre, yerel cin mısır genotiplerinin koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) bakımından denemenin 2015 ve 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçan sırasında tane sayısı değerlerinin 34.800-47.100 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 42.867 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçan sırasında tane sayısı bakımından en az olan genotip 9 nolu genotip olmuş ve 35.533 adet koçan<sup>-1</sup>, tane sayısı ile 13 nolu genotipin dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. En yüksek koçan sırasında tane sayısının ise 27 nolu genotipten elde edildiği, 47.067 adet koçan<sup>-1</sup> ile 10 nolu genotiple istatistiksel olarak aralarında fark bulunmamasından dolayı aynı grupta yer aldıkları ve ayrıca 23 nolu genotiple (46.000 adet koçan<sup>-1</sup>) bağlantılı oldukları tespit edilmiştir. Koçan sırasında tane sayısı özelliği yönünden en yüksek dördüncü değere ( 45.267

adet koçan<sup>-1</sup>) sahip olan 25 nolu genotipin 24 nolu genotiple (45.133 adet koçan<sup>-1</sup>) bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu izlenmiştir. Altıncı en yüksek değere sahip olan 44.467 adet koçan<sup>-1</sup> ile 7 ve 16 nolu genotiplerin ise aynı geçiş grubunda yer aldığı kaydedilmiştir. Sırada tane sayısının 43.133 adet koçan<sup>-1</sup> olan 20 nolu genotipin 43.000, 42.800, 42.867, 43.933 ve 43.867 adet koçan<sup>-1</sup> değerlere sahip 15, 18, 29, 30 ve 32 genotiplerle bağlantılı olduğu ve geriye kalan tüm diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu belirlenmiştir. Geçiş grubunu oluşturan başka genotipler ise 1, 3, 6, 31 ve 33 nolu genotipler olmuş ve bunlardan 1, 3, 6 ve 33 nolu olanlar 41.800 adet koçan<sup>-1</sup> tane sayısına sahip olurken 31 nolu genotipin 41.333 adet koçan<sup>-1</sup> değere sahip olduğu anlaşılmıştır. En düşük koçan sırasında tane sayısı bakımından üçüncü sırada 36.600 adet koçan<sup>-1</sup> ile yer alan 11 nolu genotipin 12 (36.800 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 13 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu görülmüştür. İstatistiksel olarak yapılan gruplandırmada 22 nolu genotipi 38.133 adet koçan<sup>-1</sup> değer ile 2, 5, 17, 26, 34 ve 35 nolu genotiplerle (sırasıyla 38.867, 37.933, 38.267, 39.067, 38.467 ve 38.867 adet koçan<sup>-1</sup>) bağlantılı olduğu ancak diğer genotiplerden farklı olduğu tespit edilmiştir. Diğer taraftan 40.467 adet koçan<sup>-1</sup> değere sahip olan 19 ve 28 nolu genotiplerin aynı grupta yer alırken 4 (40.800 adet koçan<sup>-1</sup>), 8 (40.600 adet koçan<sup>-1</sup>), 14 (40.133 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 21 (39.533 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu kaydedilmiştir (Çizelge 4.26).

Araştırmanın ikinci yılında koçan sırasında tane sayısı verilerinin 32.467-45.667 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 43.467 adet koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Koçan sırasında tane sayısı en az olan 24 nolu genotip, en fazla olan ise 4 nolu genotip olmuştur. Bunlardan 24 nolu genotip diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olmakla birlikte ayrı bir grupta yer alırken, 4 nolu genotip 2, 3, 5, 7, 12, 16, 18, 20, 21, 23, 25, 29, 30, 31, 33 ve 34 nolu genotipler (sırasıyla 43.933, 45.400, 43.600, 43.267, 44.467, 45.333, 42.400, 43.133, 42.000, 42.533, 41.733, 43.467, 42.200, 44.667, 41.867 ve 42.867 adet koçan<sup>-1</sup>) hariç diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak farklı çıkmıştır. Koçan sırasında tane sayısı bakımından en düşük ikinci sırada yer alan ve 36.133 adet koçan<sup>-1</sup> değere sahip olan 9 nolu genotipin sırasıyla 36.967, 40.067, 37.667, 37.733, 38.333, 36.533 ve 37.733 adet koçan<sup>-1</sup> değerlere sahip olan 10, 11, 13, 14, 15, 27 ve 35 nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Geçiş grubunda yer alan 25 ve 33 nolu genotiplerin 41.333 adet koçan<sup>-1</sup> ile 8, 41.400 adet koçan<sup>-1</sup> ile 19 ve 41.200 adet koçan<sup>-1</sup> ile 22 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu da ayrıca belirlenmiştir. Geriye kalan 1, 6, 17, 26, 28 ve 32 nolu genotiplerin sırasıyla 40.533, 40.367, 40.667, 40.867, 41.000 ve 40.600 adet koçan<sup>-1</sup> koçan sırasında tane sayısına sahip olarak bir geçiş grubunu oluşturduğu izlenmiştir.

Çizelge 4. 26. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	41.800	GH	40.533	CH	41.167	EK
2	38.867	KL	43.933	AD	41.400	DK
3	41.800	GH	45.400	AB	43.600	AC
4	40.800	HI	<b>45.667</b>	<b>A</b>	43.233	AE
5	37.933	LM	43.600	AD	40.767	HM
6	41.800	GH	40.367	CH	41.083	EL
7	44.467	CE	43.267	AD	43.867	AC
8	40.600	HI	41.333	BF	40.967	FM
9	<b>34.800</b>	<b>P</b>	36.133	I	<b>35.467</b>	<b>P</b>
10	<b>47.067</b>	<b>A</b>	36.967	GI	42.017	CI
11	36.600	NO	40.067	EI	38.333	NO
12	36.800	MN	44.467	AC	40.633	HM
13	35.533	OP	37.667	FI	36.600	OP
14	40.133	IJ	37.733	FI	38.933	LN
15	43.000	FG	38.333	EI	40.667	HM
16	44.467	CE	45.333	AB	<b>44.900</b>	<b>A</b>
17	38.267	KL	40.667	CH	39.467	KN
18	42.800	FG	42.400	AE	42.600	BH
19	40.467	I	41.400	BF	40.933	GM
20	43.133	F	43.133	AD	43.133	AF
21	39.533	IK	42.000	AE	40.767	HM
22	38.133	L	41.200	BF	39.667	JN
23	46.000	AB	42.533	AE	44.267	AB
24	45.133	BD	<b>32.467</b>	<b>J</b>	38.800	MN
25	45.267	BC	41.733	AF	43.500	AD
26	39.067	JL	40.867	CG	39.967	IN
27	<b>47.100</b>	<b>A</b>	36.533	HI	41.817	CJ
28	40.467	I	41.000	CG	40.733	HM
29	42.867	FG	43.467	AD	43.167	AE
30	43.933	DF	42.200	AE	43.067	AG
31	41.733	GH	44.667	AC	43.200	AE
32	43.867	EF	40.600	CH	42.233	BH
33	41.800	GH	41.867	AF	41.833	CJ
34	38.467	KL	42.867	AD	40.667	HM
35	38.867	KL	37.733	FI	38.300	NO
<b>Ortalama</b>	41.239	A	41.147	A	41.193	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

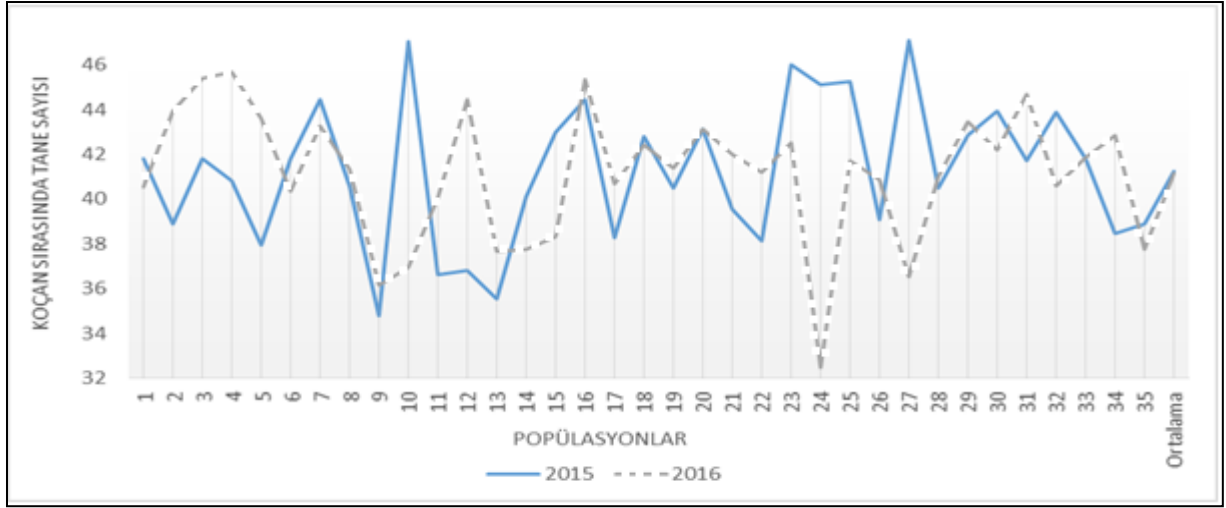
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizi sonucu ortalama koçan sırasında tane sayısı değerleri 35.467-44.900 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer

43.167 adet koçan<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Koçan sırasında tane sayısı bakımından en az olan genotip 9 nolu genotip olup 36.600 adet koçan<sup>-1</sup> ile 13 nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılık göstermiştir. Sırada tane sayısı bakımından en yüksek değer ise 16 nolu genotipten elde edilmiş olup, 3, 4, 7, 20, 23, 25, 29, 30 ve 31 nolu genotiplerin sırasıyla 43.600, 43.233, 43.867, 43.133, 44.267, 43.500, 43.167, 43.067 ve 43.200 adet koçan<sup>-1</sup> değer sahip olarak 16 nolu genotiple bağlantılı oldukları belirlenmiştir. Geçiş grubunu oluşturan genotipler incelendiğinde 11 (38.333 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 35 (38.300 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin aynı geçiş grubunda yer alıp ayrıca 13 nolu genotiple de bağlantılı oldukları görülmüştür. Başka bir geçiş grubunu ise 14, 17, 22, 24 ve 26 nolu genotiplerin (sırasıyla 38.933, 39.467, 39.667, 38.800 ve 39.967 adet koçan<sup>-1</sup>) yer aldığı, 11 ve 35 nolu genotiplerle de bağlantılı oldukları kaydedilmiştir. Koçan sırasında tane sayısı 40.767, 40.967, 40.633, 40.667, 40.933, 40.767, 40.733 ve 40.667 adet koçan<sup>-1</sup> olan sırasıyla 5, 8, 12, 15, 19, 21, 28 ve 34 nolu genotipler bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Diğer taraftan 18 (42.600 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 32 (42.233 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin bir geçiş grubunu, 10 (42.07 adet koçan<sup>-1</sup>), 27 (41.817 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 33 (41.833 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin bir diğer geçiş grubunu, 1 (41.167 adet koçan<sup>-1</sup>), 2 (41.400 adet koçan<sup>-1</sup>) ve 6 (41.083 adet koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin ise başka bir geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.26).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 13'de verilmiştir.

Koçan sırasında tane sayısı genotipler ve yıllar açısından farklılıklar gösterdiği Şekil 4.13'te görülmüştür. Her iki yılda da benzer değerlere sahip olan genotiplerin 1, 6, 7, 8, 9, 16, 18, 19, 20, 26, 28, 29, 33 ve 35 nolu genotipler olduğu belirlenmiştir. Birbirlerine benzerlik gösteren bu genotiplerin iklim ve çevre koşullarına toleranslılığının diğer genotiplere nazaran daha yüksek olabileceği, bu durumun da popülasyonlara ait genetik farklılıklardan kaynaklandığı düşünülmüştür.





Şekil 4. 13. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçan sırasında tane sayısı (adet koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma

Babaoğlu (2003) Edirne’de 36 adet melez ve atdışi mısır kullanarak yaptığı çalışmada mısır genotiplerinin çeşitli agronomik ve teknolojik karakterleri belirlemiş ve bunlardan koçanda sırada tane sayısının 34.6-44.3 adet koçan<sup>-1</sup> olarak tespit ettiklerini bildirmiştir. Özkaynak ve Sabancı (2003) on beş kendilenmiş cin mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinin verim ve verim ile ilgili özellikleri belirlemek amacıyla yaptıkları bu çalışmada koçanda sırada tane sayısını 20.73-42.80 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısırı çeşidinin performansını belirlemeye yönelik yapmış oldukları bu çalışmada koçan sırasındaki tane sayısının 36-46 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Cengiz (2006) melez kombinasyonları ve kendilenmiş mısır hatlarında koçanda sırada tane sayısını 22.7 - 51.0 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Khodarahmpour ve Hamidi (2012) çalışmalarında kuraklık stresi altında yedi farklı kendilenmiş mısır hattında, farklı dönemlerde uygulanan su stresinin verim ve verim bileşenleri üzerine etkilerini belirlemişler ve bunlardan koçan sırasında tane sayısı değerlerinin 11.9-24.3 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiğini bildirmişlerdir. Jasemi ve ark. (2013) mısırdaki ekim zamanının ve azot gübresi uygulamasının tane verimi ve verimle ilgili özellikleri üzerine etkilerini araştırmışlar ve koçanda sırada tane sayısını 41-51.2 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

İdikut ve ark. (2015) çalışmalarında biri kompozit, ikisi yerel çeşit ve on tanesi de Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanmış olan yerel populasyonlar olmak üzere 13 cin mısır genotipinin Kahramanmaraş koşullarında iki yıl süreyle tarımsal özelliklerini incelemişler ve koçanda sırada tane sayısını 29-41 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Hafez ve Abdelaal

(2015) çalışmalarında farklı azot dozlarının bazı hibrit mısır çeşitlerinde büyüme, verim ve tanede kalite özellikleri üzerine etkilerini araştırmışlar ve koçanda tane sayısını 42.5-48.1 adet koçan<sup>-1</sup> olarak tespit etmişlerdir. Sayedzavar ve ark. (2015) farklı su rejimlerinde (susuz stres, orta sulu stres ve aşırı sulu stres) 14 farklı hibrit mısırdaki meydana gelebilecek morfolojik özellikler ve verim bileşenlerinde ki farklılıkları araştırmışlar ve bunu sonucunda koçanda sırada tane sayısını 41.68-42.69adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Yılmaz ve Han (2016) çalışmalarında Giresun ekolojik koşullarında sekiz mısır çeşidinin verim ve verim öğelerini araştırmışlar, koçanda sırada tane sayısını 32.73-37.4 adet koçan<sup>-1</sup> olduğunu tespit etmişlerdir. Sharifi ve Namvar (2016) azot uygulama zamanının ve uygulanan azot miktarının mısır bitkisinde koçanda sırada tane sayısının 24.7-32.2 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişmesine neden olduğunu gözlemlemişlerdir. Jasim ve Ghanee (2016) farklı dozlarda üre ve sülfür içerikli gübre uygulamalarının cin mısırının koçanda sırada tane sayısının 38.5-46.7 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değişmesine neden olduğunu bildirmişlerdir. Pandit ve ark. (2016) 20 mısır genotipinde koçanda sırada tane sayısını 12.78-29.50 adet koçan<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Saygı (2016) Çukurova koşullarında 20 atdişi mısır çeşidinde koçanda sırada tane sayısını 38.5-44.5 adet koçan<sup>-1</sup> tespit etmişlerdir.

Çalışmamızda elde ettiğimiz koçanda sırada tane sayısı sonuçlarının önceki çalışmalarda elde edilen bulgularla büyük oranda örtüştüğü gözlenmiştir. Ancak çalışmalar arasında gözlenen farklılıkların bitki büyüme ve gelişmesine etki eden unsurların (Turgut, 2000), mısra uygulanan azot dozu miktarlarının (Yürürdurmaz, 2007) ve genetik faktörlerinin etkili olduğu anlaşılmaktadır (Kavut ve Soya, 2014).

#### **4. 1. 14. Koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>)**

Araştırmamızda yerel cin mısır genotiplerinde incelediğimiz koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) özelliğine yönelik 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerinin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 29' da, uygulamalara ait ortalama değerler ve oluşan gruplar Çizelge 4. 30' da verilmiştir.

Çizelge 4. 27' da görüldüğü gibi, birinci ve ikinci yıl verilerinden elde edilen sonuçlara göre koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotipler, yıllar ve yıl x genotip interaksyonu faktörleri açısından farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 27. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	2.51	0.74	2	15.58	2.02	2	13.115	2.36
Genotip	34	1049.09	310.61**	34	498.86	64.63**	34	806.506	145.19**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	107.229	19.30**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	4.838	0.87
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	34	741.632	133.51**
Hata	68	3.38	-	68	7.72	-	136	5.555	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 28' da ki verilere göre, koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) bakımından denemenin 2015 yılı, 2016 yılı ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde koçanda tane ağırlığı değerlerinin 61.773-162.600 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 79.733 g koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçanda tane ağırlığı bakımından en az olan genotip 5 nolu genotip olup 21 nolu genotipte 63.580 g koçan<sup>-1</sup> ile bağlantılı olduğu gözlenmiştir. Koçanda tane ağırlığı bakımından en düşük değeri üçüncü sırada alan 9 nolu genotipin 66.353 g koçan<sup>-1</sup> ağırlığına sahip olduğu ve 2 (66.980 g koçan<sup>-1</sup>) ve 21 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Diğer başka bir grup incelendiğinde ise koçanda tane ağırlığı bakımından 3, 4, 15, 18, 24 ve 31 nolu genotiplerin sırasıyla 74.560, 73.620, 73.413, 75.667, 76.253 ve 74.593 g koçan<sup>-1</sup> değerlerini alarak istatistiksel olarak aralarında farkın önemsiz olduğu ancak diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği anlaşılmıştır. En yüksek koçanda tane ağırlığı 11 nolu genotipten elde edilirken istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden farklı bulunmuştur. Tane ağırlığının en yüksek olduğu ikinci genotip ise 107.153 g koçan<sup>-1</sup> ile 12 nolu genotip olmuş, 20, 22, 23, 26, 32 ve 35 nolu genotiplerin sırasıyla 106.620, 104.513, 104.007, 106.013, 103.813 ve 105.973 g koçan<sup>-1</sup> değerini alarak 12 nolu genotiple bağlantılı olduğu görülmüştür. Diğer genotipler incelendiğinde 79.733 g koçan<sup>-1</sup> ile 29 nolu genotip bir grupta, 83.113 g koçan<sup>-1</sup> ile 8 nolu genotip başka bir grupta yer almış ve 81.080 g koçan<sup>-1</sup> ile 28 nolu genotipin bu iki grup arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir. Başka bir grupta yer alan 7 nolu genotip 86.713 g koçan<sup>-1</sup> değerini alırken diğer bir grupta yer alan 19 nolu genotip te 89.867 g koçan<sup>-1</sup> değerini almış ve 88.667 g koçan<sup>-1</sup> ile 6 nolu genotipin her iki gruba bağlantılı bulunurken, 13 nolu (91.867 g koçan<sup>-1</sup>) genotipin sadece 19 nolu genotiple bağlantılı olduğu görülmüştür. Diğer geçiş grupları incelendiğinde, 14 ve 30 nolu genotiplerin 94.200 ve 93.427 g koçan<sup>-1</sup> ile bir

geçiş grubunda, 16, 25 ve 34 nolu genotiplerin sırasıyla 96.227, 94.907 ve 95.987 g koçan<sup>-1</sup> ile başka bir geçiş grubunda yer aldığı kaydedilmiştir. Geriye kalan 1 (97.593 g koçan<sup>-1</sup>), 10 (102.047 g koçan<sup>-1</sup>), 17 (103.233 g koçan<sup>-1</sup>), 27 (99.553 g koçan<sup>-1</sup>) ve 33 (101.673 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin ise birbirleri ile bağlantılı geçiş gruplarını oluşturduğu izlenmiştir (Çizelge 4.28).

Araştırmanın ikinci yılında koçanda tane ağırlığı verilerinin 64.767-115.300 g koçan<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 104.633 g koçan<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Koçanda tane ağırlığı bakımından en düşük değer 15 nolu genotipten elde edilirken, 65.567 g koçan<sup>-1</sup> ile 10 nolu genotipten ikinci en düşük değer elde edilmiştir. Bu genotiplere ait verilerin istatistiksel olarak farklılık göstermemesi nedeniyle de aynı grupta yer aldığı görülmüştür. En düşük tane ağırlığı bakımından üçüncü sırada 72.667 g koçan<sup>-1</sup> ile 9 nolu genotip yer almış, 11 ve 30 nolu genotiplerin de 74.500 ve 73.567 g koçan<sup>-1</sup> değerler alarak aynı grupta yer aldıkları ve istatistiksel olarak diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Diğer taraftan 81.000 g koçan<sup>-1</sup> ile 4 nolu genotipin 2, 13, 14, 24 ve 28 nolu genotiplerin dışındaki genotiplerle yüksek varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Bir geçiş grubunda yer alan 8 (87.200 g koçan<sup>-1</sup>) ve 33 (86.900 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin de 13, 14, 24 ve 25 (88.933 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Başka bir geçiş grubunda ise 6 ve 21 nolu genotiplerin 92.467 ve 93.167 g koçan<sup>-1</sup> ile yer aldığı ve 25 nolu genotiple bağlantılı olduğu izlenmiştir. Koçanda tane ağırlığının en yüksek değeri 3 nolu genotipten elde edilmiş ve bu genotipin 113.633 g koçan<sup>-1</sup> değere sahip 334 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu gözlenmiştir. Tane ağırlığı bakımından geçiş grubunda yer alan 97.067 g koçan<sup>-1</sup> ile 20 nolu genotipin 1, 5, 16, 18, 23, 26 ve 31 nolu genotiplerle (sırasıyla 96.300, 96.000, 96.667, 94.500, 95.400, 96.100 ve 95.467 g koçan<sup>-1</sup>) bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir. En yüksek tane ağırlığını üçüncü sırada yer alan 110.400 g koçan<sup>-1</sup> ile 7 nolu genotipin, 107.367 g koçan<sup>-1</sup> ile 17 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Başka bir geçiş grubunda ise 27 ve 35 nolu genotipler sırasıyla 98.933 ve 101.600 g koçan<sup>-1</sup> değeri ile yer almıştır. Geriye kalan genotiplerden, 103.600 g koçan<sup>-1</sup> ile 19 nolu genotip 12, 22, 29 ve 32 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu ve bu genotiplerin sırasıyla 104.700, 105.367, 104.633 ve 105.267 g koçan<sup>-1</sup> değerlerini aldığı tespit edilmiştir.

Çizelge 4. 28.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	97.593	FG	96.300	HI	96.937	GI
2	66.980	O	82.400	LM	74.700	R
3	74.560	N	<b>115.300</b>	<b>A</b>	94.937	IJ
4	73.620	N	81.000	M	77.300	QR
5	<b>61.773</b>	<b>Q</b>	96.000	HI	78.883	Q
6	88.667	JK	92.467	IJ	90.563	LM
7	86.713	K	110.400	BC	98.563	FH
8	83.113	L	87.200	KL	85.150	N
9	66.353	OP	72.667	N	<b>69.510</b>	<b>S</b>
10	102.047	DE	<b>65.567</b>	<b>O</b>	83.813	NO
11	<b>162.600</b>	<b>A</b>	74.500	N	<b>118.543</b>	<b>A</b>
12	107.153	B	104.700	DE	105.933	B
13	91.647	IJ	85.000	KM	88.313	M
14	94.200	HI	83.900	KM	89.043	M
15	73.413	N	<b>64.767</b>	<b>O</b>	<b>69.097</b>	<b>S</b>
16	96.227	GH	96.667	HI	96.447	HI
17	103.233	CD	107.367	CD	105.313	B
18	75.667	N	94.500	HI	85.090	N
19	89.867	J	103.600	DF	96.740	GI
20	106.620	BC	97.067	GI	101.837	CE
21	63.580	PQ	93.167	IJ	78.373	Q
22	104.513	BD	105.367	DE	104.947	B
23	104.007	BD	95.400	HI	99.700	EG
24	76.253	N	83.833	KM	80.050	PQ
25	94.907	GH	88.933	JK	91.907	KL
26	106.013	BC	96.100	HI	101.073	DF
27	99.553	EF	98.933	FH	99.263	EH
28	81.080	LM	82.900	LM	81.983	OP
29	79.733	M	104.633	DE	92.177	JL
30	93.427	HI	73.567	N	83.510	NO
31	74.593	N	95.467	HI	85.040	N
32	103.813	BD	105.267	DE	104.550	BC
33	101.673	DE	86.900	KL	94.280	IK
34	95.987	GH	113.633	AB	104.800	B
35	105.973	BC	101.600	EG	103.797	BD
<b>Ortalama</b>	91.062	B	92.491	A	91.777	

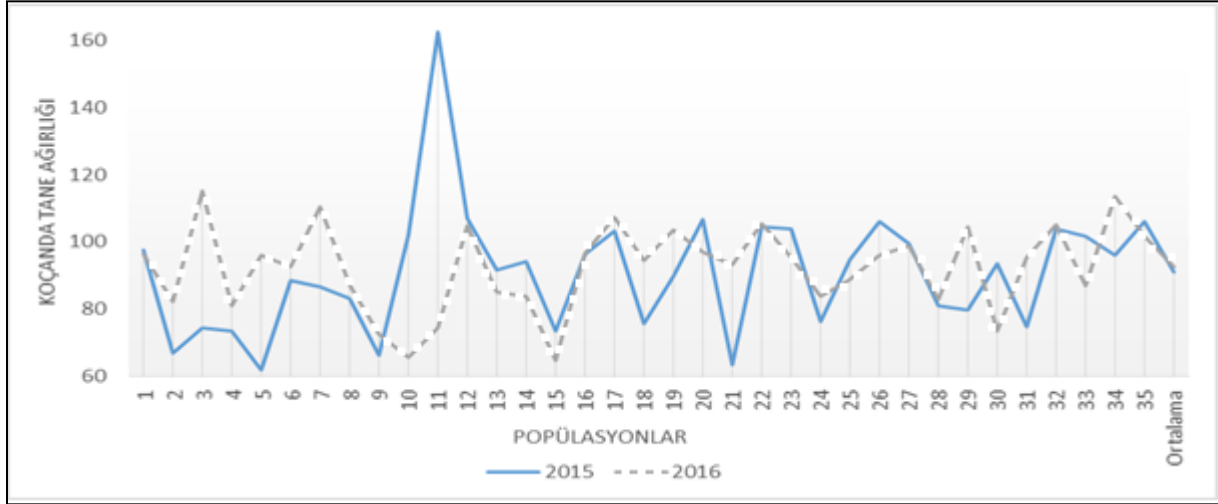
Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama koçanda tane ağırlığı değerleri 69.097-118.543 g koçan<sup>-1</sup> arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer

92.177 g koçan<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Koçanda tane ağırlığı bakımından en az olan genotip 15 nolu genotip, ikinci en az değer ise 69.510 g koçan<sup>-1</sup> ile 9 nolu genotip olmuş ve birbirleri arasında istatistik anlamda farklılık gözlenmezken, diğer tüm genotiplerden önemli farklılık göstermiştir. Üçüncü en az değere sahip olan genotipte 74.700 g koçan<sup>-1</sup> ile 2 nolu genotip olmuş ve 77.300 g koçan<sup>-1</sup> ağırlığa sahip 4 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerden önemli derecede farklı olduğu kaydedilmiştir. Koçanda tane ağırlığı bakımından azdan çoğa doğru sıraladığımızda 4 nolu genotipten sonra yer alan 21 nolu genotipin 78.373 g koçan<sup>-1</sup> değere sahip olduğu ve 78.883 g koçan<sup>-1</sup> ile 5 nolu genotiple aynı grupta yer alırken 4 ve 24 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu izlenmiştir. Diğer bir grup incelendiğinde 85.150, 85.090 ve 85.040 g koçan<sup>-1</sup> tane ağırlığına sahip 8, 18 ve 31 nolu genotiplerin istatistiksel olarak aralarında farklılığın olmadığı ancak 83.813 ve 83.510 g koçan<sup>-1</sup> ağırlığa sahip 10 ve 30 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan 81.983 g koçan<sup>-1</sup> ile 28 nolu genotipin de 10, 24 ve 30 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Tane ağırlığı yönünden değerlendirilen genotiplerden 13 (88.313 g koçan<sup>-1</sup>) ve 14 (89.043 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerin istatistiksel olarak birbirlerinden farksız olduğu ve 6 (90.563 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotip dışında diğer genotiplerle önemli farklılığa sahip oldukları gözlenmiştir. Koçanda tane ağırlığı en yüksek olarak 11 nolu genotip kaydedilmiştir. Ancak tane ağırlığı en yüksek ikinci sırada yer alan genotipin 105.933 g koçan<sup>-1</sup> 12 nolu genotip olduğu ve 17 (105.313 g koçan<sup>-1</sup>), 22 (104.947 g koçan<sup>-1</sup>) ve 34 (104.800 g koçan<sup>-1</sup>) nolu genotiplerle istatistiksel olarak aynı grupta, 32 ve 35 nolu genotiplerle de bağlantılı oldukları belirlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 27 nolu genotip 99.263 g koçan<sup>-1</sup> değeri almış ve 98.563 ve 99.700 g koçan<sup>-1</sup> değerleri alan 7 ve 23 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluştururken, 96.447 g koçan<sup>-1</sup> değeri alan 16 nolu genotipin 96.937 ve 96.740 g koçan<sup>-1</sup> değerlerle 1 ve 19 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları gözlenmiştir. Diğer bir geçiş grubunu ise 3, 25, 29 ve 33 nolu genotipler oluşturmuş ve sırasıyla 94.937, 91.907, 92.177 ve 94.280 g koçan<sup>-1</sup> değerlerini almışlardır. Son olarak 20 ve 26 nolu genotiplerinin de 101.837 ve 101.073 g koçan<sup>-1</sup> değerlerle başka bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.28).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 14'te verilmiştir. Denemede genotiplere ait koçanda tane ağırlığı verilerinin yıllara göre farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Koçanda tane ağırlığı verileri incelendiğinde elde edilen değerlerin 2016 yılında 2015 yılına nazaran daha yüksek olduğu, 6,

8, 9, 12, 17 ve 24 nolu genotiplerin her iki yılda da birbirlerine yakın değerler alırken, 1, 16, 22, 27, 28 ve 32 nolu genotiplerin aynı değerlere sahip olduğu kaydedilmiştir.



Şekil 4. 14. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane ağırlığı (g koçan<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma

Koçanda tane ağırlı verileri genetik faktörlerden önemli ölçüde değişiklik göstermekle birlikte iklim, çevre, bakım uygulamaları ve ekim sıklığı gibi faktörlerden de etkilenmektedir. İlk yıl verilerinin daha düşük ve dalgalanmanın daha fazla olmasının sebebi olarak 2015 yılında ekim zamanının geç olması ile çiçeklenme süresinin daha kısa sürmesi, ekimi yapılan toprak özelliğinin ikinci yıla nazaran daha kumsal olması olabileceği düşünülmektedir.

Koçanda tane ağırlığı tane mısır yetiştiriciliğinde verime etki eden en önemli faktör olduğu bilinmektedir (Mani ve Dadari, 2003). Bu sebeple birçok araştırmacı yapmış oldukları çalışmalarda koçanın tane ağırlığı üzerine özellikle odaklanılmıştır.

Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş cin mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinde 24.10-73.74g koçan<sup>-1</sup>; Ayrancı ve Sade (2004) Konya koşullarında 14 atdışı mısırdaki 134.66-242.33 g koçan<sup>-1</sup>; Tekkanat ve Soylu (2005) 12 farklı cin mısırdaki çeşidinin verim parametrelerinin incelediği çalışmada koçanda tane ağırlığının 81-146 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Konuşkan (2006) Çukurova koşullarında 6 kendilenmiş mısır hattı ve bunların 30 F<sub>1</sub> melez mısır popülasyonlarında 56.7-132.8 g koçan<sup>-1</sup>; Gökmen ve ark. (2007) 12 farklı tek melez cin mısır hatlarında koçanda tane ağırlığının 54-111 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini tespit etmişlerdir.

Storck ve ark. (2007) koçanda tane ağırlığını 177.5-224.4 g koçan<sup>-1</sup>; Gözübenli ve ark. (2007) Hatay koşullarında farklı mısır genotiplerinde 171.2- 219.2 g koçan<sup>-1</sup>; Cömertpay (2008) 20 adet yerel atdişi mısır popülasyonlarında 14-246 g koçan<sup>-1</sup>; Özsisli (2010) Kahramanmaraş koşullarında I. ve II. ürün olarak yetiştirilen farklı mısır çeşitlerinde 179.13-200.13 g koçan<sup>-1</sup>; Özkan ve Ülger (2011) farklı mısır çeşitlerinde yaptığı araştırmada koçanda tane ağırlığını 70-93 g koçan<sup>-1</sup> arasında kaydetmişlerdir.

Gönülal (2013) Konya koşullarında su stresi uyguladıkları Sakarya hibrit mısır çeşidinde 172.45-142.43 g koçan<sup>-1</sup>; Sönmez ve Kınacı (2014) İç Anadolu bölgesinde buğday ve kanoladan sonra farklı at dişi mısır yetiştirmiş ve koçanda tane ağırlığının 212-237 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Çakar (2015) Tokat koşullarında 15 adet tek melez atdişi mısır çeşidinin performansı değerlendirmiş ve koçanda tane ağırlığını 132.0-288.1 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmiştir. Kahraman ve ark. (2015) Diyarbakır koşullarında tek melez mısır genotiplerinde 102-186 g koçan<sup>-1</sup>; Uwah ve ark. (2016) farklı dozlarda kanatlı gübresi uygulamasında 3 farklı mısır çeşidinde 22.91-41.62 g koçan<sup>-1</sup>; Topal (2016) Çukurova koşullarında ticari 4 atdişi mısır çeşidini ana ürün koşullarında yetiştirmiş ve koçanda tane ağırlığı değerini 224.8-236.2 g koçan<sup>-1</sup>; Ijaz ve ark. (2017) mısırdaki farklı bitki yoğunluğunun koçanda tane ağırlığını 103.40-156.29 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiştiğini tespit etmişlerdir.

Araştırmamızda elde ettiğimiz sonuçlar cin mısır üzerine yapılmış olan önceki çalışmalarla uyumlu bulunmasına karşı farklı mısır varyetelerinde farklı sonuçların elde edildiği görülmüştür. Çiçeklenme döneminde karbonhidrat birikiminin tane verimine, tane sayısına ve dolayısıyla da koçanda tane ağırlığına etki ettiğini ve çiçeklenme döneminde bitki gelişiminin azaltıcı uygulamaların koçan tane ağırlığı üzerine etkisi atdişi mısıra göre cin mısırdaki daha az olduğunu (Severini ve ark., 2011) ancak cin mısırın potansiyel tane ağırlığının atdişi mısırdan daha düşük olduğunu bildirmiştir (Severini ve ark., 2017). Ayrıca genotip farklılığının (Aliu ve ark., 2012), ekim sıklığının (Bruns ve Abbas, 2002), ekim zamanının, bakım işlemlerinin (Uwah ve ark., 2016), stres koşullarının (Gönülal, 2013), çevre ve iklim koşullarının tane ağırlığını etkilediği belirlenmiştir. Gökmen ve ark. (2001) koçan tane ağırlığı özelliğinin bitki ekim sıklığından ve farklı azot dozu uygulamalarından olumlu olarak etkilendiğini kaydetmişlerdir. Adeleye ve Ayeni (2010) çalışmalarında toprak işleme yönteminin ve bitki ekim yoğunluğunun koçanda tane ağırlığını etkilediğini bildirmişlerdir.



#### 4. 1. 15. Koçanda tane oranı (%)

Araştırmamızda farklı yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 yılları ve her iki yılın birleştirilmiş verilerinde koçanda tane oranı (%) özelliğine yönelik varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 29' de, ortalamalar ve Duncan analizine göre genotiplerin yer aldığı grupları Çizelge 4. 30' de verilmiştir.

Çizelge 4. 29. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.03	0.27	2	8.83	1.99	2	3.944	1.74
Genotip	34	12.14	113.28**	34	11.60	2.62**	34	17.935	7.90**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	366.247	161.24**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	4.876	2.15
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	5.763	2.54**
Hata	68	0.11	-	68	4.43	-	136	2.271	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 29'da görüldüğü gibi, 2015 ve 2016 yılları verilerinden elde edilen sonuçlara göre tane oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri açısından farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 30' da ki verilere göre, tane oranı (%) bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde tane oranı değerlerinin % 81.070-89.585 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 82.066 olduğu belirlenmiştir. Buna göre koçanda tane oranı bakımından en az olan genotip 25 nolu genotip olmuş, % 81.508 ile 15 nolu genotiple ve % 81.584 ile 16 nolu genotiple bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Tane oranının en düşükten itibaren üçüncü grubunu oluşturan genotipler 18, 19 ve 28 nolu genotipler olmuş ve sırasıyla % 81.735, 81.723 ve 81.825 değerlerini alarak geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Ayrıca bu grup % 82.051, 81.949 ve 82.066 değerlere sahip olan 11, 24 ve 29 nolu genotiplerle de bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Başka bir grupta % 82.670 ve % 82.784 oranıyla 1 ve 9 nolu genotipler istatistiksel olarak aralarında fark bulunmamasından dolayı aynı grupta yer almışlar ve 2 (% 82.558), 3 (% 82.459), 13 (%

82.296) ve 30 (% 82.259) nolu genotipler haricinde diğer genotiplerden önemli düzeyde farklılık göstermişlerdir. Diğer taraftan 14 ve 31 nolu genotipler % 83.462 ve % 83.397 tane oranıyla istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve % 83.857, % 83.666 ve % 83.586 tane oranıyla 4, 8 ve 21 nolu genotiplerle de bağlantılı görülmüştür. En yüksek koçanda tane oranı 23 nolu genotipte gözlenirken, bu genotipin istatistiksel anlamda diğer tüm genotiplerden önemli derecede farklılık gösterdiği anlaşılmıştır. Tane oranı en yüksek ikinci sırada % 87.310 tane oranıyla yer alan 20 nolu genotip, istatistiksel anlamda 33 (% 86.938) nolu genotip dışında diğer tüm genotiplerden farklılık oluşturmuştur. Diğer bir genotip olan 35 nolu genotip te % 86.201'lik tane oranıyla hem 5 (% 86.605) nolu genotiple hem de 10 (% 85.887) nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir. Başka bir geçiş grubunda yer alan 7 nolu genotipin (% 85.344), 6, 16, 22 ve 32 nolu genotiplerle (sırasıyla % 85.598, 85.131, 85.528 ve 85.086) bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan 12, 17, 27 ve 34 nolu genotipler kendi aralarında bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlar ve sırasıyla % 84.413, 84.116, 84.894 ve 84.205 tane oranına sahip olmuşlardır (Çizelge 4.30).

Araştırmanın ikinci yılında koçanda tane oranı verilerinin % 77.300-84.733 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 81.000 olduğu belirlenmiştir. Koçanda tane oranı bakımından en az olan genotip 18 nolu genotip olduğu, tane oranı en çok olan genotipin ise 6 nolu genotip olup, % 84.700 ile 39 nolu genotipinde aynı grupta yer alıp istatistiksel olarak aralarında fark olmadığı belirlenmiştir. Koçanda tane oranı yönünden 18 nolu genotipin sırasıyla % 82.300, 84.733, 82.267, 81.733, 82.600, 84.633, 82.333, 82.267, 82.833, 82.800, 82.900, 84.567, 84.700 ve 83.500 tane oranına sahip olan 1, 6, 7, 10, 11, 19, 20, 22, 23, 27, 32, 33, 34 ve 35 nolu genotiplerden istatistiki farklılık oluşturduğu, diğer % 78.867, 78.900, 80.267, 80.367, 78.700, 80.333, 78.200, 79.233, 80.467, 79.500, 80.133, 79.167, 79.800 ve 79.967 tane oranı değerleri ile 2, 4, 5, 8, 9, 13, 15, 16, 24, 25, 26, 28, 30 ve 31 nolu genotiplerle arasında bağlantılı geçiş gruplarını oluşturduğu, 3, 12, 14, 17, 21 ve 29 nolu genotiplerin sırasıyla % 81.200, 81.467, 80.567, 81.200, 81.067 ve 81.000 tane oranıyla iki farklı grupta toplanan genotiplerin ortasında yer alarak geçiş grubunu oluşturduğu görülmüştür (Çizelge 4.30).

Çizelge 4. 30.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş koçanda tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

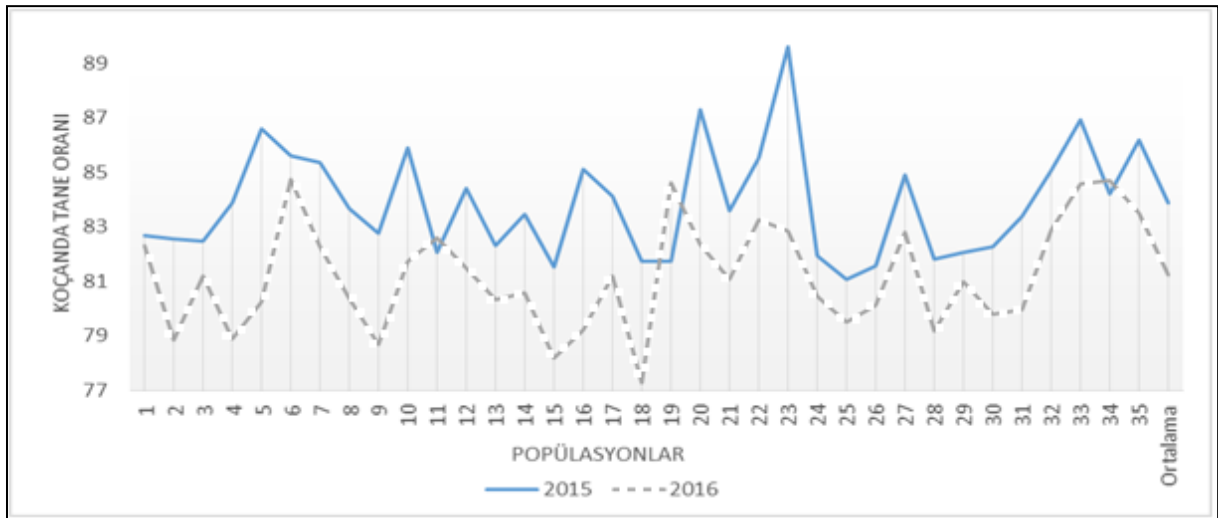
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	82.670	N	82.300	AG	82.483	EM
2	82.558	NO	78.867	FH	80.717	LP
3	82.459	NO	81.200	AH	81.818	HO
4	83.857	JM	78.900	FH	81.392	IP
5	86.605	CD	80.267	DH	83.432	CI
6	85.598	FG	<b>84.733</b>	<b>A</b>	85.172	AC
7	85.344	FH	82.267	AG	83.805	BH
8	83.666	KM	80.367	CH	82.013	GN
9	82.784	N	78.700	FH	80.755	LP
10	85.887	EF	81.733	AG	83.825	BH
11	82.051	OQ	82.600	AF	82.328	FN
12	84.413	IJ	81.467	AH	82.953	DK
13	82.296	NP	80.333	DH	81.305	JP
14	83.462	M	80.567	AH	82.012	GN
15	81.508	QR	78.200	GH	79.863	OP
16	85.131	GH	79.233	EH	82.177	GN
17	84.116	JL	81.200	AH	82.655	EL
18	81.735	PQ	<b>77.300</b>	<b>H</b>	<b>79.525</b>	<b>P</b>
19	81.723	PQ	84.633	AB	83.172	CJ
20	87.310	B	82.333	AG	84.832	AD
21	83.586	LM	81.067	AH	82.323	FN
22	85.528	FG	83.267	AE	84.388	AF
23	<b>89.585</b>	<b>A</b>	82.833	AF	<b>86.205</b>	<b>A</b>
24	81.949	OQ	80.467	BH	81.218	JP
25	<b>81.070</b>	<b>R</b>	79.500	DH	80.265	NP
26	81.584	QR	80.133	DH	80.845	KP
27	84.894	HI	82.800	AF	83.857	BH
28	81.825	PQ	79.167	EH	80.507	MP
29	82.066	OQ	81.000	AH	81.528	IP
30	82.259	NP	79.800	DH	81.033	KP
31	83.397	M	79.967	DH	81.695	IO
32	85.086	GH	82.900	AF	83.993	BG
33	86.938	BC	84.567	AC	85.745	AB
34	84.205	JK	<b>84.700</b>	<b>A</b>	84.452	AE
35	86.201	DE	83.500	AD	84.853	AD
<b>Ortalama</b>	83.868	A	81.226	B	82.547	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama koçanda tane oranı değerleri % 79.525-86.205 arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer % 81.528

olarak elde edilmiştir. Koçanda tane oranı bakımından en az olan genotipin 18 nolu genotip olduğu belirlenirken, bu genotipin istatistiksel olarak % 80.717, 81.392, 80.755, 81.305, 79.863, 81.218, 80.265, 80.845, 80.507, 81.528 ve 81.033 tane oranına sahip 2, 4, 9, 13, 15, 24, 25, 26, 28, 29 ve 30 nolu genotipler dışında diğer tüm genotiplerle aralarında önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. En fazla tane oranına sahip olan 23 nolu genotipin ise 6, 20, 22, 33, 34 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu ancak diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak önemli varyasyona sahip olduğu anlaşılmıştır. Tane oranı değerleri % 83.805, 83.825 ve 83.857 olarak belirlenen 7, 10 ve 27 nolu genotiplerin aynı geçiş grubunda yer alarak birbirlerinden farksız oldukları ve ayrıca % 83.993 tane oranına sahip 32 nolu genotiple bağlantılı oldukları tespit edilmiştir. Diğer bir geçiş grubu incelendiğinde 11 ve 21 nolu genotiplerin % 82.328 ve 82.323 koçanda tane oranı ile aynı geçiş grubunda yer aldıkları, 8 (% 82.013), 14 (% 82.012) ve 16 (% 82.177) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları belirlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 1 (% 82.483) nolu genotipin 17 (% 82.655) nolu genotiple, 19 (% 83.172) nolu genotipin 5 (% 83.432) ve 12 (% 82.953) nolu genotiplerle, 3 (% 81.818) nolu genotipin ise 31 (% 81.695) nolu genotiple bağlantılı olduğu kaydedilmiştir (Çizelge 4.30).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 15’de verilmiştir.



Şekil 4. 15. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında koçanda tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Şekil 4.15'te görüldüğü üzere koçanda tane oranı özelliği bakımından genotiplerin yıllara göre farklılık göstermiştir. Ancak 1, 11 ve 34 nolu genotiplerin iki yıllık verilerde birbirlerine yakın değerlere sahip oldukları kaydedilmiştir. Genel itibari ile 2015 yılı verilerininin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu belirlenmesine karşın 19 nolu genotipe ait koçanda tane oranı 2016 yılında daha yüksek olarak elde edilmiştir.

Koçanda tane oranı genotipe, bitki sıklığına, bitkinin su ve nem durumuna, iklime, toprak yapısı ve besin içeriğine bağlı olarak değişiklik göstermektedir. İlk yıl denememizin yağışın çok olması ve zamanında ekim yapılamaması, ekimden sonra bitkilerin dolu yağışı nedeniyle zarar görerek parseldeki bitki sayısının azalması, toprak yapısının daha kumlu olması ve toprak tavının daha iyi olması nedeniyle bitkilerin kök yapısının daha çok gelişerek topraktaki besin içeriğinden daha iyi yararlanması, bitki sıklığının 2016 yılına nazaran daha düşük olması ile hem güneşlenmenin daha fazla olmasıyla kuru madde içeriğinin artışı hem de topraktan alınan bitki başına düşen besin içeriğinin daha fazla olmasının tane oranında artışa sebep olabileceği sonucuna varılmıştır.

Öz ve Kapar (2003a) Karadeniz bölgesinde yetiştirdiği hibrit mısır çeşitlerinde tane oranını % 80.0-85.1; Öz ve Kapar (2003b) Samsun ilinde yetiştirdiği 12 çeşit ve çeşit adayı mısır genotiplerinde tane oranını % 80.78-85; Kapar ve Öz (2006) Samsun merkez, Bafra ve Amasya lokasyonlarında 27 adet tek melez mısır çeşidinde tane oranını % 77-85 arasında değişiklik gösterdiğini kaydetmiştir. Karaşahin ve Sade (2011) 3 farklı sulama yöntemi ile 3 farklı olgunlaşma grubundan 3 farklı çeşidi 4 farklı ekim sıklığı ile yetiştirilen mısırdaki tane oranının % 83-84 arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Özkan ve Ülger (2011) Çukurova koşullarında 2 farklı cin mısır çeşidinde farklı azot dozu uygulamaları neticesinde tane oranının % 79-83 arasında değiştiği belirtmişlerdir. İdikut ve ark. (2015) koçanda tane oranı % 72-83 olarak elde etmişlerdir. Kahraman ve ark. (2015) tek melez mısır genotiplerinde tane oranını % 73.4-87.9 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

İdikut ve ark. (2015) tane oranı üzerine genotipler arası farklılığın önemli olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca tane oranı üzerine ekolojik koşullar, ekim zamanı, bitki sıklığı, azot uygulaması, toprak işleme ve diğer tüm kültürel işlemler etkili olduğu yapılan çalışmalar neticesinde saptanmıştır (Gökmen ve ark., 2001; Bruns ve Abbas, 2002; Adeleye ve Ayeni, 2010; Özkan ve Ülger, 2011). Bizim elde ettiğimiz sonuçlarımızın ise önceki çalışmalarla benzerlik göstermektedir.

#### 4. 1. 16. Tane verimi (kg da<sup>-1</sup>)

Araştırmamızda incelediğimiz tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 31’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 32’de verilmiştir.

Çizelge 4. 31 incelendiğinde, 2015 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1, bloklar arası farklılık % 5 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İkinci yıla ait verilerde genotipler arası farklılık istatistikî olarak önemli bulunmuştur (p<0.01). İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksyonu faktörleri arası farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 31. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	131.78	4.12*	2	174.54	0.36	2	241.385	0.93
Genotip	34	21761.67	679.58**	34	80216.75	164.78**	34	54476.937	210.00**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	3892931.507	15006.3**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	64.935	0.25
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	34	47501.480	183.11**
Hata	68	32.02	-	68	486.82	-	136	259.420	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 32 incelendiğinde ise, tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) bakımından denemenin 2015 yılı, 2016 yılı ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmamızın birinci yılı verilerinde tane verimi değerlerinin 380.477-725.163 kg da<sup>-1</sup> arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 493.270 kg da<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Buna göre tane verimi en fazla olan genotipin 27 nolu genotip olduğu ve istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden önemli farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Tane verimi bakımından en yüksek ikinci değer 715.820 kg da<sup>-1</sup> ile 25 nolu genotip olmuş ve 712.210 kg da<sup>-1</sup> ile 10 nolu genotiple aralarında istatistikî hiçbir fark olmamasından dolayı aynı grupta yer aldığı, diğer genotiplerle aralarında önemli varyasyon olduğu görülmüştür. Dördüncü sırada yer alan genotipin de 662.177 kg da<sup>-1</sup> ile 22 nolu genotip olduğu ve tüm genotiplerden farklı olduğu izlenmiştir. Onu takip eden genotipin

646.750 kg da<sup>-1</sup> ile 34 nolu genotip olduğu ve 638.783 kg da<sup>-1</sup> tane verimine sahip 6 nolu genotiple bağlantılı olduğu gözlenmiştir. Bağlantıyı oluşturan 6 nolu genotipin aynı zamanda 636.317 kg da<sup>-1</sup> tane verimine sahip olan 13 nolu genotiple de bağlantılı olduğu ancak 13 nolu genotipin 6 ve 17 (632.050 kg da<sup>-1</sup>) nolu genotipler dışında hiçbir genotiple bağlantılı olmadığı aksine diğer tüm genotiplerle istatistiksel olarak yüksek varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Diğer genotiplerden 614.010 kg da<sup>-1</sup> ile 2, 493.270 kg da<sup>-1</sup> ile 29, 473.890 kg da<sup>-1</sup> ile 23, 473.850 kg da<sup>-1</sup> ile 5, 427.850 kg da<sup>-1</sup> ile 28 ve 380.477 kg da<sup>-1</sup> ile 20 nolu genotiplerin tane verimi bakımından yapılan istatistiksel analizde birbirlerinden ve diğer tüm genotiplerden önemli farklılık göstererek her birinin ayrı ayrı gruplarda yer aldığı ve bunlardan 20 nolu genotip aynı zamanda en düşük tane verimine sahip olan genotip olduğu tespit edilmiştir. Diğer bir genotip olan 26 nolu genotipin 626.387 kg da<sup>-1</sup> tane verimi ile 17 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerle yüksek varyasyon gösterdiği, 595.467 ve 599.223 kg da<sup>-1</sup> tane veriminin elde edildiği 7 ve 32 nolu genotiplerin istatistiksel anlamda birbirlerinden farksız olurken diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği gözlenmiştir. Tane verimi özelliği yönünden 16 ve 19 nolu genotiplerin 584.510 ve 586.230 kg da<sup>-1</sup> ile aynı grupta ve diğer gruplardan bağımsız bir grupta yer aldıkları belirlenmiştir. Başka bir genotip incelendiğinde 1 nolu genotipin 548.513 kg da<sup>-1</sup> değere sahip olurken, 35 nolu genotipin 562.007 kg da<sup>-1</sup> tane verimi elde edilmesi ile birbirlerinden farklı gruplarda yer aldıklarını, her ikisinin de 556.430 kg da<sup>-1</sup> değere sahip 18 nolu genotip dışında diğer genotiplerden önemli derecede farklılık gösterdiği izlenmiştir. Daha sonra gelen 3 ve 11 nolu genotiplerin sırasıyla 522.573 ve 524.680 kg da<sup>-1</sup> değer sahip olarak aynı grupta yer aldıkları ve 515.653, 520.570 ve 518.433 kg da<sup>-1</sup> tane verimine sahip olan 8, 12 ve 24 nolu genotiplerle bağlantılı buldukları tespit edilmiştir. Tane verimi ne az olan genotipler sırasıyla incelendiğinde dördüncü sırada yer alan 21 nolu genotipin 462.430 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olduğu ve 464.470 ile 463.193 kg da<sup>-1</sup> tane verimlerine sahip 9 ve 15 nolu genotiplerle istatistiksel olarak farksız olup aynı grupta yer aldıkları gözlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 4, 30 ve 31 nolu genotiplerin 504.787, 504.997 ve 503.893 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olarak birbirlerinden farksız oldukları, ayrıca 511.437 ve 509.597 kg da<sup>-1</sup> verime sahip 14 ve 33 nolu genotiplerle de bağlantılı olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4. 32).

İkinci yıla ait tane verimi verilerininin 450.520-1142.030 kg da<sup>-1</sup> arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 962.100 kg da<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Dekara tane verimi en düşük olan genotipin 30 nolu genotip olduğu ve en yüksek olan genotipin ise 3 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Burada 30 ve 3 nolu genotiplerin istatistiksel olarak hem birbirlerinden

hem de diğer genotiplerden farklı olmasından dolayı her birinin ayrı bir grupta yer aldığı tespit edilmiştir. En yüksek tane verimini ikinci sırada izleyen genotip 1071.770 kg da<sup>-1</sup> ile 34 nolu genotip olduğu ve 4 (1036.870 kg da<sup>-1</sup>) ve 22 (1046.330 kg da<sup>-1</sup>) nolu genotipler dışında diğer tüm genotiplerle aralarında istatistiki anlamda önemli farklılık görüldüğü gözlenmiştir. Diğer taraftan 17 nolu genotipi incelediğimizde ise 1027.550 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olduğu ve onun da 4 ve 22 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu izlenmiştir. En yüksek tane veriminden en düşüğe doğru incelediğimizde 17 nolu genotipi 967.590 kg da<sup>-1</sup> ile 6 nolu genotip izlemiş ve 956.450, 946.930, 930.810 ve 962.100 kg da<sup>-1</sup> verime sahip 7, 19, 20 ve 29 nolu genotiplerle istatistiksel olarak aynı grupta yer aldığı ve diğer genotiplerden önemli derecede farklı oldukları kaydedilmiştir. Onları takip eden genotip ise 23 nolu genotip olmuş ve 887.790 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olmuş, 1, 8, 12, 14, 16, 18, 21, 25 ve 33 nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı bulunmuş ve sırasıyla 858.650, 876.420, 847.010, 849.770, 849.020, 858.910, 858.490, 846.700 ve 848.810 kg da<sup>-1</sup> dekara tane verimi değerleri elde edilmiştir. İstatistiksel olarak aynı grupta yer alan ve birbirleri ile aralarında fark olmadığı gözlenen diğer genotipler 5, 31, 32 ve 35 nolu genotipler olmuş, sırasıyla 836.130, 839.990, 839.550 ve 841.590 kg da<sup>-1</sup> değerlerini almışlar ve 1, 8, 12, 14, 16, 18, 21, 25 ve 33 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu tespit edilmiştir. En düşük tane verimine 30 nolu genotipten elde edilmiş ve 30 nolu genotipin diğer genotiplerden büyük ölçüde varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. En düşük tane verimini ikinci sırada 508.780 kg da<sup>-1</sup> ile 15 nolu genotip, üçüncü sırada 568.410 kg da<sup>-1</sup> ile 10 nolu genotip almış ve bu genotiplerin birbirleri ile ve diğer genotiplerle istatistiksel olarak farklı olduğunu her birinin ayrı gruplarda yer aldığı gözlenmiştir. Başka bir grup incelendiğinde 9, 11, 13, 24, 26 ve 28 nolu genotiplerin bulunduğu ve sırasıyla 645.160, 646.390, 640.320, 655.330, 631.580 ve 640.420 kg da<sup>-1</sup> tane verimine sahip olarak diğer genotiplerden önemli düzeyde farklılık gösterdikleri kaydedilmiştir. Geriye kalan 2 nolu genotip 730.640 kg da<sup>-1</sup> verime, 27 nolu genotipin ise 768.040 kg da<sup>-1</sup> verime sahip oldukları, birbirleri de dahil olmak üzere tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılıklarının önemli olduğu tespit edilmiştir.



Çizelge 4. 32. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	548.513	K	858.650	EF	703.583	GI
2	614.010	G	730.640	H	672.323	KM
3	522.573	L	<b>1142.030</b>	<b>A</b>	832.303	B
4	504.787	O	1.036.870	BC	770.828	D
5	437.850	S	836.130	F	636.992	NO
6	638.783	DE	967.590	D	803.185	C
7	595.467	H	956.450	D	775.957	D
8	515.653	LN	876.420	EF	696.037	HJ
9	464.470	R	645.160	I	554.815	Q
10	712.210	B	568.410	J	640.312	NO
11	524.680	L	646.390	I	585.533	P
12	520.570	LM	847.010	EF	683.788	IK
13	636.317	E	640.320	I	638.317	NO
14	511.437	MO	849.770	EF	680.605	JL
15	463.193	R	508.780	K	<b>485.985</b>	<b>S</b>
16	584.510	I	849.020	EF	716.763	FG
17	632.050	EF	1.027.550	C	829.802	B
18	556.430	JK	858.910	EF	707.670	GH
19	586.230	I	946.930	D	766.582	D
20	<b>380.477</b>	<b>U</b>	930.810	D	655.643	MN
21	462.430	R	858.490	EF	660.458	LM
22	662.177	C	1.046.330	BC	<b>854.253</b>	<b>A</b>
23	473.890	Q	887.790	E	680.840	JL
24	518.433	LN	655.330	I	586.880	P
25	715.820	B	846.700	EF	781.258	D
26	626.387	F	631.580	I	628.982	O
27	<b>725.163</b>	<b>A</b>	768.040	G	746.603	E
28	427.850	T	640.420	I	534.135	R
29	493.270	P	962.100	D	727.687	F
30	504.997	O	<b>450.520</b>	<b>L</b>	<b>477.757</b>	<b>S</b>
31	503.893	O	839.990	F	671.942	KM
32	599.223	H	839.550	F	719.388	FG
33	509.597	NO	848.810	EF	679.203	JL
34	646.750	D	1.071.770	B	<b>859.262</b>	<b>A</b>
35	562.007	J	841.590	F	701.797	GI
<b>Ortalama</b>	553.774	B	826.081	A	689.928	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre p<0.01 hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

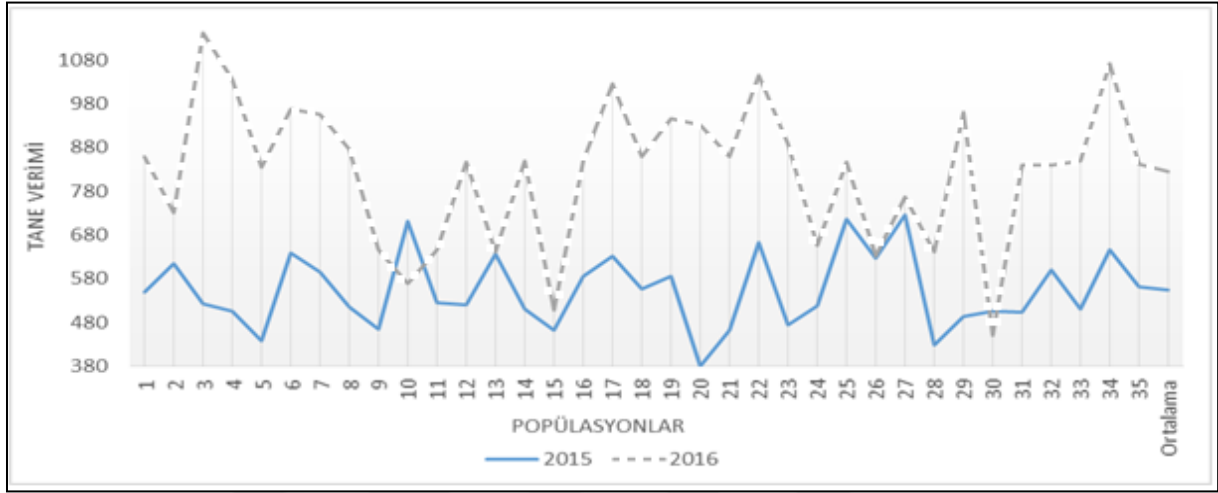
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama tane verimi değerleri 477.757-859.262 kg da<sup>-1</sup> arasında değişmekte birlikte, kontrol çeşidinde bu değer 727.687 kg

da<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Dekara tane verimi en fazla 34 nolu genotipten elde edilirken, onu 854.253 kg da<sup>-1</sup> verim ile 22 nolu genotipin izlediği ve birbirleri arasında istatistiksel anlamda hiçbir fark olmadığı, ancak diğer genotiplerle önemli farklılığa sahip olduğu anlaşılmıştır. İstatistiksel olarak yapılan gruplandırmada ikinci grupta yer alan 3 ve 17 nolu genotiplerin 832.303 ve 829.802 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olarak birbirleri arasında varyasyonun önemsiz denebilecek düzeyde düşük olurken diğer genotiplerden çok farklı olduğu kaydedilmiştir. Üçüncü grupta 803.185 kg da<sup>-1</sup> ile 6 nolu genotip yer alırken, beşinci grupta 770.828, 775.957, 766.582 ve 781.258 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olan 4, 7, 19 ve 25 nolu genotiplerin yer alarak birbirleri hariç diğer tüm genotiplerden önemli farklılıklara sahip oldukları gözlenmiştir. Altıncı grupta ise 746.603 kg da<sup>-1</sup> ile 27 nolu genotip yer almıştır. Başka bir grupta 727.687 kg da<sup>-1</sup> 29 nolu genotip yer almış, 16 ve 32 nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı bulunmuştur. En düşük tane verimi 30 nolu genotipten elde edilmiş ve 485.985 kg da<sup>-1</sup> ile 15 nolu genotiple aynı grupta yer almıştır. Onları takip eden bir diğer grupta 534.135 kg da<sup>-1</sup> verim ile 28 nolu genotip yer almıştır. Bir diğer grupta 554.815 kg da<sup>-1</sup> verim ile 9 nolu genotip tek başına yer alırken, bir sonraki grupta 11 ve 24 nolu genotiplerin 585.533 ve 586.880 kg da<sup>-1</sup> verimle yer almışlar ve diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Dekara tane verimi yönünden incelenen diğer bir genotip ise 628.982 kg da<sup>-1</sup> ile 26 nolu genotip olmuş ve istatistiksel olarak 5, 10 ve 13 nolu genotipler hariç diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Bir geçiş grubunu oluşturan 2, 20, 21 ve 31 nolu genotipler sırasıyla 672.323, 655.643, 660.458 ve 671.942 kg da<sup>-1</sup> verime sahip olmuşlardır. Başka bir geçiş grubunda ise 14, 23 ve 33 nolu genotipler yer alırken dekara tane verimlerinin 680.605, 680.840 ve 679.203 kg da<sup>-1</sup> olarak elde edildiği belirlenmiştir. Diğer geçiş grupları incelendiğinde, ilkinde 8 (696.037 kg da<sup>-1</sup>) ve 12 (683.788 kg da<sup>-1</sup>) nolu genotipler yer almış, diğerinde ise 1 (703.583 kg da<sup>-1</sup>) ve 35 (701.797 kg da<sup>-1</sup>) nolu genotipler yer alırken bunların ayrıca 18 (707.670 kg da<sup>-1</sup>) nolu genotiple de bağlantılı olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4. 32).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 16'da verilmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarının iki yıllık yetiştirilmesi ile elde edilen tane verimi değerleri genotiplere bağlı olarak önemli farklılıklar göstermekle birlikte aynı zamanda her bir genotipin yıllara göre de farklılık gösterdiği Şekil 4.16'da görülmüştür. Yıllara göre tane verimi değerleri incelendiğinde 2016 yılında tane veriminin 2015 yılına nazaran daha yüksek olduğu kaydedilmiştir. Sadece 10 ve 30 nolu genotiplerin az farkla 2016 yılında daha düşük

tane verimine sahip oldukları tespit edilmiştir. Diğer taraftan 13 ve 26 nolu genotiplerin her iki yılda da aynı tane verimine sahip olduğu iklim ve çevre faktörlerden daha az etkilendiği belirlenmiştir.



Şekil 4. 16. Yerel cın mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) verilerine ait karşılaştırma

Denememize ait tane verimi değerlerinin 2016 yılında daha fazla olması deneme yerine ait toprak yapısının daha iyi olması, erken ekimin yapılmasıyla daha fazla yağışa maruz kalması ve vejetasyon süresinin daha fazla olmasıyla bitkinin yeşil aksamının gelişmiş olması, çiçeklenme döneminin ani sıcaklıklara maruz kalmaması tane verimini önemli ölçüde artırdığı sonucuna varılmıştır.

Tane mısır yetiştiriciliğinin esas amacı tane veriminin yüksek olmasıdır. Böylelikle birim alanda aldıkları verime göre kazanç bir o kadar fazla olacaktır. Bu konu üzerine birçok araştırma yapılmıştır.

Önceki yapılan araştırmalardan bazılarında mısırdaki tane verimi 385-497 kg da<sup>-1</sup> (Gökmen ve ark., 2001), 606.9-1104 kg da<sup>-1</sup> (Babaoğlu, 2003), 916-1349 kg da<sup>-1</sup> (Öz ve Kapar, 2003a), 883-1212 kg da<sup>-1</sup> (Öz ve Kapar, 2003b), 141.9-464.1 kg da<sup>-1</sup> (Özkaynak ve Sabancı, 2003), 644-1091 kg da<sup>-1</sup> (Ayrancı ve Sade, 2004), 723-1164 kg da<sup>-1</sup> (Ekin, 2004), 851-1173 kg da<sup>-1</sup> (Öktem ark., 2004), 1137.7-1489.7 kg da<sup>-1</sup> (Sarı Kurt, 2005), 3360-4580 kg da<sup>-1</sup> (Sakin ve ark., 2005), 499-735 kg da<sup>-1</sup> (Tekkanat ve Soylu, 2005), 845-1190 kg da<sup>-1</sup> (Kapar ve Öz, 2006), 403-737 kg da<sup>-1</sup> (Konuskan, 2006), 1187 kg da<sup>-1</sup> (Şirikçi, 2006), 1577-1903 kg da<sup>-1</sup> (Vartanlı, 2006), 784.9-1215.5 kg da<sup>-1</sup> (Yılmaz ve Öner, 2006), 1089-1377 kg da<sup>-1</sup>

<sup>1</sup> (Gözübenli ve ark., 2007), 353-666 kg da<sup>-1</sup> (Gökmen ve ark., 2007), 744.3-1382 kg da<sup>-1</sup> (Sezer ve ark., 2007), 1052.4-1249.3 kg da<sup>-1</sup> (Turkay ve ark., 2007), 1577-1903 kg da<sup>-1</sup> (Vartanlı ve Emeklier, 2007), 1267-1560 kg da<sup>-1</sup> (Özmen, 2008), 650-1037 kg da<sup>-1</sup> (Soylu ve ark., 2008), 1209-1476 kg da<sup>-1</sup> (Gökmen, 2009), 721-753 kg da<sup>-1</sup> (Grosbach, 2008), 951-1356 kg da<sup>-1</sup> (Koca ve ark., 2009a), 728-1647 kg da<sup>-1</sup> (Koca ve ark., 2009b), 725.93-899.66 kg da<sup>-1</sup> (Kuşaksız ve Kuşaksız, 2009), 811-1636 kg da<sup>-1</sup> (Öktem ve Öktem, 2009), 781-1332 kg da<sup>-1</sup> (Özsisli ve ark., 2009), 631-1147 kg da<sup>-1</sup> (Özyazıcı ve ark., 2009) ve 1288-1822 kg da<sup>-1</sup> (Kalkan ve Sade, 2009) olarak tespit edilmiştir.

Diğer bazı araştırmacılar ise; Adeleye ve Ayeni (2010) 263-638 kg da<sup>-1</sup>, Gürses (2010) 822.33-1213.67 kg da<sup>-1</sup>, Koca ve ark. (2010) 980-1252 kg da<sup>-1</sup>, Kuşaksız (2010) 408-913 kg da<sup>-1</sup>, Silva ve ark. (2010) 1110-3493 kg da<sup>-1</sup>, Özsisli (2010) 803-1037 kg da<sup>-1</sup>, Aydın (2011) 1244-1849 kg da<sup>-1</sup>, Cerit ve ark. (2011) 779-921.7 kg da<sup>-1</sup>, Özata ve Kapar (2011) 100-1128.9 kg da<sup>-1</sup>, Özkan ve Ülger (2011) 366-529 kg da<sup>-1</sup>, Öz ve Kapar (2011) 353-539 kg da<sup>-1</sup>, Pamukçu ve ark. (2011) 423-978 kg da<sup>-1</sup>, Kardeşahin ve Sade (2011) 1614-2019 kg da<sup>-1</sup>, Keskin ve ark (2011) 623.8-1019 kg da<sup>-1</sup>, Öner ve ark. (2011b) 1073-1332 kg da<sup>-1</sup>, Khodarahmpour ve Hamidi (2012) 1660-2748.1 kg da<sup>-1</sup>, Peykarestan ve Seify (2012) 525-778 kg da<sup>-1</sup>, Tezel ve ark. (2012) 660-1618 kg da<sup>-1</sup>, Coşkun ve ark. (2013) 1024-1261 kg da<sup>-1</sup>, İdikut ve Kara (2013) 696-1290 kg da<sup>-1</sup>, Budak ve ark. (2013) 816-875 kg da<sup>-1</sup>, Öz ve ark. (2013) 515-1325 kg da<sup>-1</sup>, Özata ve Kapar (2013) 714-1272 kg da<sup>-1</sup>, Özcan ve ark. (2013) 490-1390 kg da<sup>-1</sup>, Sabancı (2013) 925.96 kg da<sup>-1</sup>, Demiray (2013) 939-1797 kg da<sup>-1</sup>, Gönülal (2013) 880.58-982.18 kg da<sup>-1</sup>, Öktem ve Toprak (2013) 848.1-1182.4 kg da<sup>-1</sup> ve Zamaninejad ve ark. (2013) 4.76-7.13 ton ha<sup>-1</sup> olduğunu bildirmişlerdir.

Ayrıca diğer bazı araştırmacılar da tane veriminin 1213-1557 kg da<sup>-1</sup> (Bozdağ, 2015), 831.7-1365 kg da<sup>-1</sup> (Çakar, 2015), 369-498 kg da<sup>-1</sup> (İdikut ve ark.,2015), 1261.1-1288.9 kg da<sup>-1</sup> (Maga ve ark., 2015), 488-1333 kg da<sup>-1</sup> (Kahraman ve ark., 2015), 783.2-1500.3 kg da<sup>-1</sup> (Çağlayan Dumral, 2015), 831.7-1365 kg da<sup>-1</sup> (Çakar, 2015), 648-1537 kg da<sup>-1</sup> (Turhal, 2015), 1232.61-1518.10 kg da<sup>-1</sup> (Kılınç, 2016), 1120.1-1852.8 kg da<sup>-1</sup> (Okan ve Yazgan, 2016), 4800-7700 kg da<sup>-1</sup> (Sharifi ve Namvar, 2016), 1472.4-1849.7 kg da<sup>-1</sup> (Topal, 2016), 1470-2625 kg da<sup>-1</sup> (Uwah ve ark., 2016), 655-975 kg da<sup>-1</sup> (Yılmaz ve Han, 2016) arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Tane mısır yetiştiriciliğinde çevresel faktörlerin tane verimini etkilediği (Mitrovic, 2012; Tsimba ve ark., 2013a) bazı genotiplerin yetiştirildiği çevreye adaptasyonunun daha iyi

olması o genotipten elde edilen verimin de yüksek olmasını sağlamakta (İlker ve ark., 2009), böylelikle farklı genotiplerden farklı tane veriminin elde edilmesinin, tane verimi üzerine genotip etkisinin önemli olduğunu da göstermektedir (Öz ve Kapar, 2011; İdikut ve ark., 2015).

Hafif topraklarda yetiştirilen mısırlarda tane verimi, ağır topraklarda yetiştirilenlere nazaran daha yüksek olmaktadır (Kavut ve Soya, 2014) ve farklı toprak işleme yöntemlerinin farklı ekim zamanının ve farklı bitki yoğunluğunun genotiplerde tane veriminin farklılık göstermesine neden olmaktadır (Adeleye ve Ayeni, 2010; Hernandez ve ark., 2014). Tüm bunların yanı sıra mısırdaki tane verimi değerlerinin yıllara göre önemli farklılıklar gösterdiği de tespit edilmiştir (Videnovic ve ark., 2013).

Çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlar incelendiğinde cin mısırı dekara tane verimine yönelik yapılan önceki çalışmalarla benzerlik gösterdiğini fakat kullanılan genotipe, ekolojik koşullara, kültürel işlemlere ve iklim farklılıklarına göre bir takım farklılıklar da gözlemlendiği tespit edilmiştir.

#### 4. 1. 17. Bin tane ağırlığı (g)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısırı genotiplerinin bin tane ağırlığı (g) özelliğine yönelik 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 33'da, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 34'da verilmiştir.

Çizelge 4. 33. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bin tane ağırlığı (g) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	27.98	2.69	2	11.17	1.35	2	10.445	1.12
Genotip	34	2867.77	275.74**	34	2108.74	255.44**	34	4576.569	490.63**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	4412.650	473.06**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	28.701	3.08*
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	399.961	42.88**
Hata	68	10.40	-	68	8.26	-	136	9.328	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 33 incelendiğinde, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tane verimi (kg da<sup>-1</sup>) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri arası farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 34 incelendiğinde ise, bin tane ağırlığı (g) bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde bin tane ağırlığı değerlerinin 90.973-227.183 g arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise 139.897 g olduğu belirlenmiştir. Buna göre bin tane ağırlığı en fazla olan genotip 12 nolu genotip olmuş ve 223.533 g tane ağırlığı ile 32 nolu genotiple istatistiksel olarak aralarındaki farksız olup aynı grupta yer alırlarken, diğer genotiplerden de önemli ölçüde farklı bulunmuştur. Tane ağırlığının fazlalığı yönünden ikinci grupta 33 nolu genotip yer almış ve 202.647 g bin tane ağırlığı ile diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu gözlenmiştir. Diğer taraftan 193.893 g ile 35 nolu genotip ve 188.130 g ile 34 nolu genotip 26 (193.060 g) nolu genotip dışında birbirleri ve diğer genotiplerden büyük varyasyon gösterirken, 26 nolu genotipin 34 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubu oluşturduğu kaydedilmiştir. Onları izleyen bir sonraki grup incelendiğin, 13, 17 ve 22 nolu genotiplerin sırasıyla 175.320, 173.887 ve 176.737 g bin tane ağırlığı değerleri ile aynı grupta yer aldıkları ve diğer genotiplerden de önemli derecede farklılık gösterdiği istatistiksel olarak belirlenmiştir. Daha sonra 11, 20 ve 27 nolu genotiplerin 162.787, 165.943 ve 164.113 g tane ağırlığı ile sıralandıkları, aynı grupta yer aldıkları, birbirleri ile istatistiksel olarak farksız olurken diğer genotiplerden önemli farklılığa sahip oldukları gözlenmiştir. Başka bir grup incelendiğin ise 1, 18 ve 23 nolu genotiplerin yer aldığı ve bu genotiplerin sırası ile 153.847, 152.870 ve 157.380 g tane ağırlığına sahip oldukları kaydedilmiştir. Bin tane ağırlığı bakımından en düşük değer 31 nolu genotipten, ikinci en düşük değer 21 (108.860 g) nolu genotipten, üçüncü sırada en düşük değer ise 5 (116.863 g) nolu genotipten elde edildiği, bu genotiplerin hem birbirlerinden hem de diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık göstererek her birinin ayrı birer gruba dağılım gösterdikleri belirlenmiştir. Onları takip eden bir diğer grup ise 3, 6, 16 ve 30 nolu genotipler olmuş ve bu genotiplerin sırasıyla 123.167, 125.927, 126.790 ve 127.293 g tane ağırlığı değerlerine sahip olduğu görülmüştür. Diğer bir genotip olan 10 nolu genotip incelendiğinde 133.477 g tane ağırlığına sahip olduğu ve 2 (133.907 g), 4 (135.983 g), 7 (135.513 g), 8 (137.340 g), 9 (134.063 g), 15 (136.023 g) ve 24

(136.020 g) nolu genotipler dışındaki diğer genotiplerle önemli farklılığa sahip olduğu kaydedilmiştir. Bin tane ağırlığı değeri 146.837 g olan 25 nolu genotipin 143.173 ve 142.513 g tane ağırlığı değerleri ile 14 ve 19 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu, geriye kalan 28 ve 29 nolu genotiplerin ise 140.507 ve 139.897 g ile bir geçiş grubu oluşturdukları belirlenmiştir (Çizelge 4.34).

İkinci yıla ait bin tane ağırlığı verilerininin 117.691-220.652 g arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise 142.042 g olduğu belirlenmiştir. Bin tane ağırlığı en fazla olan genotip 32 nolu genotip olurken, onu ikinci sırada 215.816 g ile 12 nolu genotip olduğu her ikisinin de istatistiksel olarak birbirlerinde ve diğer genotiplerden farklı olduğu kaydedilmiştir. En fazla tane ağırlığına üçüncü sırada yer bulan 34 nolu genotip 207.209 g olarak elde edilmiş ve 205.531 g ile 26 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları ve aralarında fark bulunmadığı gözlenmiştir. Onların devamında 27 ve 33 nolu genotipler yer almış, 200.041 ve 196.947 g tane ağırlığı ile takip etmişler ve onlarda birbirleri ile aynı grupta yer alırken diğer genotiplerden önemli düzeyde farklı çıkmışlardır. Beşinci grupta 4 ve 23 nolu genotipler sırasıyla 187.400 ve 187.866 g tane ağırlığı ile diğer genotiplerden farklı bulunmuştur.

Altıncı grupta 178.346 g ile sadece 13 nolu genotip yer almış, onu takip eden yedinci grupta ise 170.396, 168.884 ve 172.646 g ile 15, 22 ve 35 nolu genotiplerin yer aldığı kaydedilmiştir. Daha sonra 162.996 g ile 17 nolu gelmiş ve bu genotipin 160.364 ve 158.198 g ile 1 ve 20 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu, diğer genotiplerden farklı oldukları tespit edilmiştir. Bin tane ağırlığının en düşük değerinin 31 nolu genotipten elde edildiği onu ikinci sırada 127.069 g ile 5 nolu genotipin izlediği, bunlarında birbirlerinden ve diğer genotiplerden önemli derecede varyasyon gösterdiği kaydedilmiştir. En düşük bin tane ağırlığını üçüncü grupta 135.301 ve 135.942 g ile 18 ve 30 nolu genotiplerin izlediği ve bu genotiplerin 137.756, 137.081 ve 139.385 g tane ağırlığı ile 6, 9 ve 21 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu belirlenmiştir.

Diğer genotiplerden 141.983 g ile 16 nolu genotip ve 142.042 g ile 29 nolu genotip bir geçiş grubunda yer alırken, 3 ve 28 nolu genotipler 143.912 ve 143.131 g ile başka bir geçiş grubunu oluşturmuşlar ancak 3 ve 28 nolu genotiplerin aynı zamanda 8 (145.428 g) ve 14 (146.037 g) nolu genotiplerle de bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Geriye kalan 2, 7, 10, 11, 19, 24 ve 25 nolu genotiplerin sırasıyla 157.038, 147.958, 152.607, 152.887, 153.367, 151.143 ve 146.287 g tane ağırlığı ile birbirleri ile bağlantılı geçiş gruplarını oluşturdukları gözlenmiştir (Çizelge 4.34).

Çizelge 4. 34.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş bin tane ağırlığı (g) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	153.847	G	160.364	HI	157.105	H
2	133.907	KL	157.038	IK	145.472	JL
3	123.167	M	143.912	OQ	133.540	NO
4	135.983	JL	187.400	E	161.692	G
5	116.863	N	127.069	T	121.967	P
6	125.927	M	137.756	RS	131.842	NO
7	135.513	JL	147.958	MO	141.735	LM
8	137.340	IL	145.428	OP	141.385	LM
9	134.063	KL	137.081	RS	135.572	N
10	133.477	L	152.607	KM	143.042	KM
11	162.787	F	152.887	KM	157.837	H
12	<b>227.183</b>	<b>A</b>	215.816	B	<b>221.498</b>	<b>A</b>
13	175.320	E	178.346	F	176.833	D
14	143.173	HI	146.037	OP	144.605	JM
15	136.023	JL	170.396	G	153.210	I
16	126.790	M	141.983	PR	134.387	NO
17	173.887	E	162.996	H	168.440	F
18	152.870	G	135.301	S	144.085	JM
19	142.513	HI	153.367	JL	147.938	J
20	165.943	F	158.198	HJ	162.072	G
21	108.860	O	139.385	QS	124.122	P
22	176.737	E	168.884	G	172.810	E
23	157.380	G	187.866	E	172.623	E
24	136.020	JL	151.143	LN	143.582	KM
25	146.837	H	146.287	NP	146.562	JK
26	193.060	CD	205.531	C	199.297	B
27	164.113	F	200.041	D	182.077	C
28	140.507	IJ	143.131	OQ	141.820	LM
29	139.897	IK	142.042	PR	140.968	M
30	127.293	M	135.942	S	131.618	O
31	<b>90.973</b>	<b>P</b>	<b>117.691</b>	<b>U</b>	<b>104.332</b>	<b>Q</b>
32	<b>223.533</b>	<b>A</b>	<b>220.652</b>	<b>A</b>	<b>222.093</b>	<b>A</b>
33	202.647	B	196.947	D	199.797	B
34	188.130	D	207.209	C	197.670	B
35	193.893	C	172.646	G	183.270	C
<b>Ortalama</b>	152.185	B	161.352	A	156.769	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

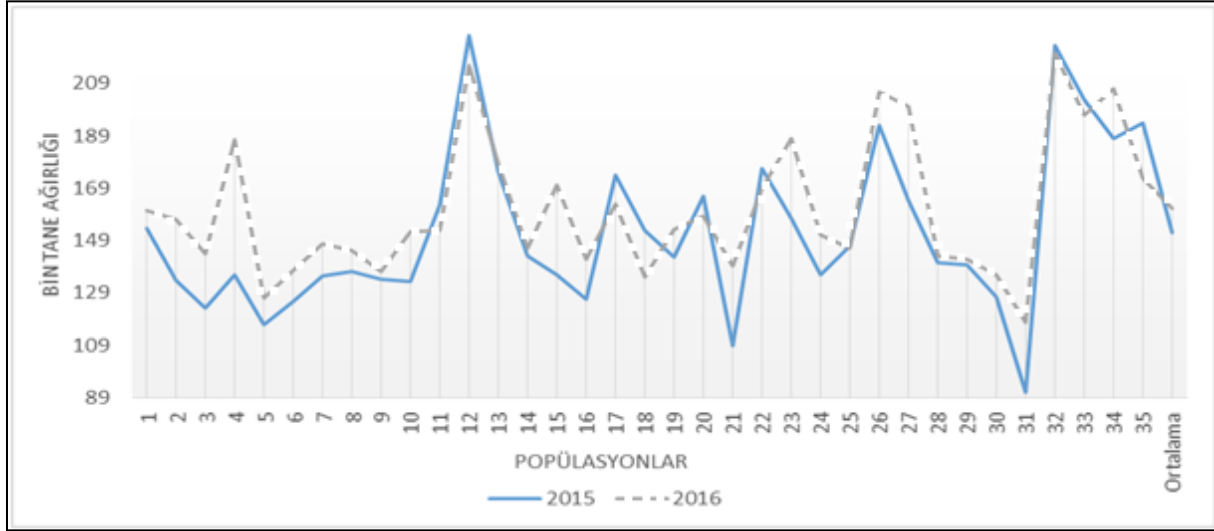
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama bin tane ağırlığı değerleri 104.332-222.093 g arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer 140.968 g olarak



elde edilmiştir. Bin tane ağırlığı bakımından en az olan genotip 31 nolu genotip olup, en çok olan genotip ise 32 nolu genotip olmuştur. Ayrıca 32 nolu genotipin 221.498 g ile 12 nolu genotiple aynı grupta yer aldığı belirlenmiştir. En yüksek bin tane ağırlığı değerleri incelendiğinde ikinci grupta 199.297, 199.797 ve 197.670 g tane ağırlığı ile 26, 33 ve 34 nolu genotipler yer alarak istatistiksel olarak diğer genotiplerden önemli farklılığa sahip oldukları kaydedilmiştir. Üçüncü grupta 27 ve 35 nolu genotipler 182.077 ve 183.270 g tane ağırlığı ile yer alırken, onları izleyen dördüncü grupta 176.833 g ile 13 nolu genotip yer almıştır. Beşinci grupta 22 (172.810 g) ve 23 (172.623 g) nolu genotipler, altıncı grupta 17 (168.440 g) nolu genotip, yedinci grupta 4 (161.692 g) ve 20 (162.072 g) nolu genotipler yer alarak her bir grupta yer alan genotipler birbirlerinden istatistiksel olarak farksız bulunurken gruplar arasında ve grup dışı genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılıklar tespit edilmiştir. Onları izleyen bir diğer grupta 1 ve 11 nolu genotiplerin yer aldığı ve bunlara ait bin tane ağırlığı değerlerinin sırasıyla 157.105 ve 157.837 g olduğu gözlenmiştir. En düşük bin tane ağırlığına ikinci sırada 121.967 g değerle sahip olan 5 nolu genotipin 124.122 g tane ağırlığına sahip 21 nolu genotiple aynı grupta yer aldığı ve diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. En düşük üçüncü grupta ise 131.618 g ile 30 nolu genotip yer almış ve 135.572 g ile 9 nolu genotip başka bir grupta yer aldığı tespit edilmiştir. Diğer taraftan 133.540, 131.842 ve 134.387 g tane ağırlığına sahip 3, 6 ve 16 nolu genotiplerin 9 ve 30 nolu genotipler arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir. Bütün genotiplerden önemli derecede farklılık gösteren ve bir grupta tek başına bulunan 15 nolu genotipin bin tane ağırlığının 153.210 g olduğu gözlenmiştir. Bin tane ağırlığının 147.938 g olarak belirlenen 19 nolu genotipin 2 (145.472 g), 14 (144.605 g), 18 (144.085 g) ve 25 (146.562 g) nolu genotipler hariç diğer genotiplerden önemli farklılığa sahip olduğu izlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 29 nolu genotipin ise 140.968 g tane ağırlığına sahip olduğu 7 (141.735 g), 8 (141.385 g), 10 (143.042 g), 14, 18, 24 (143.582 g) ve 28 (141.820 g) nolu genotiplerle bağlantılı grup oluşturduğu da ayrıca belirlenmiştir (Çizelge 4.34).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bin tane ağırlığı (g) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 17'de verilmiştir. Denemede bin tane ağırlıkları genotiplere göre farklılık göstermekle birlikte yıllar arasında da önemli farklılıklar göstermiştir. Şekil 4.17'de verildiğine göre genel itibari ile 2016 yılında genotiplerin bin tane ağırlığı daha yüksek olurken, bunlardan 2, 3, 4, 15, 21, 23, 26, 27, 31 ve 34 nolu genotiplerine ait verilerin 2015 yılı verilerine nazaran bariz farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Diğer taraftan 9, 11, 12, 13,

14, 20, 22, 25, 28, 29, 32 ve 33 nolu genotiplerin her iki yılında da benzer sonuçlar gösterdiği kaydedilmiştir.



Şekil 4. 17. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında bin tane ağırlığı (g) verilerine ait karşılaştırma

Bin dane ağırlığı mısırdaki tane verimini etkileyen önemli bir tarımsal özelliktir. Bu özelliğin genotip ve çevre koşullarına bağlı olarak varyasyonlar oluşturduğu birçok araştırmacı tarafından tespit edilmiştir.

Önceki çalışmalar incelendiğinde mısırdaki 1000 dane ağırlığını; 83-140 g (Özkaynak ve Samancı, 2003), 606.9-1104.1 g (Babaoğlu, 2003), 202.86-341.22 g (Ayrancı ve Sade, 2004), 291-342 g (Öktem ve ark., 2004), 351 g (Şirikçi, 2006), 308.0-423.2 g (Sezer ve ark., 2007), 297.8-366.5 g (Turkay ve ark., 2007), 129-213 g (Gökmen ve ark., 2007), 312-366 g (Özmen, 2008), 323-347 g (Koca ve ark., 2009a), 247-367 g (Koca ve ark., 2009b), 390-407 g (Çetinkaya ve Dura, 2010), 296-309 g (Koca ve ark., 2010), 209-368 g (Kuşaksız, 2010), 132 g (Ulloa ve ark., 2010), 270.10-340.61 g (Özsisli, 2010), 292.0-388.3 g (Aydın, 2011), 370.8-380.8 g (Karaşahin ve Sade, 2011), 163.5-173.5 g (Peykarestan ve Seify, 2012), 114-123 g (İdikut ve ark., 2012), 397.5-533.3 g (Öktem ve Toprak, 2013), 324.3-397.4 g (Demiray, 2013), 228.1-294.08 g (Jasemi ve ark., 2013), 267.63 g (Sabancı, 2013), 234.1-210.7 g (Gönülal, 2013), 285.64-293.06 g (Zamaninejad ve ark., 2013), 311.6-410.7 g (Çağlayan Dumral, 2015), 355.4-476.6 g (Hafez ve Abdelaal, 2015), 176.8-210.1 g (Maga ve ark., 2015), 236.67-259.27 g (Seyedzavar ve ark., 2015), 307-385 g (Kahraman ve ark., 2015),

330-436 g (Çakar, 2015), 296-411 g (Bozdağ, 2015), 372.9-519.5 g (Kharazmshahi ve ark., 2015), 151.0-175.7 g (Sharifi ve Namvar, 2016), 93.19-135.80 g (Uwah ve ark., 2016), 184.6-249.04 g (Yılmaz ve Han, 2016), 250.9-355 g (Saygı, 2016), 118.93-156.07 g (Jasim ve Ghane, 2016), 294.2-387.5 g (Kılınç, 2016), 160.3-321.7 g (Pandit ve ark., 2016) ve 249.12-415.22 g (Ijaz ve ark., 2017) olarak tespit ettikleri görülmüştür.

Mısır bitkisinde bin tane ağırlığı çeşide, ekolojik koşullara, ekim zamanına, ekim sıklığına ve kültürel işlemlere göre değiştiği önceki çalışmalarda belirlenmiştir. Bizim elde etmiş olduğumuz bin tane ağırlığına ait değerlerdeki varyasyonlar çeşit özelliğinden kaynaklanmıştır. Bu değerlerin bazı araştırmacıların elde ettiği değerlerle uyum gösterirken, bazıları ile farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bazı araştırmacıların sonuçlarının bizim sonuçlardan çok yüksek olmasının nedeni, kullanılan çeşitlerin atdışı veya sert mısır hibritleri olmasından kaynaklanmaktadır.

#### 4. 1. 18. Patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ )

Araştırmamızda yerel cin mısırı genotiplerinin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) özelliğinin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 35 'de; ortalama değerler ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar ise Çizelge 4. 36'de verilmiştir.

Çizelge 4. 35'de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri arası farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 35. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.50	2.09	2	0.04	0.14	2	0.145	0.57
Genotip	34	71.16	300.05**	34	76.87	282.64**	34	125.706	491.09**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	765.719	2991.40**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.399	1.56
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	22.340	87.28**
Hata	68	0.24	-	68	0.27	-	136	0.256	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 36 incelendiğinde ise, patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) değerlerinin  $6.247-20.633 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise  $18.580 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  olduğu belirlenmiştir. Buna göre patlama hacmi en az olan genotip 32 nolu genotip, en fazla olan genotipin ise 2 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan, patlama hacmi en az olan 32 nolu genotip  $6.857 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 22 nolu genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuş; patlama hacmi en fazla olan 2 nolu genotipin  $20.370 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 10 nolu genotip,  $20.267 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 21 nolu genotip,  $20.113 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 24 nolu genotip,  $20.043 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 3 nolu genotip,  $20.023 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 5 nolu genotip ve  $19.967 \text{ cm}^3\text{g}^{-1}$  ile 4 nolu genotipler aynı grupta yer alarak istatistiksel olarak birbirleri arasında farklılığın önemli olmadığı belirlenmiştir. Genotiplere ait patlama hacmi değerleri yüksekten düşüğe doğru sıralandığında ikinci grupta  $19.023 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  ile 11 nolu genotipin bulunduğu ve  $18.580$ ,  $18.500$  ve  $18.820 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  ile 29, 30 ve 31 nolu genotiplerin dışında diğer tüm genotiplerden istatistiki açıdan farklılığının önemli olduğu tespit edilmiştir. Sonrasında ise 15 ve 25 nolu genotipler gelmiş ve onların da  $17.997$  ve  $17.367 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  patlama hacmi ile bir geçiş grubunu oluşturduğu gözlenmiştir. Patlama hacmi değerleri  $16.233$ ,  $16.243$  ve  $16.247 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  olan 9, 14 ve 28 nolu genotiplerin birbirleri arasındaki farklılığın istatistiksel olarak önemsiz olduğu, 6 ( $16.663 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) ve 16 ( $16.937 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerle bu farklılığın önemli olduğu kaydedilmiştir. Bir diğer grupta 7 ve 19 nolu genotiplerin bulunduğu ve bu genotiplere ait patlama hacmi değerlerinin  $15.243$  ve  $14.500 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  olduğu belirlenmiştir. Onu takip eden grupta 8 ve 18 nolu genotiplerin bulunduğu ve onların patlama hacmi değerlerinin ise  $13.600$  ve  $13.290 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  oldukları tespit edilmiştir. Başka bir grup incelendiğinde 1, 12 ve 23 nolu genotiplerin yer aldığı ve patlama hacmi değerlerinin sırasıyla  $11.333$ ,  $10.953$  ve  $11.023 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  olduğu, başka bir grupta  $9.800 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  ile 17 nolu genotipin yer aldığı ve bu iki grup arasında yer alan 13 ve 20 nolu genotiplerin  $10.533$  ve  $10.467 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan genotiplerden  $7.980 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  patlama hacmi ile 34 nolu genotipin 26 ( $7.267 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ), 27 ( $7.467 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ), 33 ( $7.290 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) ve 35 ( $7.263 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.36).

İkinci yıla ait patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) verilerinin  $7.867-26.667 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise  $24.667 \text{ cm}^3 \text{g}^{-1}$  olduğu belirlenmiştir. Patlama hacmi en düşük olan genotip 32 nolu genotip, en yüksek olan ise 5 nolu genotip olmuştur.

Diğer taraftan  $8.167 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 26 nolu genotipte en yüksek değerlerden ikincisini almış ve 32 nolu genotiple aynı grupta yer almıştır. Patlama hacmi yönünden 26 ve 32 nolu genotipler istatistiksel olarak aynı grupta yer alırken diğer genotiplerle olan farklılıkları önemli bulunmuştur. En yüksek patlama hacmi değerini ikinci sırada izleyen 28 nolu genotip  $25.000 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değerini almış ve  $24.667 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değerini alan 29 nolu genotiple bağlantılı olduğu tespit edilmiştir. Başka bir grupta  $23.533 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 14 nolu genotip yer almış ve onun da  $23.867 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değere sahip 31 nolu genotiple ve  $23.000 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değere sahip 2 nolu genotiple bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Onları takip eden grupta 3, 6, 8, 9, 16, 24 ve 25 nolu genotipler sırasıyla  $22.267$ ,  $22.333$ ,  $21.667$ ,  $22.533$ ,  $22.333$ ,  $22.267$  ve  $21.867 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değerleri ile bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Patlama hacmine yönelik bir diğer grupta da  $20.900 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 21 nolu genotip yer almış ve  $21.667$ ,  $21.067$  ve  $21.100 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 8, 13 ve 18 nolu genotipler hariç diğer genotiplerle aralarındaki farklılık önemli kaydedilmiştir. Patlama hacminin düşük olması bakımından ikinci grupta yer alan genotipler 22, 27 ve 33 nolu genotipler olmuş ve onlara ait patlama hacmi  $10.200$ ,  $10.800$  ve  $11.000 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  olarak tespit edilmiştir. Üçüncü grupta sadece  $12.600 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 35 nolu genotip bulunurken, onu takip eden grupta  $14.067 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 4 ve  $14.000 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 34 nolu genotip yer almış, bu genotiplerin istatistiksel anlamda birbirlerinden farksız olup,  $14.467 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmine sahip 10 nolu genotip dışındaki genotiplerle önemli farklılık göstermişlerdir. Diğer taraftan  $15.400 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 7 nolu genotip 20 ( $15.200 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) ve 23 ( $15.633 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) nolu genotiplerle bağlantılı bir grup oluştururken,  $16.800 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 11 nolu genotipin 12 ( $16.367 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) ve 15 ( $16.300 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) nolu genotiplerle bağlantılı başka bir grup oluşturduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan genotiplerden  $19.600 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 19 nolu genotipin diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılığın önemli olduğu gözlenirken,  $18.600$ ,  $18.367$  ve  $18.367 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacimlerine sahip 1, 17 ve 30 nolu genotiplerin de birbirleri ile olan farklılığın istatistiksel olarak önemsiz olurken diğer genotiplerden oldukça farklı olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.36).

Çizelge 4. 36.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlama hacmi ( $\text{cm}^3 \text{g}^{-1}$ ) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	11.333	I	18.600	J	14.967	J
2	<b>20.633</b>	<b>A</b>	23.000	DE	21.817	B
3	<b>20.043</b>	<b>A</b>	22.267	EF	21.150	CD
4	<b>19.967</b>	<b>A</b>	14.067	O	17.017	H
5	<b>20.023</b>	<b>A</b>	<b>26.667</b>	<b>A</b>	<b>23.350</b>	<b>A</b>
6	16.663	EF	22.333	EF	19.483	E
7	15.243	G	15.400	M	15.317	IJ
8	13.600	H	21.667	FH	17.633	GH
9	16.233	F	22.533	EF	19.383	E
10	<b>20.370</b>	<b>A</b>	14.467	NO	17.433	GH
11	19.023	B	16.800	K	17.917	FG
12	10.953	I	16.367	KL	13.650	KL
13	10.533	IJ	21.067	GH	15.800	I
14	16.243	F	23.533	D	19.883	E
15	17.997	CD	16.300	KL	17.133	H
16	16.937	EF	22.333	EF	19.650	E
17	9.800	J	18.367	J	14.083	K
18	13.290	H	21.100	GH	17.200	H
19	14.500	G	19.600	I	17.050	H
20	10.467	IJ	15.200	MN	12.833	M
21	<b>20.267</b>	<b>A</b>	20.900	H	20.583	D
22	6.857	LM	10.200	Q	8.533	Q
23	11.023	I	15.633	LM	13.333	LM
24	<b>20.113</b>	<b>A</b>	22.267	EF	21.200	BD
25	17.367	DE	21.867	FG	19.617	E
26	7.267	KL	<b>8.167</b>	<b>R</b>	7.717	R
27	7.467	KL	10.800	Q	9.133	P
28	16.247	F	25.000	B	20.633	D
29	18.580	BC	24.667	BC	21.633	BC
30	18.500	BC	18.367	J	18.433	F
31	18.820	BC	23.867	CD	21.333	BC
32	<b>6.247</b>	<b>M</b>	<b>7.867</b>	<b>R</b>	<b>7.067</b>	<b>S</b>
33	7.290	KL	11.000	Q	9.150	P
34	7.980	K	14.000	O	11.000	N
35	7.263	KL	12.600	P	9.917	O
<b>Ortalama</b>	14.434	B	18.253	A	16.344	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama patlama hacmi değerleri  $7.067\text{-}23.350 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer  $21.633 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$

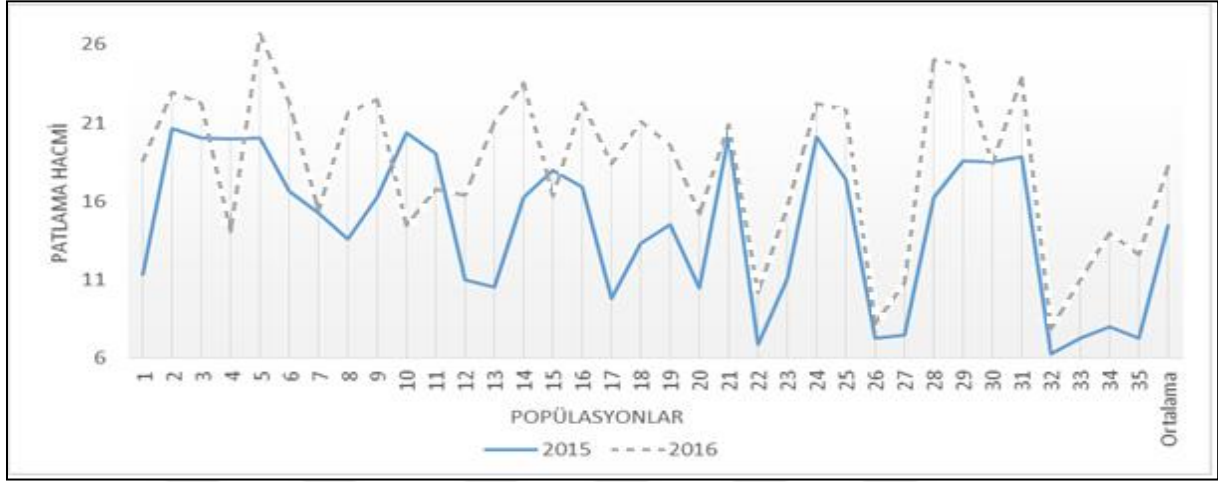
olarak elde edilmiştir. Patlama hacmi en düşük genotip 32 nolu genotip olup, en yüksek olan genotip ise 5 nolu genotip olmuştur. Genotiplerden 32 ve 5 nolu olan genotipler birbirlerinden ve diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklılıkları önemli düzeyde olmuş ve gruplandırıldığında her biri ayrı bir grupta yer aldığı görülmüştür. Patlama hacmi yüksek olan genotiplerden ikinci sırada  $21.817 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 2 nolu genotip yer almış ve onu izleyen 24, 29 ve 31 nolu genotiplerin  $21.200$ ,  $21.633$  ve  $21.333 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değerleri ile bağlantılı olduğu ancak diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Diğer taraftan 21 ve 28 nolu genotipler  $20.583$  ve  $20.633 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değerlerle istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve aynı zamanda  $21.150 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  değere sahip 3 nolu genotiple bağlantılı olduğu görülmüştür. Sonraki grupta 6, 9, 14, 16 ve 25 nolu genotipler yer almış ve bu genotipler sırasıyla  $19.483$ ,  $19.383$ ,  $19.883$ ,  $19.650$  ve  $19.617 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmi değerleri ile diğer genotiplerden yüksek varyasyon göstermişlerdir. En düşük patlama hacmi değerini ikinci sıradan 26 ( $7.717 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) nolu genotip takip ederken, onu da  $8.533 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 22 nolu genotip izlemiş ve bu genotiplerin birbirinden ve diğer genotiplerden önemli derecede farklı olduğu belirlenmiştir. Dördüncü grupta  $9.133$  ve  $9.150 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 27 ve 33 nolu genotipler, beşinci grupta  $9.917 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 35 nolu genotip, altıncı grupta  $11.000 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 34 nolu genotip yer almıştır. Onları takiben 20 ( $12.833 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) nolu genotip yer alırken 23 ( $13.333 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$ ) nolu genotiple de bağlantılı olduğu belirlenmiştir. Diğer taraftan  $14.083 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 17 nolu genotip,  $13.650 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 12 nolu genotip dışında diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Otuz nolu genotip  $18.433 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmine sahip olmuş ve  $17.917 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmine sahip olan 11 nolu genotiple bağlantılı bulunmuştur. Diğer bir genotip olan 1 nolu genotip  $14.967 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmi ile bir grupta,  $15.800 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 13 nolu genotip başka bir grupta yer alırken,  $15.317 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  ile 7 nolu genotipin her iki genotiple bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir.

Geriye kalan genotiplerden 4, 15, 18 ve 19 nolu genotipler sırasıyla  $17.017$ ,  $17.133$ ,  $17.200$  ve  $17.050 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmi değerleri ile istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve ayrıca  $17.633$  ve  $17.433 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  patlama hacmine sahip olan 8 ve 10 nolu genotiplerle bağlantı bulunmuştur.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlama hacmi ( $\text{g cm}^{-1}$ ) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 18'de verilmiştir.

Patlama hacmi verileri incelendiğinde yıllar arasında önemli farklılıklar olduğu Şekil 4.18'de görülmüştür. Genel olarak genotiplerin 2016 yılı patlama hacmi verileri daha yüksek elde edilmiş olmakla birlikte sadece 4, 10 ve 15 nolu genotiplerin patlama hacimlerinin 2015

yılında 2016 yılına nazaran biraz daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Her iki yıla ait verilerde benzerlik gösteren genotiplerin ise 7, 21 ve 30 nolu genotipler olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4. 18. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlama hacmi ( $\text{g cm}^{-1}$ ) verilerine ait karşılaştırma

Patlama hacmi cin mısıra özgü bir karakterdir. Dolayısı ile genetik açıdan cin mısırın saflığı patlama kalitesini ve hacmini doğrudan etkilemektedir. Diğer taraftan, tane iriliği, tane nemi, ısı miktarı ve patlatma yöntemlerine bağlı olarak ta değişikliğe neden olmaktadır. Denememizde yıllara göre farklılığın tane iriliğine, nişasta ve protein içeriğine göre bağlı olarak patlama hacminin de değiştiği belirlenmiştir. Kullanılan genotiplere ait tanelerin farklı boyutlarda oluşu ve genotiplerin popülasyon olmasından dolayı sert mısırdan döl almış olabileceği bize, özellikle 22, 26, 27, 32 ve 33 nolu genotiplerin patlama hacminin diğerlerine nazaran daha düşük olmasının nedeni olabileceğini düşündürmüştür.

Patlama hacmi özelliği cin mısırın endüstriyel ve ticari açıdan işlenebilirliği ve pazarlanabilirliğini etkileyen en önemli özelliktir.

Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş mısır hattı ve onlardan elde edilen yoklama melezlerinde patlama hacminin  $17.87-25.33 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  arasında değiştiğini ve hatlara ait patlama hacmi değerlerinin melezlerden daha yüksek olduğunu tespit etmişlerdir. Sakin ve ark. (2005) tek melez, üçlü melez ve açık tozlanan cin mısır genotiplerinde patlama hacmini  $35.3-35.5 \text{ cm}^3 \text{ g}^{-1}$  olarak belirlemişler ve patlama hacminin hibrit genotiplerde, açık tozlanan genotiplerden daha yüksek olduğunu tespit etmişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) Karaman



koşullarında 12 cin mısır çeşidine ait patlama hacmi değerini 18.5-35.25 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir.

Silva ve ark. (2010) 10 cin mısır hattı ve bunlardan elde edilen 45 melez mısır genotipinin patlama hacmini 31.43-35.67 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiğini ve bu değişikliğin genotiplerin farklılığından kaynaklandığını bildirmişlerdir. Öz ve Kapar (2011) 18 adet hibrit cin genotipi ve 4 adet ticari cin mısır çeşidiyle yapmış oldukları çalışmada patlama hacminin 38.2-45.6 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiği ve genotipler arasındaki varyasyonun istatistiksel olarak önemli olduğunu kaydetmişlerdir. Sweley ve ark. (2012) 3 farklı hibrit cin mısırı 3 farklı bölgedeki çalışmalarında tanelerde patlama hacminin 44.7-47.3 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında varyasyon gösterdiğini kaydetmişlerdir. Mujahidi (2014) farklı cin mısır hatlarının kombinasyon yeteneğini belirlemek için yapmış olduğu çalışmada patlama hacminin 18.9-34.8 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmiştir.

İdikut ve ark. (2015) toplamda 13 cin mısır genotipinde patlama hacminin 10-22 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değişmekle genotipler arasında ki farklılığın patlama hacminde önemli varyasyonlara neden olduğunu bildirmişlerdir. Jelena ve ark. (2015) 4 farklı nem içeriğine sahip 12 farklı hibrit cin mısır çeşidine patlama hacmini 28.67-41.33 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olarak belirlemişlerdir. Akçalı ve Şahin (2016) farklı yağ çeşidi ve farklı yağ miktarlarının cin mısırdaki patlama hacmine olan etkilerini incelediği çalışmalarında yağ çeşit ve miktarına bağlı olarak patlama hacminin 9.61-26.20 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Öztürk ve ark. (2016) 35 cin mısır hattının patlama hacmini 8.3-29.3 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olarak belirlemişler ve sonuçların değerlendirilmesi sonucu patlama hacmi ile tane iriliği arasında pozitif, patlamayan tane oranı ile patlama hacmi özellikleri arasında negatif bir ilişki olduğunu belirlemişlerdir. Ranathunga ve ark. (2016) mısırın patlatılması esnasında farklı miktarda yağ ve tuz eklemenin patlama hacmine ve oranına olan etkisini araştırdıkları çalışmada patlama hacminin 8.86-12.29 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Patlama hacmine yönelik elde ettiğimiz sonuçlar önceki çalışmalarla uyum içerisinde olmakla birlikte bazı çalışmalarda patlama hacminin yüksek olmasının kullanılan materyalin hibrit olmasından kaynaklandığı görülmüştür. Ayrıca, cin mısırdaki patlama hacminde gözlemlenen varyasyonların tane genişliğinin, küreselliğinin, renk değerlerinin (Ertaş ve ark., 2008; Mishra ve ark., 2014), tohum ağırlığının (Allred Coyle ve ark., 2000), nem içeriğinin, patlatma metodunun, sıcaklığının ve süresinin, genotipin, yetiştiği ekolojik koşulların ve yetiştirilme yönteminin etkili olduğu (Ertaş ve ark., 2009; Ceylan ve Karababa, 2001; Allred Coyle ve ark., 2000) yapılan çalışmalarla tespit edilmiştir.

#### 4. 1. 19. Patlayan tane oranı (%)

Araştırmamızda 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş patlayan tane oranı (%) özelliğinin varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 37 'de; ortalama değerler ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar ise Çizelge 4. 38'de verilmiştir.

Çizelge 4. 37. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlayan tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.33	0.79	2	1.36	0.64	2	1.258	0.99
Genotip	34	177.80	423.67**	34	81.45	38.36**	34	217.116	170.83**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	2776.377	2184.51**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.434	0.34
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	42.129	33.15**
Hata	68	0.42	-	68	2.12	-	136	1.271	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 37'de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre patlayan tane oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri arası farklılıklar % 1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 38 incelendiğinde ise, patlayan tane oranı bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde patlayan tane oranı değerlerinin % 62.177-95.467 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 87.737 olduğu belirlenmiştir. Buna göre patlayan tane oranı en az olan genotip 26 nolu genotip, en fazla olan genotipin ise 16 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Genotiplerden 26 ve 16 nolu olan genotipler birbirlerinden ve diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklılıkları önemli düzeyde olmuş ve gruplandırıldığında her biri ayrı bir grupta yer aldığı görülmüştür. Patlayan tane oranı en fazla olarak ikinci sırada % 90.513 ile 2 nolu genotip yer almış ve onu takip ederek üçüncü sırada yer alan 11 nolu (% 89.593) genotiple

istatistiksel olarak aralarında ki farklılık önemsiz çıkmış ve diğer genotiplerden farklı olarak aynı grupta yer almışlardır. Daha sonraki grupta 4, 5, 14 ve 29 nolu genotipler yer almışlar ve sırasıyla % 86.957, 87.640, 87.030 ve 87.737 patlayan tane oranları ile istatistiksel olarak aynı grupta yer alıp diğer tüm genotiplerden önemli düzeyde farklı çıkmışlardır. Başka bir grupta yer alan 19 nolu genotipin ise % 85.670 patlayan tane oranına sahip olduğu sırasıyla % 85.347, 85.417 ve 85.253 oranları ile 6, 17 ve 25 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği istatistiksel olarak belirlenmiştir. En düşük patlayan tane oranına ikinci sırada sahip olan 22 nolu genotipin % 65.043 değerini aldığı % 66.043 ile 34 nolu genotip hariç diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği kaydedilmiştir. Diğer taraftan % 66.420 patlayan tane oranına sahip olan 27 nolu genotip te 34 nolu genotiple bağlantılı olduğu ve diğer genotiplerden önemli farklılığa sahip olduğu gözlenmiştir. Tek başına bir grupta yer almış olan ve hem birbirlerinden hem de diğer genotiplerden farklılığının önemli olduğu belirlenene 9 ve 35 nolu genotipler sırasıyla % 76.253 ve 71.510 patlayan tane oranına sahip oldukları kaydedilmiştir. Patlayan tane oranı 9 ve 35 nolu genotiplerin arasında yer alan 31 nolu (% 72.807) 12 nolu (% 73.733) genotiple, 1 nolu (% 75.183) 32 nolu (% 74.497) genotiple istatistiksel olarak bağlantılı olup diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdikleri belirlenmiştir. Diğer bir geçiş grubunda 3, 18 ve 23 nolu genotipler yer almışlar ve patlayan tane oranları sırasıyla % 84.290, 84.340 ve 84.207 olarak tespit edilmiştir. Onüç nolu genotip % 79.870 ile patlayan tane oranı bakımından aşağı yukarı ortalama bir değer almış, % 80.420 ile 21 nolu genotip ve % 80.287 ile 28 nolu genotipler hariç istatistiksel olarak diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Geriye kalan 7, 8, 10, 15, 20, 24, 30 ve 33 nolu genotipler sırasıyla % 83.810, 82.250, 81.980, 81.523, 81.070, 82.870, 82.810 ve 81.970 patlayan tane oranları ile birbirleri ile bağlantılı geçiş gruplarını oluşturdukları kaydedilmiştir.

Çizelge 4. 38. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlayan tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler, standart hata değerleri ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	75.183	P	87.737	KL	81.462	LM
2	90.513	B	95.364	AB	92.938	B
3	84.290	EG	91.826	DG	88.058	EH
4	86.957	C	94.835	AC	90.895	C
5	87.640	C	85.758	LM	86.700	HI
6	85.347	DF	89.388	FK	87.367	FI
7	83.810	GH	92.560	CE	88.185	EH
8	82.250	IJ	93.414	BD	87.832	EH
9	76.253	O	85.864	LM	81.058	LM
10	81.980	IK	92.471	CE	87.227	GI
11	89.593	B	88.009	JL	88.800	DF
12	73.733	QR	88.547	JK	81.140	LM
13	79.870	N	84.929	M	82.398	L
14	87.030	C	91.419	DI	89.223	DE
15	81.523	JL	88.762	IK	85.143	JK
16	<b>95.467</b>	<b>A</b>	<b>96.566</b>	<b>A</b>	<b>96.017</b>	<b>A</b>
17	85.417	DE	94.553	AC	89.985	CD
18	84.340	EG	89.084	GK	86.712	HI
19	85.670	D	91.627	DH	88.648	DG
20	81.070	KM	88.338	JL	84.703	K
21	80.420	LN	83.146	MN	81.783	L
22	65.043	U	81.946	NO	73.495	P
23	84.207	FG	84.083	MN	84.145	K
24	82.870	HI	91.911	DF	87.390	FI
25	85.253	DF	90.702	DJ	87.978	EH
26	<b>62.177</b>	<b>V</b>	78.178	PQ	<b>70.177</b>	<b>Q</b>
27	66.420	T	79.379	PQ	72.900	P
28	80.287	MN	88.925	IK	84.607	K
29	87.737	C	91.821	DG	89.777	CD
30	82.810	HI	89.800	EK	86.305	IJ
31	72.807	R	80.270	OP	76.538	O
32	74.497	PQ	<b>77.342</b>	<b>Q</b>	75.920	O
33	81.970	IK	78.449	PQ	80.208	M
34	66.043	TU	84.473	MN	75.258	O
35	71.510	S	85.038	M	78.275	N
<b>Ortalama</b>	80.628	B	87.900	A	84.264	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.05$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

İkinci yıla ait patlayan tane oranı verilerinin % 77.342-96.566 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 91.821 olduğu belirlenmiştir. Patlayan tane oranı en düşük

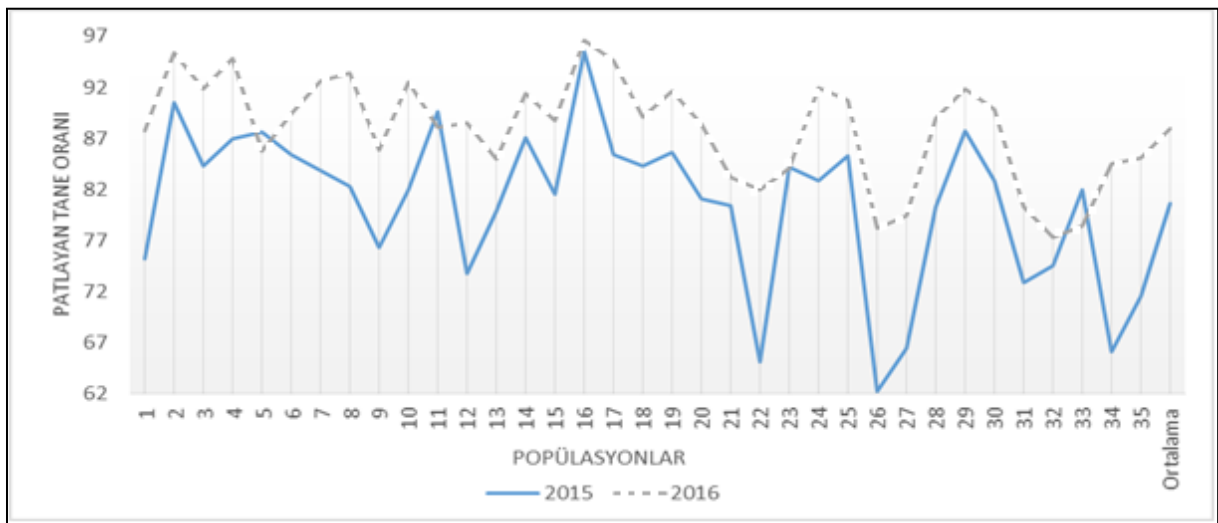
olan genotip 32 nolu genotip olmuş ve % 78.178, 79.379 ve 78.449 patlayan tane oranı sahip 26, 27 ve 33 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden farklılığı istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. En yüksek patlayan tane oranı 16 nolu genotipten elde edilmiş ve 16 nolu genotipin % 95.364, 94.835 ve 94.553 tane oranlarına sahip 2, 4 ve 17 nolu genotiplerle bağlantılı bir grup oluşturduğu kaydedilmiştir. Patlayan tane oranı yüksek olan diğer genotiplerden 7, 8 ve 10 nolu genotipler % 92.560, 93.414 ve 92.471 ile bir geçiş grubunu, 3, 14, 19, 24, 25 ve 29 nolu genotipler sırasıyla % 91.826, 91.419, 91.627, 91.911, 90.702 ve 91.821 ile başka bir geçiş grubunu oluşturmuşlardır. İncelenen diğer genotiplerden 13 ve 35 nolu genotipler % 84.929 ve 85.038 patlayan tane oranı ile istatistiksel olarak aynı grupta yer almış, % 85.758, 85.864, 83.146, 84.083 ve 84.473 patlayan tane oranları ile 5, 9, 21, 23 ve 34 nolu genotipler dışında diğer genotiplerle aralarındaki farklılık önemli bulunmuştur. Geriye kalan genotiplerden 22 (% 81.946) ve 31 (% 80.270) nolu genotipler; 1 (% 87.737), 11 (% 88.009), 12 (% 88.547), 15 (% 88.762), 20 (% 88.338) ve 28 (% 88.925) nolu genotipler; 6 (% 89.388), 18 (% 89.084) ve 30 (% 89.800) nolu genotipler kendi aralarında geçiş gruplarını oluşturdukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.38).

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama patlayan tane oranı değerleri % 70.177-96.017 arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer % 89.777 olarak elde edilmiştir. Patlayan tane oranı en düşük genotip 26 nolu genotip olup, en yüksek olan genotip ise 16 nolu genotip olmuştur. Patlayan tane oranı bakımından 26 ve 16 nolu genotipler istatistiksel olarak gruplandırılmada her biri ayrı grupta birbirlerinde ve diğer genotiplerden bağımsız olarak dağılım göstermiştir. En yüksek patlayan tane oranına ikinci sırada % 92.938 ile 2 nolu genotip yer almış ve istatistiksel olarak diğer genotiplerden farklılığı önemli bulunmuştur. Üçüncü sırada % 90.895 ile 4 nolu genotip yer aldığı, % 89.985 ve 89.777 patlayan tane oranına sahip olan 17 ve 29 nolu genotipler hariç diğer genotiplerden farklılığının önemli olduğu tespit edilmiştir. Onları takip eden sıralamada yer alan genotipler 11, 14 ve 19 nolu genotipler olmuş, sırasıyla % 88.800, 89.223 ve 88.648 patlayan tane oranına sahip olarak hem birbirleri ile hem de 17 ve 29 nolu genotiplerle geçiş grubunu oluşturdukları kaydedilmiştir. En düşük patlayan tane oranına ikinci sırada % 72.900 ile sahip olan 27 nolu genotipin, % 73.495 ile 22 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları ve diğer tüm genotiplerden önemli farklılığa sahip oldukları belirlenmiştir. Patlayan tane oranı en düşük olan genotiplerden üçüncü grubu 31, 32 ve 34 nolu genotipler oluşturduklarını ve sırasıyla % 76.538, 75.920 ve 75.258 değerlerine sahip oldukları tespit edilmiştir. Sıralamayı takiben en düşük dördüncü sırada % 78.275 ile 35 nolu genotip, beşinci

sırada % 80.208 ile 33 nolu genotiplerin yer aldığı, 35 nolu genotipin tüm genotiplerden farklı olarak tek başına bir grupta yer alırken, 33 nolu genotipin % 81.462, 81.058 ve 81.140 patlayan tane oranlarına sahip olan 1, 9 ve 12 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu gözlenmiştir. Diğer taraftan 13 ve 21 nolu genotiplerin patlayan tane oranlarının % 82.398 ve 81.783 olduğu ve 1, 9 ve 12 nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılıklara sahip oldukları kaydedilmiştir. Başka bir grubu oluşturan 20 (% 84.703), 23 (% 84.145) ve 28 (% 84.607) nolu genotiplerin 15 (% 85.143) nolu genotip dışındaki genotiplerle istatistiksel olarak önemli farklılık oluşturduğu belirlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 3, 7, 8 ve 25 nolu genotipler % 88.058, 88.185, 87.832 ve 87.978 değerleri ile istatistiksel olarak birbirlerinden farksız olup, aynı geçiş grubunda yer aldıkları ve 5, 6, 10, 18, 24 ve 30 nolu genotiplerin de % 86.700, 87.367, 87.227, 86.712, 87.390 ve 86.305 patlayan tane oranları ile birbirleriyle bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.38).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 19'da verilmiştir.

Şekil 4.19 incelendiğinde 2016 yılı genotiplere ait patlayan tane oranı değerlerinin daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Ancak 5, 11, 16, 23 ve 33 nolu genotiplere ait patlayan tane oranı değerleri her iki yılda da birbirlerine yakın çıktığı kaydedilmiştir. Patlayan tane oranı değerlerinin en düşük olduğu genotiplerin 22 ve 26 nolu genotipler olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4. 19. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Patlayan tane oranı tane kalitesine baęlı olarak deęişim göstermektedir. Tanede cin mısıra özğü nişasta içerięi farklılıklarına baęlı olarak tanede patlayan tane oranı ve patlama hacmini deęiştirmektedir. Tanede oluşan nişasta içerięi ve yapısı ise mısırın tane baęlama ve tane dolum döneminde bitkinin su ve nem ihtiyacının karşılanabilirliğine, hava sıcaklığına ve toprakta ki besin içerięinin miktarı ve bitki tarafından alınabilirliğine baęlı olmaktadır. denemenin ikinci yılında bu etmenler bakımından bitkiler 2015 yılına nazaran daha iyi durumda olmasından kaynaklı olarak patlayan tane oranında da artış olduęu düşünölmüştür.

Cin mısır ticaretinin patlama özellięi üzerine yapılması, kullanılan genotipte patlayan tane oranını ve patlama hacminin yüksek olmasını zorunlu hale getirmiştir. Bu nedenle üreticiler ve ıslah çalışması yapan araştırmacılar tanenin patlama oranının yüksek olması için özel uğraşlar vermektedirler.

Bu konuyla ilgili yapılan bazı araştırmalardan; Mujahidi (2014) çalışmasında 8 S<sub>5</sub> cin mısır hattı (dişi), 4 tester (erkek) ve bunların melezlenmesi sonucu oluşan 32 F<sub>1S</sub> cin mısır genotiplerinin patlama oranının 88.3-98 % arasında deęiştini belirlemiştir. Ranathunga ve ark. (2016) cin mısırdaki patlama ile ilgili parametrelere yağ ve tuz miktarlarından etkilerini araştırmışlar ve patlayan tane oranının ortalama olarak 84.96 % olduğunu bildirmişlerdir.

Yapılan tüm çalışmalarda, patlayan tane oranı ile ilgili verilerin varyasyon düzeyi tanenin nem içeriğine, karbonhidrat ve nişasta içerięine, tane kabuğunun incelięine, patlatma metoduna, sıcaklığına ve süresine, genotipe, yetiştini ekolojik koşullara ve yetiştirilme yöntemine baęlı olarak deęiştini (Ertaş ve ark., 2009; Ceylan ve Karababa, 2001; Allred Coyle ve ark., 2000) bilinmektedir. Bizim elde ettiğimiz sonuçlar ise önceki çalışmalarla uyumlu çıktığı kaydedilmiştir.

#### **4.1.20. Patlamayan tane oranı (%)**

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısırdaki genotiplerinin patlamayan tane oranı (%) özellięi bakımından 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş deęerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 39'de, ortalama deęerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 40'de verilmiştir.

Çizelge 4. 39. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş patlamayan tane oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.47	2.09	2	0.30	1.13	2	0.04	0.17
Genotip	34	186.46	836.23**	34	74.76	279.15**	34	212.64	842.44**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	2798.24	11086.2**
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	48.58	192.46**
Hata	68	0.22	-	68	0.27	-	138	0.25	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 39'de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre patlamayan tane oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksyonu faktörleri arası farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 40 incelendiğinde ise, patlamayan tane oranı bakımından denemenin 2015, 2016 yılları ve iki yılın birleştirilmiş verilerin Duncan çoklu karşılaştırma testine göre farklı gruplar oluşturduğu gözlenmiştir. Bu analiz sonucuna göre, araştırmanın birinci yılı verilerinde patlamayan tane oranı değerlerinin % 4.533-37.823 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 12.263 olduğu belirlenmiştir. Buna göre patlamayan tane oranı en az olan genotip 16 nolu genotip, en fazla olan genotipin ise 26 nolu genotip olduğu belirlenmiştir. Gruplandırma analizinde 16 nolu genotipin tek başına bir grupta ve 26 nolu genotipin de ayrı bir grupta yer aldığı görülmüştür. Yapılan gruplandırmada genotiplerin gruplara dağılımı incelendiğinde, patlamayan tane oranının yüksek olduğu ikinci grupta % 34.957 ile 22 nolu genotip, üçüncü grupta % 33.580 ve 33.957 ile 27 ve 34 nolu genotipler, dördüncü grupta % 29.527 ile 31 nolu genotip, beşinci grupta % 28.490 ile 35 nolu genotip, altıncı grupta % 27.150 ile 1 nolu genotipin yer aldığı ve her bir gruba ait genotipler birbirlerinden ve diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu belirlenmiştir. Patlamayan tane oranı en düşük ikinci grupta % 9.487 ile 2, % 9.073 ile 11 nolu genotiplerin yer aldığı ve birbirleri ile aralarındaki farklılığın istatistiksel olarak önemsiz olduğu kaydedilmiştir. Üçüncü grupta 4, 5, 14 ve 29 nolu genotipler yer almış, patlamayan tane oranı değerlerini sırasıyla % 13.043, 12.360, 12.970 ve 12.263 olarak tespit edilmiştir. Diğer grupta 6, 17, 19 ve 25 nolu genotipler yer almış ve sırasıyla % 14.653, 14.583, 14.330 ve 14.747 patlamayan tane oranı değerleri ile diğer genotiplerden istatistiksel olarak yüksek varyasyon göstermiştir. Onu takip eden grupta ise % 15.710, 16.190, 15.660 ve 15.793 patlamayan tane oranı ile 3, 7, 18 ve 23 nolu



genotipler yer almışlar ve bu genotiplerin aralarındaki farklılığın istatistiksel olarak önemli olmadığı gözlenmiştir. Başka bir grupta 24 nolu genotip % 17.130 ile, 30 nolu genotip % 17.190 ile istatistiksel olarak birbirlerinden farksız ve % 17.750 patlamayan tane oranı ile 8 nolu genotiple bağlantılı olduğu izlenmiştir. Diğer taraftan 10 (% 18.020) ve 33 (% 18.030) nolu genotipler ise 8 ve 15 (% 18.477) nolu genotiplerle bağlantılı diğer genotiplerle bağlantısız bir grupta yer aldıkları tespit edilmiştir. Geriye kalan genotiplerden 12 (% 26.267) ve 32 (% 25.503) nolu genotipler bir grupta, 9 (% 23.747) nolu genotip bir diğer grupta, 13 (% 20.230) nolu genotip ise başka bir grupta yer alırken aynı zamanda 21 (% 19.580) ve 28 (% 19.713) nolu genotiplerle bağlantılı bulunmuş ve son olarak 20 nolu genotip ise % 18.930 patlamayan tane oranı ile bir geçiş grubunda yer almıştır (Çizelge 4.39).

İkinci yıla ait patlamayan tane oranı verilerinin %3.767-22.658 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 8.179 olduğu belirlenmiştir. Patlamayan tane oranı en düşük olan genotip 16 nolu genotip olmuş ve diğer genotiplerden önemli farklılık nedeniyle tek başına bir grup oluşturmuştur. En yüksek patlamayan tane oranı değeri ise 32 nolu genotipten elde edilmiş ve patlamayan tane oranı en fazla olarak üçüncü sırada yer alan % 21.551 ile 33 nolu genotipten istatistiksel olarak farklı olduğu ancak % 21.822 tane oranı ile 26 nolu genotip hem 32 hem de 33 nolu genotipler arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuştur. En yüksek patlamayan tane sayısını dördüncü sırada yer alan 27 nolu genotipin % 20.621 değerine sahip olurken istatistiksel olarak diğer tüm genotiplerden önemli farklılık göstermiştir. Beşinci sırada yer alan %17.730 ile 31 nolu genotipin %17.629 ile 35 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlardır. Patlamayan tane oranının en yüksekten düşüğe doğru gidildiğinde yedinci sırada yer alan genotipin % 16.521 ile 21 nolu genotipin % 15.917 ile 23 nolu genotiple aynı grupta yer aldıkları ve diğer tüm genotiplerden yüksek varyasyon gösterdiği kaydedilmiştir. Onu takip eden grupta patlamayan tane oranı % 14.292, 14.136, 15.071, 14.387 ve 14.194 olan, sırasıyla 5, 9, 13, 22 ve 34 nolu genotipler yer almışlar ve istatistiksel olarak aralarında fark olmadığı tespit edilmiştir. Daha sonra gelen 15 nolu genotipin olduğu ve % 13.238 patlamayan tane oranı ile % 12.453 ile 12 nolu genotip dışında diğer genotiplerden önemli farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Patlamayan tane oranı değerleri sırasıyla %12.263, 12.279 ve 11.991 olan 1, 6 ve 11 nolu genotiplerin 12 ve 20 (% 11.662) nolu genotiplerle bağlantılı bir grup oluşturdukları tespit edilmiştir. Diğer genotiplerden 30 nolu genotipin % 10.200 patlamayan tane oranına sahip olduğu, % 10.916 ile 18 ve % 11.075 ile 28 nolu genotipler dışında diğer genotiplerden farklılığının istatistiksel olarak önemli olduğu gözlenmiştir.

Çizelge 4. 40.Yerel cin mısır (*Zea mays everta*) genotiplerinde 2015, 2016 ve 2015-2016 yıllarının birleştirilmiş patlamayan tane oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	27.150	F	12.263	H	19.705	F
2	9.487	Q	4.636	N	7.062	R
3	15.710	N	8.174	KL	11.942	M
4	13.043	P	5.832	M	9.438	Q
5	12.360	P	14.242	F	13.300	JK
6	14.653	O	12.279	H	13.467	JK
7	16.190	N	7.774	L	11.982	M
8	17.750	LM	8.252	KL	13.002	KL
9	23.747	H	14.136	F	18.942	G
10	18.020	L	8.862	K	13.440	JK
11	9.073	Q	11.991	H	10.533	OP
12	26.267	G	12.453	GH	19.360	FG
13	20.130	I	15.071	F	17.602	H
14	12.970	P	8.248	KL	10.610	OP
15	18.477	KL	13.238	G	15.857	I
16	<b>4.533</b>	<b>R</b>	<b>3.767</b>	<b>O</b>	<b>4.150</b>	<b>S</b>
17	14.583	O	5.447	MN	10.015	P
18	15.660	N	10.916	IJ	13.288	JK
19	14.330	O	7.707	L	11.018	NO
20	18.930	JK	11.662	HI	15.297	I
21	19.580	IJ	16.521	E	18.050	H
22	34.957	B	14.387	F	24.672	C
23	15.793	N	15.917	E	15.855	I
24	17.130	M	8.089	KL	12.610	L
25	14.747	O	8.298	KL	11.522	MN
26	<b>37.823</b>	<b>A</b>	21.822	AB	<b>29.823</b>	<b>A</b>
27	33.580	C	20.621	C	27.100	B
28	19.713	IJ	11.075	IJ	15.393	I
29	12.263	P	8.179	KL	10.223	P
30	17.190	M	10.200	J	13.695	J
31	29.527	D	17.730	D	23.628	DE
32	25.503	G	<b>22.658</b>	<b>A</b>	24.080	CD
33	18.030	L	21.551	B	19.792	F
34	33.957	C	14.194	F	24.075	CD
35	28.490	E	17.629	D	23.058	E
<b>Ortalama</b>	19.467	A	12.166	B	15.817	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Bir diğer genotip olan 10 nolu genotip % 8.862 patlamayan tane oranı ile bir grupta, % 7.774 ve % 7.707 ile 7 ve 19 nolu genotiplerin başka bir grupta yer aldığı ancak, 3, 8, 14, 24, 25 ve

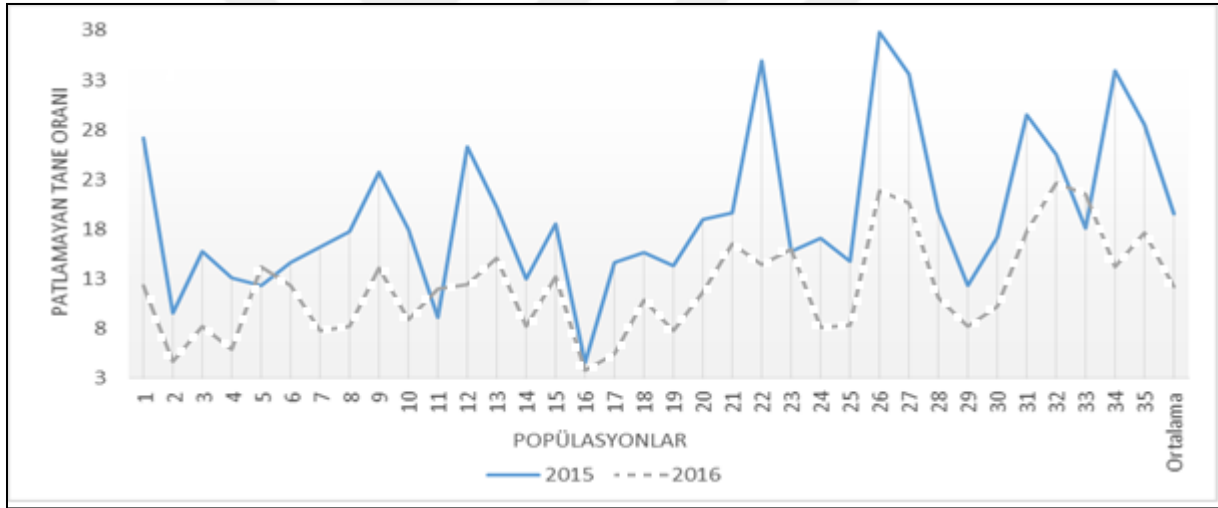
29 nolu genotipler sırasıyla % 8.174, 8.252, 8.248, 8.089, 8.298 ve 8.179 patlamayan tane oranı ile her iki grup arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir. Geriye kalan 4 nolu genotip % 5.832 patlamayan tane oranı ile bir grupta, % 4.636 ile 2 nolu genotip başka bir grupta yer alırken %5.447 ile 17 nolu genotipin iki grup arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.39).

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama patlamayan tane oranı değerleri % 4.150-29.823 arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer % 10.223 olarak elde edilmiştir. Patlamayan tane oranı en düşük genotip 16 nolu genotip olmuş, onu ikinci sırada % 7.062 ile 2 nolu genotip, üçüncü sırada % 9.438 ile 4 nolu genotip izlemiş ve her üç genotipinde birbirlerine ve diğer genotiplere olan farklılık istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. Patlamayan tane oranının en az olduğu belirlenen genotiplerden dördüncü sırada yer almış olan 17 (% 10.015) nolu genotipin % 10.223 değere sahip 29 nolu genotiple istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları ve ayrıca 11 ve 14 nolu genotiplerle de bağlantılı oldukları belirlenmiştir. On dokuz nolu genotipin ise 11, 14 ve 25 (% 11.522) nolu genotiplerle bağlantılı olduğu görülmüştür. Diğer taraftan % 11.942 ile 3 nolu genotip ve % 11.982 ile 7 nolu genotip patlamayan tane oranı bakımından aynı grupta yer alırlarken, 25 nolu genotip hariç diğer genotiplerden istatistiksel olarak farklı olduğu tespit edilmiştir. Başka bir grupta % 12.610 patlamayan tane oranı ile 24 nolu genotipin yer aldığı % 13.002 ile 8 nolu genotipin dışında diğerleri ile önemli farklılık göstermiştir. Otuz nolu genotipin ise % 13.695 patlamayan tane oranıyla 5 (% 13.300), 6 (% 13.467), 10 (% 13.440) ve 18 (% 13.288) nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Diğer gruplar incelendiğinde 15, 20, 23 ve 28 nolu genotipler % 15.857, 15.297, 15.855 ve 15.393 değerleri ile bir grupta, 13 ve 21 nolu genotipler % 17.602 ve 18.050 değerleri ile diğer grupta, başka bir grupta 1 (% 19.705) ve 33 (% 19.792) nolu genotip yer alırken, patlamayan tane oranı en yüksek olan 26 nolu genotipi ve onu izleyen 27 nolu genotipin ise % 27.100 değeri ile başka bir grupta yer aldığı ve her bir gruptaki genotiplerin grup dışı genotiplerden önemli düzeyde farklı olduğu tespit edilmiştir. Patlamayan tane oranını çok olduğu genotiplerden çoktan aza doğru üçüncü sırada yer alan 22 nolu genotipin % 24.672 değeri ile % 24.080 ve 24.075 değere sahip olan 32 ve 34 nolu genotipler dışında ki genotiplerle farklılıkların önemli olduğu belirlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden % 23.058 ile 35 nolu genotipin % 23.628 ile 31 nolu genotiple ve % 18.942 ile 9 nolu genotipin ise % 19.360 ile 12 nolu genotiple bağlantılı oldukları ve diğer genotiplerden farklılığının istatistiksel olarak önemli olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.40).

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlamayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 20’de verilmiştir.

Şekil 4.20. incelendiğinde patlamayan tane oranı bakımından genotiplere ait 2015 yılı verilerinin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Ancak 5, 11 ve 33 nolu genotiplere ait 2016 yılı verilerinin 2015 yılı verilerinden az farkla daha yüksek olduğu, 16 ve 23 nolu genotiplerin ise her iki yılda da aynı değerlere sahip olduğu görülmüştür.

2015 yılında kurulan deneme alanına ait toprak özelliklerinin 2016 yılındakine nazaran daha kumsal olması, yağışların daha fazla olması ile ekimin geç yapılmış olması ve parsellerde ki olması gereke bitki sayısında meydana gelen aksama neticesinde 2015 yılından elde edilen mısır tanelerinin tane kalitesinin 2016 yılından elde edilenlere nazaran daha düşük olduğu ve bu durumun patlama kalitesini doğrudan etkilediği tespit edilmiştir.



Şekil 4. 20. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında patlamayan tane oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Patlamayan tane sayısının fazla olması patlak mısır endüstrisi ve tüketiciler açısından istenmeyen bir özelliktir. Patlamayan tane sayısının fazla olması ticari açıdan zararın o oranda fazla olmasına neden olmaktadır ve bu yüzden de cin mısır ile ilgili çalışmalarda bu özelliğin incelenmesi ve geliştirilmesi büyük önem arz etmektedir.

Özkaynak ve Sabancı (2003) 15 kendilenmiş cin mısır ve bunlardan elde edilen yoklama melezlerinde patlamayan tane sayısı % 3.49-12.19 arasında değişmekle birlikte patlamamış tane oranı bakımından melez bitkilerin hatlardan daha yüksek değerler

gösterdiğini tespit etmişlerdir. Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısır çeşidinin Karaman koşullarına uygunluğunu araştırmışlar ve çeşitler arasında patlamayan tane oranının % 2.4-9.9 arasında değişiklik gösterdiğini kaydetmişlerdir. Sakin ve ark. (2005) çalışmalarında 7 tek melez, 7 çift melez ve 7 açık tozlanan popülasyon olmak üzere toplamda 21 adet cin mısır genotipinde patlamayan tane oranının % 3.3-6.1 arasında varyasyon gösterdiğini, genotipler arasında patlamayan tane oranı farklılıklarının istatistiksel olarak önemli olduğunu ve patlamamış tane oranının hibrit genotiplerde % 50 daha az olduğunu kaydetmişlerdir. Ertaş ve ark. (2008) araştırmalarında kullandıkları cin mısır genotiplerinde patlamamış tane oranının % 12-16 arasında belirlediklerini ve farklılığın tane neminden etkilendiğini kaydetmişlerdir.

Öz ve Kapar (2011) 22 cin mısır genotipinde patlamamış tane oranının % 2.8.1-10.1 arasında değiştiği ve bu değişikliğin genotipler arasında önemli farklılıklar oluşturduğunu kaydetmişlerdir. Sweley ve ark. (2012) 3 farklı hibrit mısırı 3 farklı ekolojik koşulda yetiştirmişler ve bunun neticesinde patlamayan tane oranının % 10.1-12.5 arasında değişiklik gösterdiğini belirlemişlerdir. İdikut ve ark. (2015) Kahramanmaraş koşullarında 13 yerel cin mısır genotipinde patlamamış tane oranı % 8-24 arasında değişmekle birlikte bu değişikliğin genotipler arasındaki farklılıktan kaynaklandığını kaydetmişlerdir. Akçalı ve Şahin (2016) patlatma esnasında eklenen farklı miktarlarda yağın patlamamış tane oranının % 0.27-1.56 arasında değişmesine neden olduğunu bildirmişlerdir. Öztürk ve ark. (2016) 35 cin mısır hattında patlamayan tane oranını % 1.8-35.4 arasında belirlemişler ve patlamayan tane oranının, patlama hacmi ve tane iriliği ile negatif bir ilişki içerisinde olduğunu bildirmişlerdir. Ranathunga ve ark. (2016) cin mısırın patlama oranına yağ ve tuzun etkilerini araştırmışlar ve yağ miktarına bağlı olarak patlamayan tane oranının (ortalama % 14.2) değişiklik gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Patlatma metodu (Ertaş ve ark., 2009), patlatma esnasında katkı maddelerinin eklenmesinin (Ceylan ve Karababa, 2004; Akçalı ve Şahin, 2016; Ranathunga ve ark., 2016), atmosferik basıncın (Hong ve Both, 2001; Quinn ve ark., 2005), ısıtıcının gücünün (Allred Coyle ve ark., 2000;2001), patlatma işleminin yapıldığı kabın (Allred Coyle ve ark., 2001), tane neminin (Ertaş ve ark., 2008), tane iriliğinin (Öztürk ve ark., 2016), tane kabuğunun kalınlığı (Srichomporn ve ark., 2013), tane zararı, genotiplerin (Sakin ve ark., 2005; Tekkanat ve Soylu, 2005; Ertaş ve ark., 2008; Öz ve Kapar, 2011; İdikut ve ark., 2015), mısır bitkisinin yetiştirildiği ekolojik koşulların (Sweley ve ark., 2012), genotiplerin hibrit olup olmasının (Özkaynak ve Sabancı, 2003; Sakin ve ark., 2005) patlamayan tane oranını etkilediği

bilinmektedir. Bizim çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlarında diğer çalışmalarla benzer sonuçlar gösterdiği kaydedilmiştir.

#### 4. 1. 21. Tanede protein oranı (%)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısırı genotiplerinin tanede protein oranı (%) özelliği bakımından 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 41’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 42’de verilmiştir.

Çizelge 4. 41’de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tanede protein oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde genotip, yıl ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri arası farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 41. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede protein oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.14	1.35	2	0.02	0.15	2	0.030	0.27
Genotip	34	0.75	7.26**	34	0.65	5.63**	34	0.899	8.20**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	1.419	12.94**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.127	1.16
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	0.503	4.59**
Hata	68	0.10	-	68	0.12	-	136	0.110	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 42 incelendiğinde ise, tanede protein oranı bakımından denemenin 2015 yılı verilerinde tanede protein oranı değerlerinin % 9.367-11.477 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 11.363 olduğu belirlenmiştir. Protein oranı en düşük olduğu belirlenen genotip 20 nolu genotip olmuş ve % 9.717 ve 9.697 protein oranı ile 1 ve 13 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Tanede protein oranına ait en yüksek değer 14 nolu genotipten elde edilmiş ve 14 nolu genotipin % 11.287, 11.070, 10.873, 10.877, 10.927, 11.187, 11.377, 11.270, 11.097, 11.050, 11.363, 10.870 ve 11.440 protein oranları ile 7, 8, 9, 10, 11, 15, 18, 22, 26, 28, 29, 31 ve 34 nolu genotipler hariç diğer genotiplerle olan farklılığı

Çizelge 4. 42.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede protein oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	9.717	LM	10.827	CH	10.272	IM
2	10.700	CK	11.493	AC	11.097	AE
3	10.183	JL	11.157	AG	10.670	EI
4	10.693	CK	10.660	DI	10.677	EI
5	10.130	LK	10.597	EI	10.363	HL
6	10.430	GK	11.263	AF	10.847	CG
7	11.287	AC	10.587	FI	10.937	BF
8	11.070	AG	11.203	AG	11.137	AE
9	10.873	AI	10.607	DI	10.740	CH
10	10.877	AI	10.297	HI	10.587	FK
11	10.927	AI	10.437	HI	10.682	EI
12	10.643	DK	<b>9.557</b>	<b>J</b>	10.100	LM
13	9.697	LM	10.637	DI	10.167	KM
14	<b>11.477</b>	<b>A</b>	11.597	AB	<b>11.537</b>	<b>A</b>
15	11.187	AE	11.437	AC	11.317	AB
16	10.413	HK	10.690	DI	10.552	FK
17	10.487	FK	10.397	HI	10.442	GL
18	11.377	AB	10.857	CH	11.117	AE
19	10.820	BI	10.877	CH	10.848	CG
20	<b>9.367</b>	<b>M</b>	10.397	HI	<b>9.882</b>	<b>M</b>
21	10.833	BI	10.563	GI	10.698	DI
22	11.270	AD	10.747	DI	11.008	BF
23	10.567	EK	11.273	AE	10.920	BF
24	10.290	IK	10.127	I	10.208	JM
25	10.647	DK	11.177	AG	10.912	BF
26	11.097	AF	11.133	AG	11.115	AE
27	10.347	IK	10.873	CH	10.610	FJ
28	11.050	AH	11.283	AD	11.167	AC
29	11.363	AB	10.600	EI	10.982	BF
30	10.633	DK	<b>11.673</b>	<b>A</b>	11.153	AD
31	10.870	AI	11.287	AD	11.078	BE
32	10.823	BI	10.590	FI	10.707	CI
33	10.810	BJ	10.943	BH	10.877	BG
34	11.440	AB	<b>11.610</b>	AB	11.525	A
35	10.470	FK	11.167	AG	10.818	CG
<b>Ortalama</b>	10.710	B	10.875	A	10.793	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. Onların ardından bağlantılı geçiş grubunu oluşturan 19, 21, 32 ve 33 nolu genotipler % 10.820, 10.833, 10.823 ve 10.810 protein oranlarına sahip

olmuşlardır. Daha sonra yer alan 2 ve 4 nolu genotiplerin protein oranının % 10.700 ve 10.693 olduğu ve sırasıyla % 10.430, 10.643, 10.413, 10.487, 10.567, 10.290, 10.647, 10.347, 10.633 ve 10.470 protein oranları ile 6, 12, 16, 17, 23, 24, 25, 27, 30 ve 35 nolu genotiplerle de bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan 3 ve 5 nolu genotiplerin ise % 10.183 ve 10.130 protein oranları ile bir geçiş grubunda yer aldığı tespit edilmiştir.

İkinci yıla ait tanede protein oranı verilerinin % 9.557-11.673 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 10.600 olduğu belirlenmiştir. Protein oranını en düşük olduğu genotip 12 nolu genotip olmuş ve istatistiksel olarak diğer genotiplerden ayrı bir grupta yer almıştır. Protein oranının en yüksek olduğu genotip ise 30 nolu genotip olurken, 2, 3, 6, 8, 14, 15, 23, 25, 26, 28, 31, 34 ve 35 nolu genotiplerin sırasıyla % 11.493, 11.157, 11.263, 11.203, 11.597, 11.437, 11.273, 11.177, 11.133, 11.283, 11.287, 11.610 ve 11.167 değerler olarak bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. En düşük tanede protein oranına ikinci sırada sahip olan 24 nolu genotip % 10.127 değer ile, protein oranları sırasıyla % 10.660, 10.597, 10.587, 10.607, 10.297, 10.437, 10.637, 10.690, 10.397, 10.397, 10.563, 10.747, 10.600 ve 10.590 olan 4, 5, 7, 9, 10, 11, 13, 16, 17, 20, 21, 22, 29 ve 32 nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerle önemli varyasyon gösterdiği belirlenmiştir. Geriye kalan 1, 18, 19, 27 ve 33 nolu genotiplerin % 10.827, 10.857, 10.877, 10.873 ve 10.943 protein oranı değerleri ile bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir.

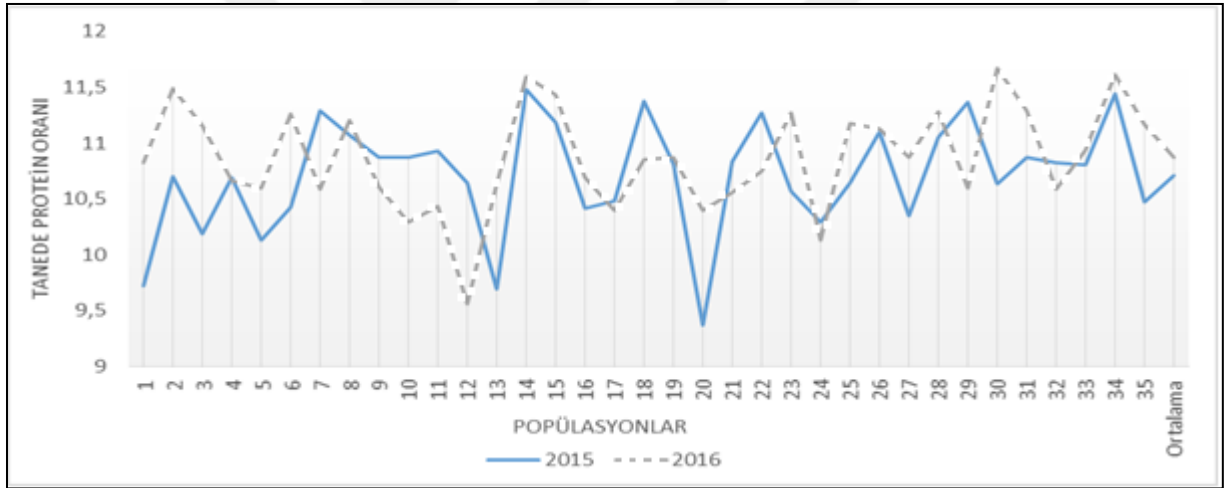
İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analiz sonucunda ortalama tanede protein oranı değerleri % 9.882-11.537 arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer % 10.982 olarak elde edilmiştir. Tanede protein oranı en yüksek olan genotipin 14 nolu genotip olduğu, onu ikinci sırada % 11.525 ile 34 nolu genotipin izlediği, her iki genotipin aynı grupta yer aldıkları ve % 11.097, 11.137, 11.317, 11.117, 11.115, 11.167 ve 11.153 protein oranına sahip olan sırasıyla 2, 8, 15, 18, 26, 28 ve 30 nolu genotipler dışında ki diğer genotiplerle aralarındaki farklılıkların istatistiksel olarak önemli olduğu kaydedilmiştir. En düşük protein oranına ise 20 nolu genotipin sahip olduğu ve % 10.272, 10.100, 10.167 ve 10.208 oranlarına sahip 1, 12, 13 ve 24 nolu genotiplerle bağlantılı bir grup oluşturdukları tespit edilmiştir. Onları takip eden genotipler % 10.363 ile 5 ve % 10.442 ile 17 nolu genotipler bir geçiş grubunu, % 10.587, 10.552 ve 10.610 protein oranıyla 10, 16 ve 27 nolu genotiplerin başka bir geçiş grubunu oluşturdukları gözlenmiştir. Protein oranıyla ilgili diğer genotipler incelendiğinde 3, 4, 9, 11, 21 ve 32 nolu genotipler sırasıyla % 10.670, 10.677, 10.740, 10.682, 10.698 ve 10.707 tanede protein oranıyla kendi aralarında, 6, 7, 19, 22, 23, 25, 29, 31, 33 ve 35 nolu genotipler ise sırasıyla % 10.847, 10.937, 10.848, 11.008, 10.920, 10.912, 10.982,



11.078, 10.877 ve 10.818 protein oranlarıyla kendi aralarında bağlantılı geçiş grubunu oluşturdukları belirlenmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede protein oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 21’de verilmiştir.

Şekil 4. 21 incelendiğinde genotiplere ait tanede protein oranı değerleri yıllara göre farklılıklar gösterdiği ve genel olarak 2016 yılına ait verilerin 2015 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Her iki yılda da tanede protein oranı değerleri birbirine yakın olan genotiplerin 4, 8, 14, 17, 19, 21, 24, 26, 33 ve 34 nolu genotipler olduğu kaydedilmiştir. Yıllar arasında farklılığın en fazla gözlemlendiği genotipler 1, 2, 3, 12, 20, 23, 30 ve 35 nolu genotipler olduğu, bu genotiplerin iklim ve çevre koşullarına olan hassasiyetinin diğer genotiplere nazaran daha fazla olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4. 21. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede protein oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Tanede protein oranı bitkinin özellikle genetik faktörler tarafından etkilenmekle birlikte, tane tutma ve tane doldurma dönemlerinde yaşanabilecek olan sıcaklık, nem ve bitkinin su ihtiyacına bağlı olarak değiştiği, nişasta oluşumu esnasında yaşanabilecek herhangi bir stres durumunda nişasta oluşumunun protein oluşumuna geçiş yaparak bitkilerin bir an önce tane oluşumunu tamamlama eğilimine girmesine neden olduğu düşünülmektedir.

Tekkanat ve Soylu (2005) 12 cin mısır çeşidinin Karaman koşullarına uygunluğunu belirlemek amacıyla tanenin kalite özelliklerini de incelemişler ve protein oranının % 9.0-11.3

arasında değerler gösterdiğini bildirmişlerdir. Vartanlı (2006) Ankara koşullarında yetiştirdiği 12 hibrit cin mısır çeşidinde tanede protein oranını % 6.21-8.65 olarak belirlemiştir. Vartanlı ve Emeklier (2007) Ankara koşullarında 12 melez mısır çeşidinde protein oranını % 6.21-8.65 arasında belirlemiştir. Berardo ve ark. (2009) 1245 mısır genotipinde protein oranındaki değişimi % 12.52-15.16 olarak belirlemiştir. Kalkan ve Sade (2009) 4 farklı hasat zamanının 3 farklı melez mısır çeşidinde tanedeki protein oranının % 9.93-10.45 arasında değişiklik gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Ali ve ark. (2010) Pakistan'da yaygın olarak yetiştirilen 2 mısır çeşidine su stresi uygulamış ve tanede protein oranını % 6.59-8.16 şeklinde bulmuşlardır. Karaşahin ve Sade (2011) 3 farklı olgunlaşma grubundan 3 farklı mısır çeşidinin, 4 farklı ekim sıklığının 2 farklı sulama yönteminde tanede protein oranının % 8.31-8.75 arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Aliu ve ark. (2012) Kosova'ya özgü 20 adet yerel mısır popülasyonunda tanede protein oranını % 11.02-13.02 kaydetmişlerdir. Sweley ve ark. (2012) 3 farklı hibrit cin mısırını 3 farklı bölgede yetiştirmiş ve yetiştirerek, tanede kalite özelliklerini incelenişler ve tanede protein oranını % 8.1-9.9 olarak kaydetmişlerdir. Bacchetti ve ark. (2013) 7 farklı mısır genotipini 5 farklı lokasyonda yetiştirmişler ve tanede protein oranını % 7.8-9.1 değiştiğini tespit etmişlerdir. Çağlayan Dumral (2015) 4 farklı mısır çeşidine farklı dozlarda çinko uygulamasında bulunmuş ve tanede protein oranının % 6.1-7.9 arasında değiştiğini bildirmiştir. Hafez ve Abdelaal (2015) bazı hibrit mısır çeşitlerinde farklı azot dozlarının etkilerini araştırmışlar ve tanede protein oranının % 8.38-10.95 arasında varyasyon gözlemlendiğini, bu varyasyonun azot miktarından olumlu etkilendiğini belirlemiştir. Khan ve Dubey (2015) 8 kendilenmiş mısır hattı ve bunların diallel melezlerinde protein oranının % 7.20-11.82 olduğunu tespit etmişlerdir. Sharifi ve Namvar (2016) azot uygulama zamanının tanede protein oranının % 10.1-14.3 arasında değişmesine neden olduğunu bildirmişlerdir. Singh ve ark. (2017) Hindistan koşullarında 3 farklı ekim zamanı, 3 farklı ekim sıklığı ve 3 farklı azot miktarı uygulamalarında tanede protein oranının % 6.52-10.03 arasında değişmesine neden olduğunu kaydetmişlerdir.

Yapılan çalışmalarda tanede protein oranının genotip farklılığından (Sangoi, 2001; Kılınç, 2016; ), azot (Bhat ve ark., 2008; Hafez ve Abdelaal, 2015; Singh ve ark., 2017) ve çinko (Çağlayan Dumral, 2015) içerikli gübre uygulamalarından, farklı ekolojik koşullardan (Sweley ve ark., 2012; Bacchetti ve ark, 2013), genotipin yerel (Aliu ve ark, 2012), hat veya melez (Khan ve Dubey, 2015) olmasının, ekim zamanının, ekim sıklığının (Karaşahin ve Sade, 2011; Singh ve ark., 2017), stres durumlarının (Ali ve ark., 2010) ve hasat zamanını

(Kalkan ve Sade, 2009; Kardeşin ve Sade, 2011) neden olduğu farklılıklardan varyasyon gösterdiği bildirilmiştir. Araştırmamızda elde ettiğimiz tanede protein oranı verileri daha önce yerel cin mısır popülasyonlarından elde edilen sonuçlarla uyumlu olduğu kaydedilmiştir.

#### 4. 1. 22. Tanede nişasta oranı (%)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısırı genotiplerinin tanede nişasta oranı (%) özelliği bakımından 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 43’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 44’de verilmiştir.

Çizelge 4. 43. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede nişasta oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.29	0.99	2	0.07	0.59	2	0.141	0.68
Genotip	34	5.59	19.01**	34	8.79	74.77**	34	8.064	39.17**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	4225.005	20524.1**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.221	1.07
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	6.322	30.71**
Hata	68	0.29	-	68	0.12	-	136	0.206	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 43’de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tanede nişasta oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıl, genotip ve yıl x genotip interaksyonu faktörleri bakımından farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 44 incelendiğinde ise, tanede nişasta oranı bakımından denemenin 2015 yılı verilerinde tanede nişasta oranı değerlerinin % 72.983-77.687 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 75.213 olduğu belirlenmiştir. Nişasta oranına sahip en düşük değer 14 nolu genotipten elde edilirken, % 73.117 ile 15 nolu genotip arasındaki farklılık istatistiksel olarak önemsiz olmasından dolayı aynı grupta yer almışlar ve ayrıca % 73.617, 73.353, 73.687, 73.383 ve 73.407 nişasta oranıyla 6, 21, 23, 31 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş gruplarını oluşturmuşlardır. Nişasta oranına ait en yüksek değer ise 20 nolu genotipten elde edilmiş olup, % 77.623 ile 17 nolu genotiple aynı grupta yer almışlar ve ayrıca % 76.800,

76.843, 77.170, 76.713, 77.097 ve 76.873 nişasta oranıyla 13, 16, 18, 24, 28 ve 33 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu gözlenmiştir. Onları takip eden 9, 10, 12 ve 25 nolu genotipler % 76.490, 76.320, 76.327 ve 76.370 tanede nişasta oranıyla geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Nişasta oranına göre diğer bir geçiş grubunu % 76.093, 75.370, 75.953, 75.480, 75.593 ve 75.797 oranları ile 1, 4, 5, 8, 27 ve 30 nolu genotiplerin oluşturduğu, % 74.793, 75.117, 75.197, 74.590, 75.213 ve 75.333 oranları ile 7, 11, 19, 26, 29 ve 34 nolu genotiplerin oluşturduğu kaydedilmiştir. Geriye kalan 2, 3, 22 ve 32 nolu genotipler ise % 74.477, 74.483, 74.417 ve 74.300 tanede nişasta oranı ile yine bir geçiş grubu oluşturmuşlardır.

İkinci yıla ait tanede nişasta oranı verilerininin % 62.027-69.277 arasında değişmekle birlikte diğer taraftan kontrol çeşidinde nişasta oranı % 69.277 olarak belirlenmiştir. Tanede nişasta oranı en düşük olan genotip 16 nolu genotip olarak belirlenmiş ve en yüksek oran ise 29 nolu genotipten elde edilmiştir. Tanede nişasta oranı en fazla olan ikinci genotip % 68.517 ile 35 nolu genotip yer almış ve sırasıyla % 68.513 ile 24, % 68.467 ile 33, % 68.453 ile 32, % 68.437 ile 27, % 68.323 ile 22 nolu genotiplerle istatistiksel olarak aynı grupta yer almışlar ve % 68.153 nişasta oranına sahip olan 20 nolu genotip hariç diğer tüm genotiplerle aralarındaki farklılık önemli bulunmuştur. Nişasta içeriği en az olan genotiplerden ikinci sırada % 63.603 ile yer alan 5 nolu genotipin % 63.837 nişasta oranına sahip 6 nolu genotip ile bağlantılı olduğu ve diğer genotiplerden önemli derecede farklılık oluşturduğu tespit edilmiştir. Diğer bir grupta % 64.470 ve 64.433 nişasta oranıyla 13 ve 21 nolu genotipler yer almışlar ve ayrıca 3 (% 64.683), 4 (% 64.363) ve 31 (% 64.767) nolu genotiplerle de bağlantılı oldukları görülmüştür. Onları takip eden genotipler incelendiğinde 14, 15, 18, 19 ve 23 nolu genotipler sırasıyla % 65.530, 65.643, 65.213, 65.350 ve 65.363 nişasta oranına sahip oldukları ve bir geçiş grubu oluşturdukları, % 66.250 nişasta oranı ile 34 nolu genotipin ise sırasıyla % 66.437, 66.433, 66.717, 66.530, 66.107 ve 66.693 nişasta oranı ile 1, 7, 8, 17, 28 ve 30 nolu genotiplerle bağlantılı başka bir grup oluşturduğu belirlenmiştir. Geriye kalan 2, 9, 10, 11, 12, 25 ve 26 nolu genotiplerin birbiri ile bağlantılı geçiş grupları oluşturdukları ve tanede nişasta oranınının sırasıyla % 67.453, 67.080, 67.157, 67.683, 67.530, 67.650 ve 66.943 olarak belirlendiği kaydedilmiştir (Çizelge 4.44).

Çizelge 4. 44.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede nişasta oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	76.093	CH	66.437	GH	71.265	GJ
2	74.477	KN	67.453	DE	70.965	IK
3	74.483	KN	64.683	LM	69.583	NP
4	75.37	GL	64.363	MN	69.867	MN
5	75.953	DH	63.603	O	69.778	MO
6	73.617	NP	63.837	NO	<b>68.727</b>	<b>R</b>
7	74.793	IM	66.433	GH	70.613	KL
8	75.480	FK	66.717	FH	71.098	HK
9	76.490	BF	67.080	DF	71.785	DG
10	76.320	BG	67.157	DF	71.738	DG
11	75.117	HM	67.683	CD	71.400	FI
12	76.327	BG	67.530	DE	71.928	DF
13	76.800	AE	64.470	M	70.635	KL
14	<b>72.983</b>	<b>P</b>	65.530	IJ	69.257	OR
15	<b>73.117</b>	<b>P</b>	65.643	IJ	69.380	NQ
16	76.843	AD	<b>62.027</b>	<b>P</b>	69.435	NQ
17	<b>77.623</b>	<b>A</b>	66.530	FH	72.077	CE
18	77.170	AB	65.213	JL	71.192	GK
19	75.197	HM	65.350	JK	70.273	LM
20	<b>77.687</b>	<b>A</b>	68.153	BC	<b>72.920</b>	<b>A</b>
21	73.353	OP	64.433	M	68.893	QR
22	74.417	LN	68.323	B	71.370	FJ
23	73.687	NP	65.363	JK	69.525	NP
24	76.713	AE	68.513	B	72.613	AC
25	76.370	BG	67.650	CD	72.010	DE
26	74.590	JM	66.943	EG	70.767	JL
27	75.593	FJ	68.437	B	72.015	DE
28	77.097	AC	66.107	HI	71.602	EH
29	75.213	HM	<b>69.277</b>	<b>A</b>	72.245	BD
30	75.797	EI	66.693	FH	71.245	GJ
31	73.383	OP	64.767	KM	69.075	PR
32	74.300	MO	68.453	B	71.377	FJ
33	76.873	AD	68.467	B	72.670	AB
34	75.333	GM	66.250	H	70.792	IL
35	73.407	OP	68.517	B	70.962	IK
<b>Ortalama</b>	75.373	<b>A</b>	66.403	<b>B</b>	70.888	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

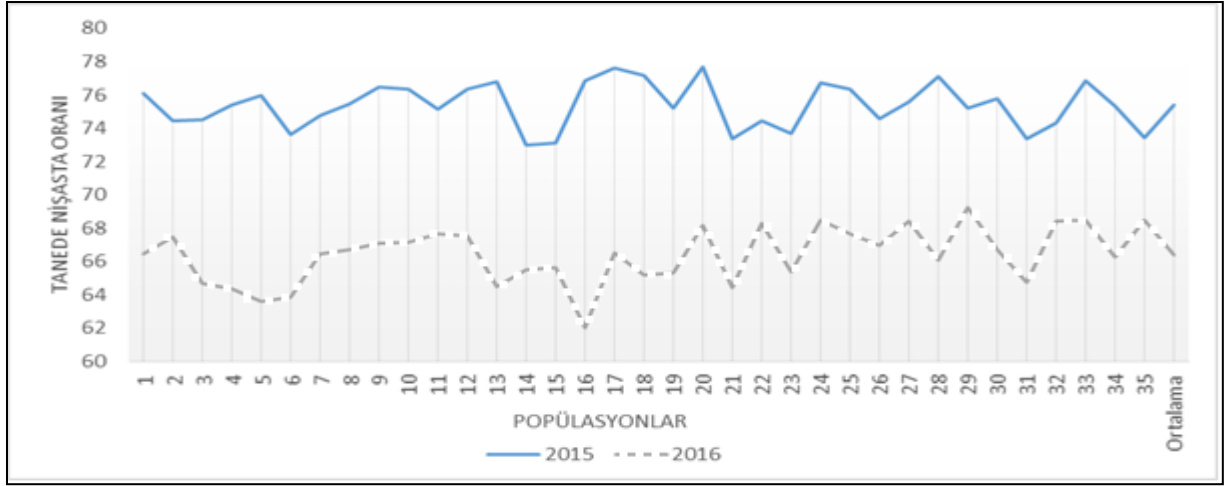
Her iki yıla ait verilerin birleştirilmesi sonucu oluşan ortalama değerler % 68.727-72.920 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 72.245 olduğu belirlenmiştir.

Tanede nişasta oranı en az 6 nolu genotipten, en fazla 20 nolu genotipten elde edilmiştir. İstatistiksel gruplandırmaya göre 6 nolu genotipin 14 (% 69.257), 21 (% 68.893) ve 31 (% 69.075) nolu genotiplerle; 20 nolu genotipin 24 (% 72.613) ve 33 (% 72.670) nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grupları oluşturduğu izlenmiştir. Nişasta oranı bakımından incelenen genotiplerden 3, 15, 16 ve 23 nolu genotiplerin nişasta oranlarının sırasıyla % 69.583, 69.380, 69.435 ve 69.525 olarak belirlendiği ve bir geçiş grubunu oluşturdukları gözlenmiştir. Diğer taraftan 3, 4, 5 ve 19 nolu genotiplerin de % 69.583, 69.867, 69.778 ve 70.273 nişasta oranları ile başka bir geçiş grubunu oluşturdukları tespit edilmiştir. Yine bir geçiş grubunda yer alan 34 nolu genotipin %70.792 nişasta oranına sahip olduğu ve aynı geçiş grubunda 2 (% 70.965), 7 (% 70.613), 13 (% 70.635), 19 (% 70.273), 26 (% 70.767), 34 (% 70.792) ve 35 (% 70.962) nolu genotiplerle bağlantılı olarak buldukları kaydedilmiştir. İstatistiksel olarak yapılan gruplandırmada 11, 22 ve 32 nolu genotiplerin % 71.400, 71.370 ve 71.377 ile kendi aralarındaki farklılığın önemli olmadığı ancak bir geçiş grubunu oluşturdukları izlenirken; 9, 10, 12, 25 ve 27 nolu genotiplerin de % 71.785, 71.738, 71.928, 72.010 ve 72.015 değerleri ile yine geçiş grubunda yer aldıkları gözlenmiştir. Geriye kalan 1, 8, 17, 18, 28, 29 ve 30 nolu genotiplerin ise sırasıyla % 71.265, 71.098, 72.077, 71.192, 71.602, 72.245 ve 71.245 nişasta oranı değerleri ile farklı geçiş gruplarını oluşturdukları belirlenmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede nişasta oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 22 verilmiştir.

Şekil 4. 22 incelendiğinde tanede nişasta oranı yıllara göre önemli farklılık göstermiştir. Nişasta oranı değerlerinin 2015 yılına ait denemede daha yüksek elde edildiği ve hiçbir genotipe ait değer her iki yıl için de benzer olmadığı anlaşılmıştır.

Nişasta oranı cin mısırdaki patlama kalitesini direkt olarak etkileyen bir parametre olmaktadır. Nem içeri %14 civarı olan bir genotipin patlama kalitesi ile nişasta oranı paralellik göstermektedir. Ancak denememize ait örneklerin patlatma esnasında % 14'lük nem içeri ile patlatılmış olmasına rağmen bu oranın öğütme ve kalite analizleri esnasında biraz daha düşmüş olabileceği ve böylelikle de nişasta oranları ile patlama kalitesi arasında farklılıkların meydana gelmiş olabileceği düşünülmüştür.



Şekil 4. 22. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede nişasta oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Konuyla alakalı daha önce yapılmış olan çalışmalardan; Kalkan ve Sade (2009) 3 farklı melez mısır çeşidinde 4 farklı hasat zamanı uygulamışlar ve protein ile nişasta oranı arasında negatif bir değişim olduğu bildirilmiştir. Alive ark. (2010) kuraklık stresi ile ilgili yaptıkları çalışmalarında 2 cin mısır çeşidinde nişasta içeriğinin % 58.33-67.00 arasında değiştiğini tespit etmişlerdir. Sweley ve ark. (2012) 3 farklı lokasyonda 3 farklı hibrit cin mısırı yetiştirmişler ve tanede nişasta oranlarının % 61.5-65.3 arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Aliu ve ark. (2012) Kosova'da yetiştirilen 20 yerel cin mısır popülasyonunda tanede nişasta içeriğinin % 67.39-72.15 arasında varyasyon gösterdiğini bildirmişlerdir.

İdikut ve Kara (2013), Kahramanmaraş koşullarında ikinci ürün mısır yetiştirme sezonunda 15 hibrit mısır çeşidinde tanede nişasta oranını % 57-63 olarak belirlemişlerdir. Dumral Çağlayan (2015) Aydın ilinde ana ürün olarak 4 farklı çeşide 4 farklı dozda çinko uygulamış ve mısırdaki tanede nişasta oranının % 60.8- 64.2 arasında değerler aldığını belirtmiştir. Khan ve Dubey (2015) 8 kendilenmiş mısır hattı ve bunların diallel melezlerinde tanede nişasta oranının % 61.09-66.61 arasında değiştiğini kaydetmişlerdir. Kahraman (2016), 15 tane mısır çeşidinde nişasta oranının % 71.5 1- 72.95 arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Kılınç (2016) 6 cin mısır çeşidinde nişasta oranının % 64.28-65.57 arasında varyasyon gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Mısır tanesindeki protein, nişasta ve yağ oranları bakımından çeşitler arasındaki farklılık önemli (İdikut ve Kara, 2013), hasat dönemlerinin etkisinin ise önemsiz (Kalkan ve Sade, 2009) bulunmuştur. Çinkonun yaprak gübresi olarak uygulanmasının kalite

parametreleri bakımından olumlu etki yaptığı belirtilmiştir (Dumral Çağlayan, 2015). Ayrıca mısırdaki nişasta oranının yağ (Yang ve ark., 2013) ve protein (Kalkan ve Sade, 2009) oranıyla olumsuz ilişkisi olduğu kaydedilmiştir. Yerel cin mısır popülasyonlarından elde ettiğimiz tanede nişasta oranı değerlerinin önceki çalışmalarda elde edilen değerlerle uyumlu olduğu kaydedilmiştir.

#### 4. 1. 23. Tanede yağ oranı (%)

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısırı genotiplerinin tanede yağ oranı (%) özelliği bakımından 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 45’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 46’de verilmiştir.

Çizelge 4. 45’de görüldüğü üzere, 2015 ve 2016 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tanede yağ oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıl, genotip ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri arası farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemsiz olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 45. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede yağ oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.02	0.23	2	0.03	0.46	2	0.048	0.63
Genotip	34	0.47	5.42**	34	0.64	9.92**	34	0.648	8.51**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	0.315	4.14*
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.002	0.03
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	0.469	6.16**
Hata	68	0.09	-	68	0.07	-	136	0.076	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*: p<0.05; \*\*: p<0.01 hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 46 incelendiğinde ise, tanede yağ oranı bakımından denemenin 2015 yılı verilerinin ortalama değerleri % 4.217-5.577 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 4.707 olduğu belirlenmiştir. Tanede yağ oranı en düşük genotip 20 nolu genotip, en yüksek olan ise 22 nolu genotip olarak belirlenmiştir. Tanede yağ oranı bakımından 20 nolu genotipin, % 4.527, 4.400, 4.727, 4.773, 4.507, 4.503, 4.627, 4.527, 4.640, 4.537, 4.390,



4.720, 4.467, 4.707, 4.693, 4.713 ve 4.347 yağ oranı değerleri ile 2, 3, 5, 9, 10, 12, 13, 16, 17, 18, 25, 27, 28, 29, 30, 32 ve 33 nolu genotipler hariç diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılıkları önemli bulunduğu tespit edilmiştir. Yağ oranı içeriği en fazla olan 22 nolu genotipin % 5.447 ile 8 ve % 5.443 ile 14 nolu genotiplerle istatistiksel olarak aynı grupta yer alırken, % 5.217, 5.090, 5.353, 5.417, 5.397, 5.363, 5.047, 5.200, 5.400, 5.007, 5.093, 5.180 ve 4.853 yağ oranına sahip 1, 4, 6, 7, 11, 15, 19, 21, 23, 24, 26, 31 ve 35 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturduğu kaydedilmiştir. Diğer taraftan 34 nolu genotipin ise % 4.853 yağ oranı ile bir geçiş grubunda yer aldığı tespit edilmiştir.

İkinci yıla ait tanede yağ oranı verilerinin % 3.753-5.863 arasında değişmekle birlikte diğer taraftan kontrol çeşidinde yağ oranı % 3.753 olarak belirlenmiştir. Tanede yağ oranı en düşük olan genotip 29 nolu genotip olmuş ve tüm diğer genotiplerden istatistiksel olarak önemli farklılık göstermiştir. En yüksek yağ oranı ise 6 nolu genotipten elde edilmiş olup, % 5.777 yağ oranı ile 5 nolu genotiple istatistiksel açıdan aynı grupta yer aldıkları ve % 5.460, 5.520, 5.480 ve 5.473 değerlere sahip 1, 16, 19 ve 21 nolu genotipler haricindeki genotiplerle önemli farklılığa sahip oldukları tespit edilmiştir. Yağ oranı bakımından en küçük ikinci değere sahip 9 nolu genotipin yağ oranının % 4.243 olduğu ve % 4.503, 4.530, 4.590, 4.497, 4.617, 4.243, 4.720, 4.677, 4.640, 4.697, 4.590, 4.413, 4.263, 4.680, 4.433, 4.650, 4.507 ve 4.337 yağ oranına sahip 2, 3, 4, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 20, 22, 24, 25, 27, 30, 31 ve 32 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu, geri kalan genotiplerle de yüksek varyasyona sahip olduğu belirlenmiştir. Diğer bir grupta yer alan % 5.087 yağ oranı ile 15 nolu genotip bir geçiş grubunda yer almış ve % 5.287 ve 5.217 yağ oranına sahip 14 ve 18 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu gözlenmiştir. Geriye kalan 17, 23, 26, 28, 33, 34 ve 35 nolu genotiplerin % 4.953, 4.953, 4.847, 4.810, 4.930, 5.010 ve 4.757 tanede yağ oranı değerleri ile diğer bir geçiş grubunu oluşturduğu ve birbirleri ile de bağlantılı olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.46).

Çizelge 4. 46.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede yağ oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

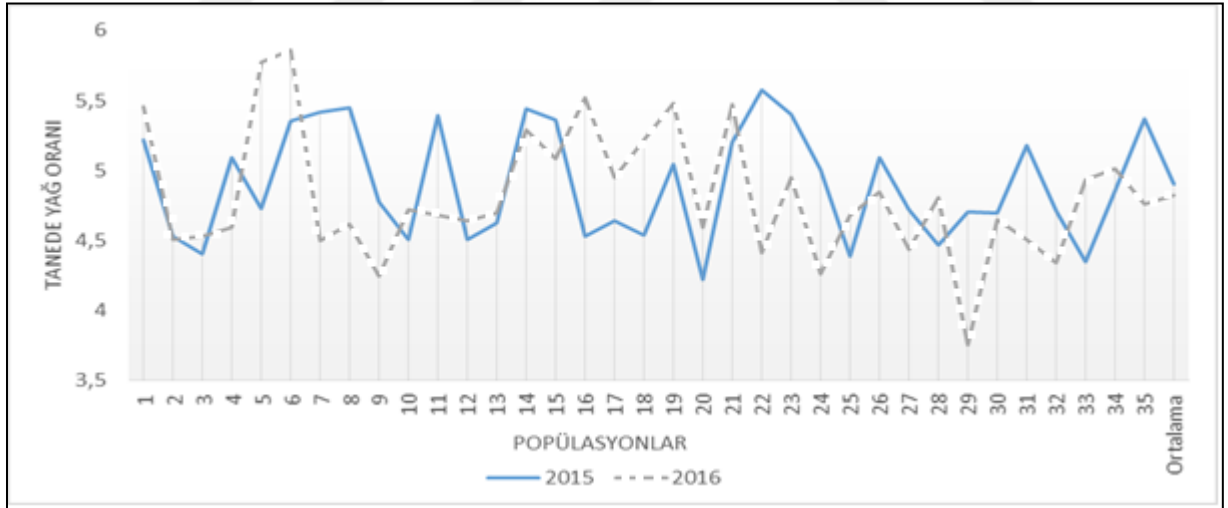
Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	5.217	AC	5.460	AC	5.338	AC
2	4.527	EI	4.503	GM	4.515	LO
3	4.400	HI	4.530	GM	4.465	MO
4	5.090	AF	4.590	FM	4.840	FM
5	4.727	CI	5.777	A	5.252	BE
6	5.353	AB	5.863	A	5.608	A
7	5.417	AB	4.497	HM	4.957	DJ
8	5.447	A	4.617	FM	5.032	BH
9	4.773	CI	4.243	M	4.508	LO
10	4.507	EI	4.720	FM	4.613	JN
11	5.397	AB	4.677	FM	5.037	BH
12	4.503	FI	4.640	FM	4.572	KO
13	4.627	DI	4.697	FM	4.662	HN
14	5.443	A	5.287	BD	5.365	AB
15	5.363	AB	5.087	BF	5.225	BE
16	4.527	EI	5.520	AB	5.023	BH
17	4.640	CI	4.953	DH	4.797	GM
18	4.537	EI	5.217	BE	4.877	EL
19	5.047	AG	5.480	AC	5.263	AD
20	4.217	I	4.590	FM	4.403	NO
21	5.200	AD	5.473	AC	5.337	AC
22	5.577	A	4.413	JM	4.995	BI
23	5.400	AB	4.953	DH	5.177	BF
24	5.007	AG	4.263	LM	4.635	IN
25	4.390	HI	4.680	FM	4.535	LO
26	5.093	AE	4.847	DJ	4.970	CJ
27	4.720	CI	4.433	IM	4.577	KO
28	4.467	GI	4.810	DK	4.638	IN
29	4.707	CI	3.753	N	4.230	O
30	4.693	CI	4.650	FM	4.672	HN
31	5.180	AD	4.507	GM	4.843	FM
32	4.713	CI	4.337	KM	4.525	LO
33	4.347	HI	4.930	DI	4.638	IN
34	4.853	BH	5.010	CG	4.932	DK
35	5.370	AB	4.757	EL	5.063	BG
<b>Ortalama</b>	4.899	A	4.822	B	4.861	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

Her iki yıla ait verilerin birleştirilmesi sonucu oluşan ortalama değerler % 4.230-5.608 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinden elde edilen değer en yüksek değer olan

% 4.230 olduğu belirlenmiştir. Tanede yağ oranının en az olduğu belirlenen 29 nolu genotip, % 4.515, 4.465, 4.508, 4.572, 4.403, 4.535, 4.577 ve 4.525 yağ oranına sahip 2, 3, 9, 12, 20, 25, 27 ve 32 nolu genotipler hariç diğer genotiplerle aralarındaki farklılık istatistiksel olarak önemli bulunmuştur. En fazla yağ oranına sahip genotipin 6 nolu genotip olduğu ve sırasıyla % 5.338, 5.365, 5.263 ve 5.337 değerlerine sahip 1, 14, 19 ve 21 nolu genotiplerle bağlantılı olduğunu, diğer genotiplerden ise önemli düzeyde farklı olduğu kaydedilmiştir. Onları % 5.252, 5.032, 5.037, 5.225, 5.023, 4.995, 5.177 ve 5.063 değerlerle izleyen 5, 8, 11, 15, 16, 22, 23 ve 35 nolu genotiplerin geçiş grubunu oluşturduğu tespit edilmiştir. Diğer taraftan 10, 13, 24, 28, 30 ve 33 nolu genotiplerin bir başka geçiş grubunu oluşturduğu ve sırasıyla % 4.613, 4.662, 4.635, 4.638, 4.672 ve 4.638 değerleri aldıkları gözlenmiştir. Geriye kalan genotiplerden 4, 17 ve 31 nolu genotipleri % 4.840, 4.797 ve 4.843 değerler ile bir geçiş grubunu, 7, 18, 26 ve 34 nolu genotiplerin ise % 4.957, 4.877, 4.970 ve 4.932 değerlerle başka bir geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir.

Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede yağ oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 23'de verilmiştir.



Şekil 4. 23. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede yağ oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Şekil 4. 23'e göre genotiplere ait tanede yağ oranı yıllara göre farklılık göstermiştir. Her iki yılda tanede yağ oranı farklılık göstermeyen ya da aralarında ki farklılığın az olduğu genotipler sırasıyla 2, 3, 10, 12, 13, 25 ve 30 nolu genotipler olmuştur. Yıllar arası tanede yağ

oranı farkı en fazla olan genotiplerin ise 5, 6, 7, 8, 16, 17, 18, 19, 22, 23, 24, 29, 31, 33 ve 35 nolu genotipler olduğu belirlenmiş ve bu farklılığın iklim ve çevrenin etkilerine karşı diğer genotiplere nazaran daha hassas olduğu tespit edilmiştir.

Tanede yağ oranı tane embriyosunun büyüklüğüne artmaktadır. Bu bakımdan düşünüldüğünde yağ oranının önemli ölçüde genotipin genetik yapısına bağlı olduğu, daha sonrasında ise dölleme ve tane dolun dönemlerinde iklim, çevre ve kültürel işlemlerin değişikliğinde etkilenecek değişiklik gösterebildiği belirlenmiştir.

Vartanlı ve Emekliler (2007) Ankara ekolojik koşullarında 12 adet hibrit mısır çeşidinde ham yağ oranını % 2.04-6.90 arasında kaydetmişlerdir. Berardove ark. (2009) tarafından yakın kızıl ötesi spektrofotometre (NIRS) kullanılarak toplamda 1245 mısır kullanarak yapılan çalışmada yağ oranındaki değişimi % 5.26-7.17 olarak belirlenmiştir. Kalkan ve Sade (2009) 3 farklı melez mısır çeşidi ve 4 farklı hasat zamanında yaptıkları bir çalışmada; mısır tanesindeki protein, nişasta ve yağ oranları bakımından çeşitler arasındaki farklılık önemli, hasat dönemleri ise önemsiz bulmuşlar ve en yüksek yağ miktarının embriyosu en büyük olan çeşitten elde ettiklerini bildirmişlerdir. Ali ve ark. (2010) kuraklık stresi uyguladıkları mısır bitkisinde tanede yağ içeriğinin % 2.39-3.92 arasında değiştiğini bulmuşlardır.

Aliu ve ark. (2012) Kosova yerel mısır popülasyonlarında yağ içeriklerinin % 2.56-5.57 olarak belirlemişlerdir. Sweley ve ark. (2012) çalışmalarında çevrenin tanede mineral içeriğini etkilediğini ve genotip çevre etkilerinin toplam yağ özelliği bakımından etkili olduğunu kaydetmişlerdir. Bacchetti ve ark. (2013) İtalya'da 5 farklı lokasyonda yürüttükleri çalışmalarında mısırdaki yağ oranının % 3.8-5.5 arasında bulunmuştur. Cengiz ve ark. (2014) 56 adet kendilenmiş mısır hattında kalite analizleri yapmışlar ve yağ oranının % 5.94 – 7.53 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Özata ve Kapar (2014), 20 adet atdişi hibrit mısır genotipinin Samsun ekolojik koşullarına uygunluğunu araştırmışlar ve tanede yağ oranının % 4.12 – 4.72 arasında değişim gösterdiğini bildirmişlerdir. Dumral Çağlayan (2015) 4 farklı mısır çeşidine 4 farklı dozda çinko gübresi uygulamış ve tanede yağ oranının % 2.7-3.3 arasında değiştiğini kaydetmiştir. Khan ve Dubey (2015) 8 kendilenmiş mısır hattı ve bunların diallel melezlerinde tanede yağ miktarının % 4.89-6.50 arasında varyasyon gösterdiğini kaydetmişlerdir. Hafez ve Abdelaal (2015) bazı hibrit mısırlara farklı dozlarda azot gübresi uygulamış ve tanede yağ içeriğinin % 4.25-5.45 arasında değiştiğini, ancak farklı azot dozlarının oluşturduğu farkın istatistiksel olarak önemli olmadığını tespit etmişlerdir.

Kahraman (2016)15 tane mısır çeşidinde ham yağ oranının % 3.19 – 4.57 arasında değişim gösterdiğini bildirmiştir.

Yang ve ark. (2013) bu çalışmalarında mısırdaki tanede yağ oranıyla nişasta oranını birbirleriyle olan ilişkisini araştırmak amacıyla yüksek yağ içeriğine sahip kendilenmiş mısır hattı ile normal kendilenmiş atdışi mısır melezlenerek elde edilen bireyler de dört farklı çevre şartında nişasta ve yağ içeriği arasındaki korelasyon fenotipik ve genotipik olarak önemli düzeyde olumsuz ilişki gösterdiğini gözlemlemişlerdir. Tanede yağ oranının ekim zamanlarının farklılığından kaynaklanan çevre ve iklim faktörlerinden etkilendiği (Koca, 2009) ve ayrıca yağ oranının tane iriliği ile pozitif ilişkili olduğu, tane büyüklüğü arttıkça yağ oranının da artacağı (Kırtok, 1998) belirlenmiştir. Bizim bulgularımızın da bu ölçülerde önceki çalışmalarla uyumluluk gösterdiği gözlenmiştir.

#### **4. 1. 24. Tanede kuru madde miktarı oranı (%)**

Araştırmamızda incelediğimiz yerel cin mısır genotiplerinin tanede kuru madde miktarı oranı (%) özelliği bakımından 2015 ve 2016 yılları ile iki yılın birleştirilmiş değerlerine ait varyans analiz sonuçları ve serbestlik dereceleri Çizelge 4. 47’de, ortalama değerleri ve Duncan çoklu karşılaştırma testine göre oluşan gruplar Çizelge 4. 48’de verilmiştir.

Çizelge 4. 47’de görüldüğü üzere, 2015 yılı verilerinden elde edilen sonuçlara göre tanede kuru madde miktarı oranı (%) özelliği bakımından genotipler arası farklılık %5 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli bulunmuştur. 2016 yılı verilerine göre genotipler arası farklılık %1 önem seviyesinde önemli bulunmuştur. İki yılın birleştirilmiş analizinde yıl, genotip ve yıl x genotip interaksiyonu faktörleri açısından farklılıklar %1 önem seviyesinde istatistikî olarak önemli olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4. 47. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynağı	2015			2016			2015-2016		
	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri	Serbestlik Derecesi	Kareler Ortalaması	F Değeri
Blok	2	0.17	1.20	2	0.07	0.95	2	0.158	1.45
Genotip	34	0.26	1.84*	34	1.11	14.81**	34	0.843	7.76**
Yıl	-	-	-	-	-	-	1	16.649	153.16**
YılxBlok	-	-	-	-	-	-	2	0.084	0.77
YılxGenotip	-	-	-	-	-	-	34	0.526	4.84**
Hata	68	0.14	-	68	0.08	-	136	0.109	-
Genel	104	-	-	104	-	-	209	-	-

\*:  $p < 0.05$ ; \*\*:  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde önemli

Çizelge 4. 48 incelendiğinde ise, denemenin 2015 yılı verilerinde tanede kuru madde miktarı oranı değerlerinin % 88.847-90.130 arasında değiştiği kontrol çeşidinin ise % 89.723 olduğu belirlenmiştir. Tanede kuru madde miktarı bakımından en düşük değer 2 nolu genotipten, en yüksek değer 7 nolu genotipten elde edilmiştir. Tanede kuru madde miktarı bakımından 2 nolu genotip % 89.690, 89.657, 89.930, 89.780, 89.617, 89.863, 89.653, 89.617, 89.747, 90.093 ve 89.723 değerlere sahip olan 3, 6, 8, 12, 14, 15, 19, 22, 26, 27 ve 29 nolu genotiplerle istatistiksel olarak farklı gruplarda yer alırken, % 88.847, 89.203, 89.277, 88.973, 88.980, 89.320, 89.260, 89.317, 89.307, 89.133, 89.357, 89.233, 89.353, 89.273 değerlere sahip 2, 9, 10, 16, 17, 18, 20, 21, 25, 28, 30, 31, 33 ve 34 nolu genotiplerle bağlantılı olduğu kaydedilmiştir. Diğer taraftan % 89.387, 89.420, 89.387, 89.600, 89.423, 89.413, 89.500, 89.557 ve 89.460 tanede kuru madde miktarı oranlarına sahip 1, 4, 5, 11, 13, 23, 24, 32 ve 35 nolu genotipler ise her iki grupta da yer alarak iki grup arasında bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır.

İkinci yıla ait tanede kuru madde miktarı oranı verilerinin % 87.127-89.593 arasında değişiklik gösterdiği, kontrol çeşidinin ise % 89.213 olduğu belirlenmiştir. Tanede kuru madde miktarı oranı bakımından en düşük değer 16 nolu genotipte gözlenirken, bu genotipin diğer tüm genotiplerden istatistiksel olarak farklılığının önemli olduğu tespit edilmiştir. En yüksek kuru madde miktarı oranına 7 nolu genotipin sahip olduğu, % 89.593 ile 15, % 89.583 ile 20, % 89.557 ile 25 nolu genotiplerin de istatistiksel olarak 7 nolu genotiple aynı grupta oldukları ve % 89.353, 89.133, 89.203, 89.373, 89.437, 89.140, 89.360, 89.173, 89.123, 89.213, 89.403, 89.320, 89.397, 89.123 ve 89.197 oranlarına sahip 3, 5, 10, 11, 14, 21, 22, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 ve 35 nolu genotiplerle istatistiksel olarak bağlantılı oldukları kaydedilmiştir.

Çizelge 4. 48.Yerel cin mısır genotiplerinin 2015, 2016 ve iki yılın birleştirilmiş tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip No	2015		2016		2015 ve 2016	
1	89.387	AF	88.310	IJ	88.848	GI
2	<b>88.847</b>	<b>F</b>	88.787	EI	88.817	HI
3	89.690	AE	89.353	AD	89.522	AD
4	89.420	AF	88.820	DI	89.120	DH
5	89.387	AF	89.133	AF	89.260	CH
6	89.657	AE	87.590	L	88.623	I
7	<b>90.130</b>	<b>A</b>	<b>89.543</b>	<b>A</b>	<b>89.837</b>	<b>A</b>
8	89.930	AC	88.777	FI	89.353	BF
9	89.203	CF	88.600	GJ	88.902	FI
10	89.277	CF	89.203	AF	89.240	CH
11	89.600	AF	89.373	AC	89.487	AD
12	89.780	AD	88.987	BH	89.383	BE
13	89.423	AF	88.853	CH	89.138	DH
14	89.617	AE	89.437	AB	89.527	AD
15	89.863	AD	<b>89.593</b>	<b>A</b>	89.728	AB
16	88.973	EF	<b>87.127</b>	<b>M</b>	<b>88.050</b>	<b>J</b>
17	88.980	EF	88.673	FJ	88.827	GI
18	89.320	CF	88.590	HJ	88.955	EI
19	89.653	AE	88.197	JK	88.925	EI
20	89.260	CF	<b>89.583</b>	<b>A</b>	89.422	AD
21	89.317	CF	89.140	AF	89.228	CH
22	89.617	AE	89.360	AC	89.488	AD
23	89.413	AF	87.733	KL	88.573	I
24	89.500	AF	88.783	EI	89.142	DH
25	89.307	CF	<b>89.557</b>	<b>A</b>	89.432	AD
26	89.747	AD	88.923	BH	89.335	BF
27	90.093	AB	89.173	AF	89.633	AC
28	89.133	DF	89.123	AG	89.128	DH
29	89.723	AE	89.213	AF	89.468	AD
30	89.357	BF	89.403	AB	89.380	BE
31	89.233	CF	89.320	AE	89.277	CG
32	89.557	AF	89.397	AB	89.477	AD
33	89.353	BF	89.123	AG	89.238	CH
34	89.273	CF	87.793	KL	88.533	I
35	89.460	AF	89.197	AF	89.328	BF
<b>Ortalama</b>	89.471	A	88.908	B	89.190	

Aynı sütun içerisinde benzer harf ile gösterilen ortalamalar Duncan testine göre  $p < 0.01$  hata sınırları içerisinde istatistiksel olarak birbirinden farklıdır.

En düşük değerlere sahip genotiplerden ikinci sırada yer alan 6 nolu genotipin % 87.590 kuru madde miktarı oranına sahip olduğu ve % 87.733 ve 87.793 ile 23 ve 34 nolu genotiplerle de

istatistiksel olarak bağlantılı olduğu gözlenmiştir. Diğer genotipler incelendiğinde ise birçok geçiş grubunun oluştuğu görülmüştür. Bunlardan ilki 1, 9, 17, 18 ve 19 nolu genotipler olduğu ve bunlara ait kuru madde oranının sırasıyla % 88.310, 88.600, 88.673, 88.590 ve 88.197 olduğu kaydedilmiştir. Bir diğer ise 2, 4, 8 ve 28 nolu genotipler olmuş ve onlara ait değerler ise % 88.787, 88.820, 88.777 ve 88.783 olarak belirlenmiştir. Geriye kalan grupta ise 12, 13 ve 26 nolu genotipler yer almış ve onlara ait değerlerin ise % 88.987, 88.853 ve 88.923 olduğu tespit edilmiştir.

İki yıla ait verilerin birleştirilmiş analizinin sonucu ortalama tanede kuru madde miktarı oranı değerleri % 88.050-89.837 arasında değişmekle birlikte, kontrol çeşidinde bu değer % 89.468 olarak elde edilmiştir. Genotipler arasında en düşük kuru madde miktarı 16 nolu genotipten, en yüksek kuru madde miktarı oranı ise 7 nolu genotipten elde edilmiştir. Bu genotiplerden 16 nolu genotip istatistiksel olarak diğer genotiplerden farklı olması nedeniyle ayrı bir grupta yer alırken, 7 nolu genotipin % 89.522, 89.487, 89.527, 89.728, 89.422, 89.488, 89.432, 89.633, 89.468 ve 89.477 değerlere sahip 3, 11, 14, 15, 20, 22, 25, 27, 29 ve 32 nolu genotiplerle bağlantılı geçiş grubunu oluşturmuşlardır. Onları izleyen grupta 8, 12, 26, 30 ve 35 nolu genotipler yer almış olup, sırasıyla % 89.353, 89.383, 89.335, 89.380 ve 89.328 kuru madde miktarı oranı değerlerine sahip oldukları görülmüştür. En düşük kuru madde miktarına ikinci sırada sahip olan genotip 34 (% 88.533) nolu genotip olduğu, 6 (% 88.623) ve 23 (% 88.573) nolu genotiplerle istatistiksel olarak aynı grupta yer aldıkları ve ayrıca 2 (% 88.817) nolu genotiple de bağlantılı oldukları tespit edilmiştir. Geriye kalan genotiplerden 1, 9, 17, 18 ve 19 nolu genotipler (sırasıyla % 88.848, 88.902, 88.827, 88.955 ve 88.925) bir geçiş grubunu, 4, 5, 10, 13, 21, 24, 28, 31 ve 33 nolu genotiplerin (sırasıyla % 89.120, 89.260, 89.240, 89.138, 89.228, 89.142, 89.128, 89.277 ve 89.238) ise başka bir geçiş grubunu oluşturduğu belirlenmiştir.

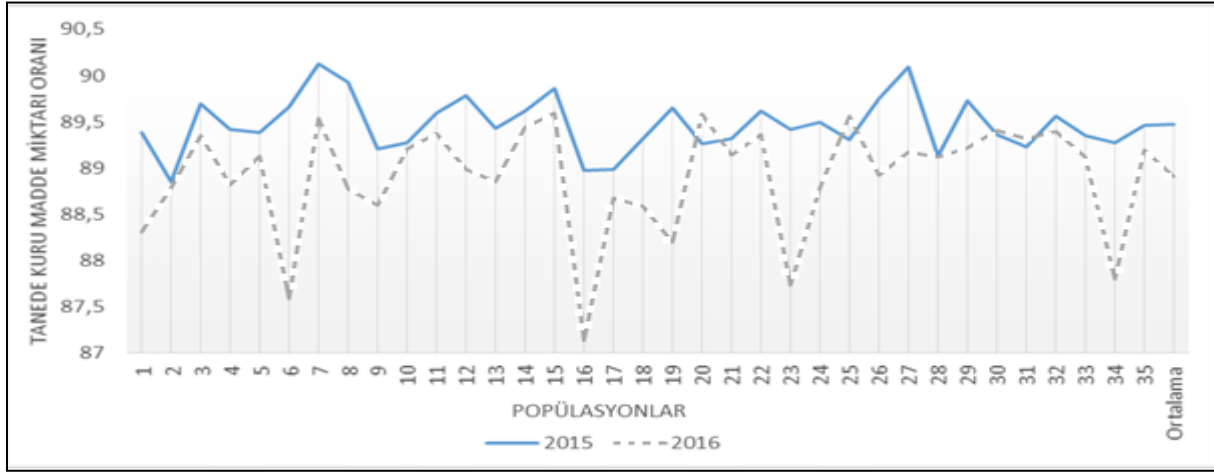
Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede kuru madde miktarı oranı (%) verilerine ait karşılaştırma Şekil 4. 24'de verilmiştir.

Şekil 4.24 incelendiğinde genotiplere ait tanede kuru madde miktarı oranı genotipler ve yıllara göre önemli farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir. Genel itibari ile incelendiğinde 2015 yılına ait verilerin 2016 yılı verilerine nazaran daha yüksek olduğu kaydedilmiştir.

Tanede kuru madde miktarı oranının 2015 yılında daha yüksek çıkmış olması denemede parsellerde olması gereken bitki sayısının 2016 yılına nazaran daha az olmasından etkilendiği düşünülmüştür. Böylelikle bitkilerin güneşe maruz kalan bitki alanlarının daha



fazla olmasının, toprak tavının 2016 yılına göre daha iyi olması ile kök gelişiminin daha iyi olup topraktaki besin elementlerini daha fazla almasının bitkilerde tanede kurur madde miktarı oranını artırmış olmasını düşündürmüştür.



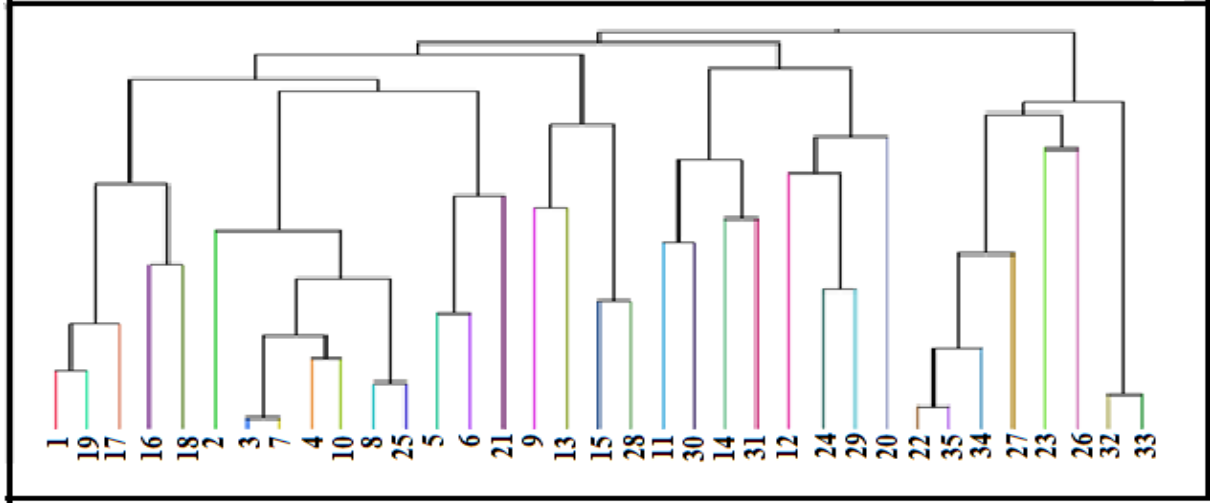
Şekil 4. 24. Yerel cin mısır genotiplerinin 2015 ve 2016 yıllarında tanede kurur madde miktarı oranı (%) verilerine ait karşılaştırma

Uwah ve ark. (2016) Nijerya’da farklı dozlarda kanatlı gübresinin 3 farklı mısır çeşidinde toplam kurur madde miktarı özelliğine istatistiksel olarak önemli etkilerde bulunduğunu kaydetmişlerdir. Farklı düzeylerde uygulanan çinko içerikli gübrenin bitkide kurur madde miktarında artışa neden olduğu (Özgüven ve Katkat, 2001; Dumral Çağlayan, 2015), mısırdaki verimin kurur madde miktarına bağlı olarak artış gösterdiği (Echarte ve ark., 2004) yapılan çalışmalar sonucunda kaydedilmiştir. Bu açıdan mısır tanesinde kurur madde miktarındaki artışın bitkinin boyuna, yaprak sayısına ve yaprak alanı özelliklerine bağlı etkilenmekle birlikte, genotip, çevre, ekim zamanı ve kültürel işlemler gibi faktörlerden önemli ölçüde etkilendiği saptanmıştır.

#### 4. 1. 25. Agro-morfolojik tüm özelliklerin incelenmesi

Yerel cin mısırı popülasyonlarının incelenen tüm agro-morfolojik özellikler bakımından birbirleri ile olan farklılığını belirlemeye yönelik yapılan benzerlik analiz sonuçları Şekil 4.25’de verilmiştir. Dendogram analiz sonucunda yerel cin mısır popülasyonlarının ana grupların birinde 22, 23, 26, 27, 32, 33, 34 ve 35 nolu popülasyonlar (Ordu, Tokat ve Eskişehir ili orijinli) yer alırken diğerinde ise geriye kalan tüm popülasyonlar

olmak üzere iki ana gruba, onların da alt gruplara ve sonrasında da daha alt gruplara dağılım gösterdikleri belirlenmiştir. İkinci ana grup incelendiğinde iki alt gruba ayrıldığını ve bu alt gruplardan birinde sırasıyla Eskişehir, Çanakkale, Uşak, Kayseri, Tokat ve Samsun illerinden temin edilen 11, 12, 14, 20, 24, 25, 30 ve 31 nolu popülasyonların yer aldığı kaydedilmiştir. Diğer alt grupta ise geriye kalan popülasyonların daha alt gruplara ayrılarak yer aldığı tespit edilmiştir.



Şekil 4.25. Yerel cin mısır genotiplerinin incelenen tüm agro-morfolojik özellikler açısından değerlendirilmesi sonucu oluşan gruplandırma

Yerel cin mısır popülasyonlarının incelenen agro-morfolojik tüm özellikleri bakımından birbirlerinden farklılığı 2.28 ile en az olan 3 (Balıkesir-Sarı) ve 7 (Eskişehir-Sarı) nolu genotipler olurken, onları 2.52 ile 22 (Eskişehir-Sarı) ve 35 (Muğla-Beyaz) nolu popülasyonlar izlemiştir. Birbirlerinden farklılığı en fazla olan popülasyonlar ise 11.15 ile 1 (Çanakkale-Sarı) ve 22 (Eskişehir-Sarı) nolu popülasyonlar olurken, onları 8.77 ile 1 (Çanakkale-Sarı) ve 11 (Eskişehir-Turuncu) nolu popülasyonlar izlemiştir. Standart çeşidimizle (29) tüm özellikler bakımından farklılığı en az olan popülasyonun 3.42 ile 24 (Kayseri-Sarı) nolu popülasyon olduğu belirlenmiştir.

## 4.2. Genotipler Arasında Genetik Farklılığın Belirlenmesi

Çalışmada yer alan 35 popülasyon ve her bir popülasyonda, popülasyonu temsil edecek 5 bitkiden alınana DNA örnekleri kullanılarak toplamda 175 genotip arasındaki genetik çeşitlilik SSR markörleri ile belirlenmeye çalışılmıştır. Toplam 20 adet SSR primer çifti (Çizelge 3.5) 175 adet yerel cin mısır genotipinde taranarak toplam 66 adet banttandır 65 adedinin polimorfik (allel farklılığı) olduğu ve polimorfizm oranının % 98.5 olduğu belirlenmiştir. Kullanılan primerlerin 19 tanesi polimorfik 1 tanesi ise (phi084) monomorfik özellik göstermiştir. Elde edilen allel sayısının 1-5 arasında değişiklik gösterdiği ve ortalama allel sayısının ise 3.3 olduğu kaydedilmiştir (Çizelge 4.49).

Oluşan allel sayısı açısından phi084 kodlu primer 1 allel ile en az allel üreten primer olurken, onu takiben en az allel üreten primerler 2 allel ile umc1164, umc1186 ve umc1622, en çok allel üreten primerler ise 5 allel ile phi064 ve umc2292 kodlu primerler olmuştur. Diğer taraftan 4 allel oluşturan markörlerin phi015, phi017, phi021, phi034, umc2050, phi022 ve phi027 olduğu 3 allel oluşturan markörlerin ise umc2101, phi127, phi057, umc1550, phi095, umc1173 ve umc1255 olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.49 ve Şekil 4.26).

Vivodik ve ark. (2017) çalışmalarında 40 mısır popülasyonunu 10 SSR markörü ile karakterize etmişler ve elde edilen sonuçlara göre toplamda 65 allel belirlediklerini bu allellerin sayısının 4-8 arasında (ortalama 6.5 allel) değiştiğini PIC değerinin ise 0.734-0.848 arasında (ortalama PIC değeri 0.810) değiştiğini bildirmişlerdir. Riberio ve ark. (2017) Brezilya'da ticari olarak kullanılan 48 tek melez hibrit mısır çeşidini 20 SSR belirteciyle analiz etmişler ve ortalama allel sayısını 9.8 ve ortalama PIC değerini 0.84 olarak belirlemişlerdir. Atanda ve Olaove (2017) 24 kendilenmiş mısır hattını 20 SSR markörü ile analiz ederek toplamda 101 allel belirlemişlerdir. Ortalama allel sayısını 5.5 ve ortalama PIC değerini 0.46 olarak tespit etmişlerdir. Tahir ve Maeruf (2016) tuz stresi uyguladıkları 9 mısır genotipinin 18 SSR belirteciyle analiz etmişler ve 1-7 arasında değişmekle birlikte toplamda 46 polimorfik allel belirlemekle birlikte PIC değerinin 0.178-0.788 arasında olduğunu bildirmişlerdir. Pavlov ve ark. (2016) ise 6 kendilenmiş mısır genotipinde 19 SSR markörü kullanmışlardır. Sonuç olarak toplamda 90 adet polimorfik bant elde etmişler ve ortalama allel sayısını 4.74 olarak belirlemişlerdir.

Daha birçok çalışmada incelenen bu özellikler bizim çalışmamızla benzerlik göstermesinin yanı sıra kullanılan popülasyonların yapı ve sayı bakımından farklılığı ve belirlenen SSR markörlerinin farklı sayı ve içerikte olması, elde edilen toplam allel sayısı,

primer başına belirlenen allel sayıları değişkenlik göstermiştir. Ayrıca kullanılan markörlerin allel belirleme potansiyellerine göre PIC değerlerinde de farklılıklar gözlenmiştir. Böylelikle farklılıkların, kullanılan bitki materyalinin genetik çeşitliliğinden, kullanılan belirtecin sayısından ve etkinliğinden kaynaklandığı düşünülmüştür.

Çizelge 4.49. Yerel cin mısır popülasyonlarında moleküler karakterizasyonda kullanılan SSR markörleri, allel büyüklüğü, allel sayısı ve PIC değerleri

Primer	Allel Büyüklüğü	Allel Sayısı	PIC	Primer	Allel Büyüklüğü	Allel Sayısı	PIC
phi015	80-120	4	0.88	phi127	110-129	3	0.40
phi017	100-110	4	0.76	phi064	73-110	5	0.89
phi021	90-120	4	0.87	phi057	160-170	3	0.57
phi034	110-150	4	0.70	umc1550	140-280	3	0.43
umc2292	130-170	5	0.89	phi095	140-180	3	0.56
umc2101	150-180	3	0.50	phi022	150-180	4	0.62
umc2050	120-160	4	0.82	phi027	150-180	4	0.87
umc1622	40-90	2	0.10	umc1164	140-160	2	0.09
umc1186	220-240	2	0.12	umc1173	150-170	3	0.64
				umc1255	130-280	3	0.65

Genetik çeşitliliği belirlemede SSR markörlerinin rolü günümüz itibariyle oldukça önemsenmektedir. Her bir genotipe ait genetik varyasyonları belirlemede kullanılan primerlerin sayısından daha önemli olan belirlediği allel miktarları olmuştur. Bununla ilgili yapılan çalışmalarda da; Bracco ve ark. (2009), 131 patlak mısır genotipi, 9 SSR markörüyle taramış ve toplamda 65 allel elde ederlerken, diğer bir yandan, Silva ve ark. (2009), 25 patlak mısır genotipini 23 SSR ile taramış ve 100 allel elde etmişlerdir. Leal ve ark. (2010) SSR ve RAPD markör tekniğini kullanarak 10 hibrit patlak mısır genotipinde genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Kullanılan 9 RAPD primeri 126 bant üretmiş her primerin ortalama polimorfizm oranı 11.6; 14 SSR marköründe her lokusta ortalama 2-5 allel ve 14 SSR lokusunda toplamda 47 allel belirlemişlerdir. Eloi ve ark. (2012), 8 patlak mısır popülasyonunun genetik yapı ve çeşitliliğini, SSR markörü kullanarak analiz etmişlerdir. Toplamda 57 allel ve her lokus başına ortalama 3.7 allel belirlemişlerdir. Patlak mısır germplazmalarındaki genetik çeşitliliği belirlemede SSR markörlerinin kullanımı birçok hat'ta (Liu ve ark., 2003; Dandolini ve ark., 2008; Leal ve ark., 2010) ve farklı genotiplerde (Wu ve ark., 2004; Silva ve ark., 2009) kullanıldığını bildirilmektedir. Li ve ark. (2004) 56 patlak mısır hattında 113 SSR primeri kullanmış ve her bir lokus başına 2.7 allel elde etmişlerdir. Dandolini ve ark. (2008) ve Trindade ve ark. (2010) yaptıkları çalışmalarda sırasıyla 10 ve 15

patlak mısır hattında 15 primer kullanmışlar ve 3.35 ve 3.0 allel/ lokus elde ettiklerini bildirmişlerdir. Li ve ark. (2004) 21 mısır hattında 113 SSR primeri kullanarak, lokus başına 3.58 allel elde ettiklerini bildirmişlerdir. Diğer araştırmacıların yapmış olduğu çalışmalarda, patlak mısır popülasyonlarında Wu ve ark. (2004) 61 SSR primer, Li ve ark. (2005) 50 SSR primeri ve Qi-Lun ve ark. (2008) 45 SSR primeri kullanmışlar ortalama allel sayısını sırasıyla, 5.4, 4.1 ve 6.4 olarak elde etmişlerdir. Matsuoka ve ark., (2002) tropikal, USA ve Kanada/Avrupa'dan elde ettikleri 101 patlak mısır hattında SSR başına üç veya daha fazla allel elde etmişlerdir. Subirana ve Messeguer (2008) farklı tekrarlanan motifli mikrosatellitler yapısal olarak ilgili olan ve kromozom yapısının belirlenmesinde dâhil olabileceğini göstermişlerdir.

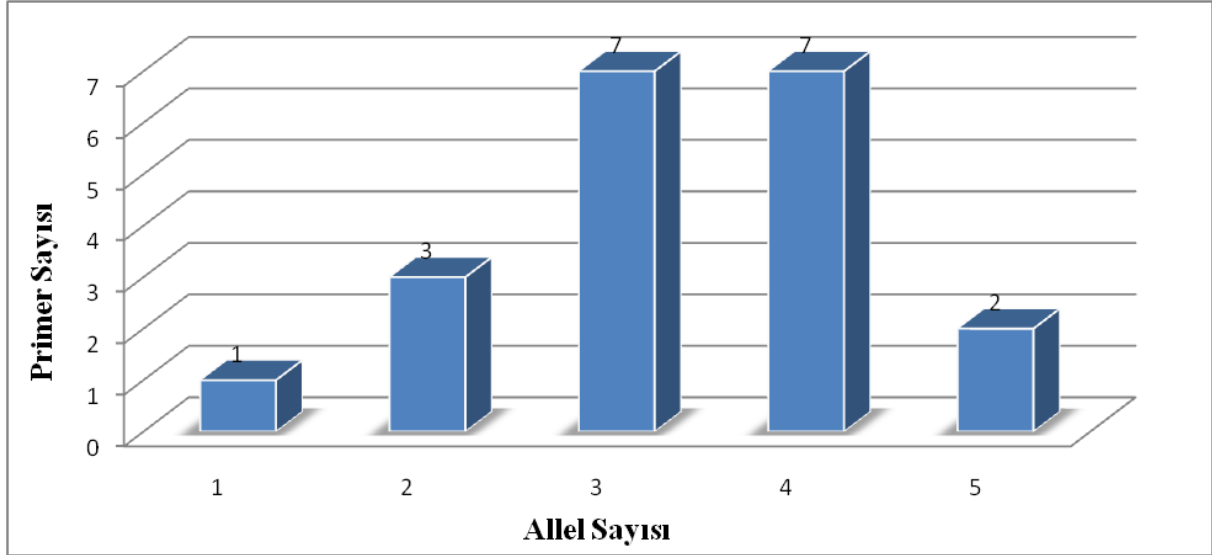
Pejic ve ark. (1998), mısırdaki 27 SSR primeri kullanarak yaptıkları çalışmada, SSR başına 6.8 allel bulmuşlardır. Senior ve ark. (1998) 94 saf hatta 70 SSR kullanarak yapmış oldukları çalışmada lokus başına düşen allel sayısının 2-23 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısının 5 olduğunu bildirmişlerdir. Kozhukhova ve Sivolap (2004), 17 tek melez ve 23 saf mısır hattında 10 SSR primeri kullanarak yaptıkları çalışmada allel sayısının 2 ile 5 arasında değişim gösterdiğini, ortalama allel sayısının ise 2.8 olduğunu bildirmişlerdir. Le Clerck ve ark., (2005) 123 tek, çift ve üçlü melez mısır çeşidinde ve 10 popülasyonda, 51 SSR markörü kullanarak yaptıkları araştırma sonucunda, çalışmada kullandıkları çeşitleri 4 gruba ayırıp (1975 öncesi, 1976-1985 arası, 1985-1995 arası ve 1996 sonrası çeşitler), her grubu kendi içinde değerlendirip grubun SSR lokusu başına düşen allel sayısının sırasıyla 4.5, 3.6, 3.9 ve 3.6 olduğunu ve toplam 239 allel saptandığını bildirmişlerdir. Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada 85 tropik kökenli saf mısır hattında SSR primeri kullanarak, toplam 262 bant ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır. Enoki ve ark., (2005) 88 atdışi ve sert mısır saf hattında, 60 SSR lokusu içerisinde iki ayrı set oluşturulup birinci sette 25 SSR lokus (allel frekansı=0.4) ikinci sette 14 SSR lokus (allel frekansı=0.5) kullanarak yaptıkları çalışmada sırasıyla toplam 176 ve 99 allel elde etmişlerdir. Reif ve ark. (2005), 5 sert mısır 55 SSR markörü kullandıkları çalışmada, DNA'ları hem bulk hem de tek bitki halinde analiz yapmışlar lokus başına allel sayısını tek bitkide 5.9, bulk DNA'da ise 3.2 bulmuşlardır. Beyene ve ark. (2006) Etiyopya'nın 62 mısır popülasyonunda 20 SSR markörü kullanarak yapmış oldukları çalışmada, SSR lokusu başına ortalama allel sayısını 4.9 olarak belirlemişlerdir. Araştırmada kullanılan bazı SSR primerleri beklenenden fazla allel sayısı vermiştir. Aslında kullanılan materyal açık tozlanan yerel mısır popülasyonu olduğu için bu durum beklenen bir olay olduğunu belirtmişlerdir. Nitekim Warburton ve ark. (2002) 57 saf

mısır hattında ve 7 populasyonda 85 SSR lokusu kullanıldıkları araştırma sonucunda, saf hatlardan toplam 416 bant ve ortalama 4.9 allel, populasyonlardan ise toplam 531 bant ve ortalama 6.3 allel saptamışlardır.

Genel olarak PIC değeri ile ilgili veri aralığının 0 ile 1 arasında olduğu, primere ait PIC değerinin '0' olduğunda markörün sadece 1 allele; PIC değeri '1' olduğunda ise markörün sonsuz sayıda alleli olabileceği bilinmektedir (Hildebrand ve ark., 1992). Ayrıca PIC değerinin '0.7' nin üzerinde olması durumunda ilgili markörün oldukça bilgilendirici olduğu kabul görmektedir. Buradan da fazla sayıda allele sahip markörlerin daha yüksek PIC değerine sahip olma eğiliminde olarak daha bilgilendirici olacağı düşünülmektedir.

Çalışmamızda kullanılan primerlere ait PIC değerlerinin ise 0.00 ile 0.89 arasında değiştiği ve ortalama PIC değerinin 0.57 olduğu belirlenmiştir. En düşük PIC değerinin (0.00) phi084 kodlu markörden elde edilerek tüm genotiplerde sadece tek bir allel oluşturduğu tespit edilmiştir. En yüksek PIC değerinin (0.89) ise oluşturduğu 5 allel ile umc2292 ve phi064 kodlu alleller olduğu görülmüştür. Diğer taraftan PIC değerleri incelenerek bilgilendirici yönü oldukça iyi olduğuna karar verdiğimiz markörlerin en iyiden geriye doğru sırasıyla umc2292 (0.89), phi064 (0.89), phi015 (0.88), phi021 (0.87), phi027 (0.87), umc2050 (0.82), phi017 (0.76) ve phi034 (0.70) olmuştur.

Araştırmacıların yapmış olduğu çalışmalardan; Senior ve ark. (1998) 70 SSR kullandıkları çalışmada, PIC değerinin 0.17 ile 0.92 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PIC değerinin 0.59 olduğunu bildirmiş ve çalışmasında tercih ettiği markörlerin allel belirleme ve bilgilendiricilik yönünün orta dereceliği olduğu görülmüştür. Warburton ve ark. (2002) 85 SSR lokusu kullanıldıkları araştırma sonucunda, PIC değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini saptamışlardır. Laborda ve ark. (2005) 50 SSR primeri kullandıkları çalışmada PIC değerinin 0.24 ile 0.90 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PIC değerinin 0.61 olduğunu tespit etmişler ve kullandıkları markörlerin çalışma materyalleri üzerine bilgilendirici yönünün bizim elde ettiğimizden az bir farkla daha iyi olduğu görülmüştür.



Şekil 4.26. Yerel cin mısır genotiplerinde SSR primerlerinin oluşturduğu allel sayısının dağılımı

Her bir popülasyona ait polimorfik lokus sayısı ve polimorfik lokus yüzdesi (% P) Nei, 1973' e göre hesaplanarak Çizelge 4.50' de verilmiştir. Cin mısırın yabancı tozlanan bir bitki olması ve kullanılan materyalin yerel popülasyon olması, aynı popülasyon içindeki bireylerin dahi birbirlerinden oldukça yüksek farklılıklar gösterebilmesine neden olmaktadır. Bu nedenle, çalışmamızda kullanmış olduğumuz materyal olan yerel cin mısır popülasyonlarını en iyi temsil edebilmesi açısından rastgele 5 bitki alınmış ve analizler bunlar üzerinden yapılmıştır. Çalışmamızda incelemiş olduğumuz polimorfik lokus sayısı ve buna bağlı olarak polimorfik lokus yüzdesi de tüm primerlerin bu 5'er bitki örneğinde oluşturduğu toplam allel sayısı üzerinden hesaplanmıştır. Böylelikle genotiplere ait polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi sırasıyla 29-47 ve % 43.94-71.21 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 39.114 ve % 59.265 belirlenmiştir. En yüksek polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi 13 nolu genotipten, en düşük polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi 21 nolu genotipten elde edilmiştir.

Molin ve ark. (2013) Rio Grande do Sul ve Parana 'da 48 yerel cin mısır popülasyonunu 47 SSR markörü ile analiz etmişler ve polimorfik indeksi % 78.3 olarak belirlemişlerdir. Sharma ve ark. (2010) Hindistan'da 48 yerel mısır çeşidinde 42 SSR primeri ile analiz etmişler ve sonuç olarak polimorfizm oranını % 60 olarak kaydetmişlerdir. Bu iki çalışmada kullanılan genotiplerdeki genetik çeşitliliğin ve kullanılan markörlerin farklılığı polimorfizm oranında farklı sonuçlar elde edilmesine neden olurken; Vilela ve ark. (2008)'nin 3 popülasyona ait 90 genotipi 14 RAPD primerleriyle analiz etmişler ve polimorfizm oranını % 89.24 olarak tespit etmeleri aynı sebeplerin yanı sıra ayrıca kullanılan markörün çeşidiyle de alakalı olarak değişiklik göstermiştir. Tüm bunların ışığında elde ettiğimiz sonuçların

Sharma ve ark. (2010)'nın sonuçları ile benzerlik gösterirken diğer araştırmacıların verilerinden farklılık göstermesi olağan bulunmuştur.

Çizelge 4.50. Popülasyonlara ait polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi (Nei. 1973)

Popülasyon No	Polimorfik Lokus Sayısı	Polimorfik Lokus Yüzdesi (%P)	Popülasyon No	Polimorfik Lokus Sayısı	Polimorfik Lokus Yüzdesi (%P)
1	40	60.61	19	44	66.67
2	39	59.09	20	33	50.00
3	38	57.58	<b>21</b>	<b>29</b>	<b>43.94</b>
4	38	57.58	22	40	60.61
5	39	59.09	23	36	54.55
6	39	59.09	24	33	50.00
7	38	57.58	25	39	59.09
8	41	62.12	26	35	53.03
9	37	56.06	27	41	62.12
10	41	62.12	28	41	62.12
11	37	56.06	29	41	62.12
12	40	60.61	30	40	60.61
<b>13</b>	<b>47</b>	<b>71.21</b>	31	36	54.55
14	41	62.12	32	39	59.09
15	38	57.58	33	39	59.09
16	43	65.15	34	43	65.15
17	38	57.58	35	44	66.67
18	42	63.64	<b>Ortalama</b>	<b>39.114</b>	<b>59.265</b>

Genetik varyasyon, gözlenen allel (na) sayısı ve etkili allel sayısını (ne) belirlenmesi ve birbirleri ile kıyaslanmasıyla tespit edilmektedir (Kimura ve Crow, 1964). Etkili allel sayısı, gözlenen allel sayısından oldukça az olması, bize allel frekansının tüm alleller için eşit olmadığı sonucuna ulaştırmaktır. Düşük frekanslı allellerin etkili allel sayısına etkisi oldukça azdır. Bu nedenle gözlenen ve etkili allel sayılarında gözlenen tutarsızlık, bize düşük frekanslı allel sayısının fazla olduğunu belirtir.

Popülasyonlar arasındaki allel ve genotip frekanslarının belirlenmesi, farklılıklar gözlenmesi durumunda popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliği ortaya koymada önemli bir parametre olmaktadır.

Popülasyondaki genetik çeşitliliği belirleme de kullanılan diğer bir ölçüm ise Shannon bilgi indeksidir. Çeşitlilik düzeyini ölçen Shannon'ın bilgi endeksi, markörlerin uygunluğunu ve genetik polimorfizmin ortaya çıkmasını da desteklemektedir (Sairkar ve ark., 2017). Bu bilgi indeksi ve heterozigotluk, hem popülasyon içi hem de popülasyon arası çeşitliliği



karşılaştırmaktadır. Bu dizinin arkasındaki fikir, bir topluluğun çeşitliliğinin bir kod veya mesajdaki bilgi miktarına benzediğidir ve bu değer popülasyon büyüklüğü ve düzgünlüğü arttıkça artmaktadır.

Tüm lokuslara ait genetik varyasyon istatistiği, Nei 1978'e göre hesaplanarak gözlenen allel sayısı; etkili allel sayısı, Nei (1973)'ye göre genetik çeşitliliği ve Shannon bilgi indeksine ait veriler Çizelge 4.51 'de verilmiştir.

Bu sonuçlara göre, genotipler üzerinde 20 SSR primerinin oluşturduğu 66 lokusta gözlenen allel sayısı (na) 1 ile 2 arasında değişmiş ve ortalama gözlenen allel sayısı 1.99 olarak tespit edilmiştir. Gözlenen allel sayısı bakımından en düşük değer phi084 kodlu primerden elde edilmiş olup, diğer tüm primerlere ait gözlenen allel sayısının 2 olduğu gözlenmiştir.

Etkili allel sayısının (ne) lokuslar arasında 1.00-1.99 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 1.65 olduğu belirlenmiştir. En düşük etkili allel sayısının phi084'ten en yüksek etkili allel sayısının ise phi015-3 lokusundan elde edildiği izlenmiştir. Nei (1973) yöntemine göre yapılan gen çeşitliliği analizinde araştırmamıza ait elde edilen değerlerin 0.0-0.5 arasında değiştiği ve ortalama gen çeşitliliğinin 0.36 olduğu gözlenmiştir. Shannon bilgi indeksinde lokuslar arası farklılığın 0.00-0.69 arasında değişmekle birlikte ortalama değerinin 0.53 olarak belirlendiği kaydedilmiştir.

Moleküler analizlerde okumalar bantların bulunması (1) ve bulunmaması (0) durumuna göre yapılarak gen frekansları belirlenmiştir. Buna göre  $f_0$  değerleri 0 - 0.9829 arasında değişmiş ve ortalama  $f_0$  değeri 0.5800 olmuştur. Diğer taraftan  $f_1$  0.0171 ile 1.0000 arasında değiştiği, ortalama  $f_1$  değerinin 0.4200 olduğu gözlenmiştir.

Çalışmada kullanmış olduğumuz 20 SSR primeri toplam 65 polimorfik bant (% 98.48) üretmiştir. Allellerin polimorfizm sınırı % 95 olarak kabul edilmektedir ve frekansı % 95 ve üzeri olması durumunda allellerin monomorfik olduğu, allel frekansının % 95' in altında olduğu durumlarda polimorfik olduğu kabul edilmektedir. Buna göre phi017-4 ( $f_0=0.9714$ ), phi034-1 ( $f_0=0.9829$ ), umc2292-1 ( $f_0=0.9714$ ), umc2292-2 ( $f_0=0.9714$ ) ve umc2050-4 ( $f_0=0.9829$ ) lokuslarında allel frekansı % 95' in üzerinde olduğundan monomorfik olarak değerlendirilmiştir.

Polimorfik alleller kendi içerisinde değerlendirildiğinde en yüksek allel frekansı phi064-5 lokusunda  $f_0=0.9314$  olarak gözlenirken, en düşük alleller frekansı phi084

lokusunda  $f_0=0.0000$  olarak gözlenmiştir. Diğer taraftan allel (1) için lokus frekanslarına bakıldığında en yüksek allel frekansının phi084 lokusunda  $f_1=1.0000$  ve en düşük allel frekansının ise phi064-5 lokusunda  $f_1=0.0686$  olarak tespit edilmiştir.

Çalışmamızdan elde ettiğimiz veriler ışığında diğer araştırmacıların yapmış oldukları araştırmalar incelendiğinde; bizim belirlemiş olduğumuz genetik çeşitlilik 0.0-0.5 (ortalama 0.36) arasında değişiklik gösterirken, Vivodik ve ark. (2017) 40 mısır genotipinde genetik çeşitliliği 0.73-0.85 arasında; Zhang ve ark. (2016) 290 kendilenmiş mısır hattını 201 SSR markörüyle incelemiş genetik çeşitliliği 0.70; Tahir ve Maeruf (2016) 9 mısır genotipini 18 SSR markörü ile taramışlar ve genetik çeşitliliğin 0.20-0.82 arasında; Salami ve ark. (2016) Benin'de 187 yerel mısır genotipini 3 SSR markörü ile analiz etmiş ve Shannon indeksine göre genetik çeşitliliği 0.51 olarak hesaplamışlardır. Louise ve ark. (2016) 35 mısır genotipinde genetik çeşitliliği 0.52; Kim ve ark. (2016) 105 mısır genotipinde genetik çeşitliliği 0.73; Farooqi ve ark. (2016) 8 kendilenmiş mısır hattında genetik çeşitliliği 0.63; Choudhary ve ark. (2016) 24 kendilenmiş mısır hattında genetik çeşitliliği 0.40-0.94 arasında; Balazova ve ark. (2016) 40 mısır genotipinde genetik çeşitliliği 0.72-0.87 arasında; olduğunu bildirmişlerdir.

Bizim sonuçlarımızda genetik çeşitlilik aralığı diğer araştırmacıların elde ettiği sonuçlardan daha düşük ve dar olduğu gözlenmiştir. Genetik çeşitliliğin düşük ve dar aralıkta olması incelenen popülasyonun çok farklı olmaması, popülasyonun büyüklüğü ve temin edilen ekolojik şartlarının birbirlerine olan benzerliği/farklılığı ile ilişkisi son derece önemlidir. Farklı çalışmalarda kullanılan farklı genotipte materyallerin genetik yapısının da farklı olması, popülasyonun büyüklüğünden kaynaklanabilecek farklılıkların ekolojik çevrenin de etkisi ile daha da ekstrem sonuçlar doğurmasının yanı sıra çalışmada kullanılan moleküler belirteçlerin çeşidi, sayısı ve markörlerin hedeflediği dizin motifindeki farklılıklar da genetik çeşitliliğin farklı sonuçlarda elde edilmesine neden olmaktadır.

Pandey ve ark. (2015) 46 kendilenmiş mısır hattında genetik çeşitlilik 0.38-0.86 arasında; Galvao ve ark. (2015) 80 mısır genotipinde Shannon bilgi indeksine göre genetik çeşitliliği 0.89 ve 1.04; Afonso (2013) 27 mısır popülasyonunun Shannon bilgi indeksini 1.40; Pineda-Hidalgo ve ark. (2013) 28 mısır popülasyonunda genetik çeşitliliği 0.72; Eloi ve ark. (2012) 8 cin mısırdaki genetik çeşitliliği 0.76; Morales ve ark. (2010) 25 kendilenmiş sert mısırdaki genetik çeşitliliği 0.68 olarak kaydetmişlerdir.

Çizelge 4.51. Tüm lokuslara ait genetik varyasyon istatistiği (Nei, 1987)

Lokus	Örnek Sayısı	na*	ne*	h*	I*	Gen Frekansı	
						Allel 0	Allel 1
phi015-1	175	2.0000	1.2127	0.1754	0.3188	0.9029	0.0971
phi015-2	175	2.0000	1.9994	0.4999	0.6930	0.5086	0.4914
phi015-3	175	2.0000	1.9999	0.5000	0.6931	0.4971	0.5029
phi015-4	175	2.0000	1.3968	0.2841	0.4581	0.8286	0.1714
phi017-1	175	2.0000	1.4115	0.2915	0.4670	0.8229	0.1771
phi017-2	175	2.0000	1.9660	0.4914	0.6845	0.4343	0.5657
phi017-3	175	2.0000	1.9054	0.4752	0.6681	0.3886	0.6114
phi017-4	175	2.0000	1.0588	0.0555	0.1297	0.9714	0.0286
phi021-1	175	2.0000	1.9600	0.4898	0.6829	0.5714	0.4286
phi021-2	175	2.0000	1.9890	0.4972	0.6904	0.4629	0.5371
phi021-3	175	2.0000	1.8434	0.4575	0.6501	0.6457	0.3543
phi021-4	175	2.0000	1.4410	0.3060	0.4841	0.8114	0.1886
phi034-1	175	2.0000	1.0349	0.0337	0.0867	0.9829	0.0171
phi034-2	175	2.0000	1.9054	0.4752	0.6681	0.6114	0.3886
phi034-3	175	2.0000	1.6614	0.3981	0.5875	0.2743	0.7257
phi034-4	175	2.0000	1.1595	0.1375	0.2646	0.9257	0.0743
umc2292-1	175	2.0000	1.0588	0.0555	0.1297	0.9714	0.0286
umc2292-2	175	2.0000	1.0588	0.0555	0.1297	0.9714	0.0286
umc2292-3	175	2.0000	1.9890	0.4972	0.6904	0.4629	0.5371
umc2292-4	175	2.0000	1.3100	0.2367	0.3997	0.8629	0.1371
umc2292-5	175	2.0000	1.9465	0.4863	0.6794	0.4171	0.5829
umc2101-1	175	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730	0.4000	0.6000
umc2101-2	175	2.0000	1.8202	0.4506	0.6429	0.3429	0.6571
umc2101-3	175	2.0000	1.1595	0.1375	0.2646	0.9257	0.0743
umc2050-1	175	2.0000	1.9968	0.4992	0.6923	0.5200	0.4800
umc2050-2	175	2.0000	1.9716	0.4928	0.6859	0.4400	0.5600
umc2050-3	175	2.0000	1.9392	0.4843	0.6774	0.5886	0.4114
umc2050-4	175	2.0000	1.0349	0.0337	0.0867	0.9829	0.0171
umc1622-1	175	2.0000	1.3968	0.2841	0.4581	0.8286	0.1714
umc1622-2	175	2.0000	1.1464	0.1277	0.2499	0.0686	0.9314
umc1186-1	175	2.0000	1.1595	0.1375	0.2646	0.0743	0.9257
umc1186-2	175	2.0000	1.3676	0.2688	0.4397	0.8400	0.1600
phi127-1	175	2.0000	1.7833	0.4392	0.6311	0.3257	0.6743
phi127-2	175	2.0000	1.4706	0.3200	0.5004	0.2000	0.8000
phi127-3	175	2.0000	1.9144	0.4776	0.6706	0.3943	0.6057
phi064-1	175	2.0000	1.3243	0.2449	0.4101	0.8571	0.1429
phi064-2	175	2.0000	1.9767	0.4941	0.6872	0.4457	0.5543
phi064-3	175	2.0000	1.8760	0.4669	0.6597	0.6286	0.3714
phi064-4	175	2.0000	1.9716	0.4928	0.6859	0.4400	0.5600

Çizelge 4.51 'un Devamı

Lokus	Örnek Sayısı	na*	ne*	h*	I*	Gen Frekansı	
						Allel 0	Allel 1
phi064-5	175	2.0000	1.1464	0.1277	0.2499	0.9314	0.0686
phi057-1	175	2.0000	1.8654	0.4639	0.6566	0.3657	0.6343
phi057-2	175	2.0000	1.9890	0.4972	0.6904	0.4629	0.5371
phi057-3	175	2.0000	1.6897	0.4082	0.5983	0.7143	0.2857
umc1550-1	175	2.0000	1.8861	0.4698	0.6626	0.6229	0.3771
umc1550-2	175	2.0000	1.5151	0.3400	0.5233	0.2171	0.7829
umc1550-3	175	2.0000	1.7959	0.4432	0.6352	0.6686	0.3314
phi095-1	175	2.0000	1.5299	0.3464	0.5305	0.7771	0.2229
phi095-2	175	2.0000	1.6037	0.3764	0.5639	0.2514	0.7486
phi095-3	175	2.0000	1.5743	0.3648	0.5511	0.7600	0.2400
phi022-1	175	2.0000	1.5743	0.3648	0.5511	0.2400	0.7600
phi022-2	175	2.0000	1.2818	0.2198	0.3782	0.8743	0.1257
phi022-3	175	2.0000	1.3100	0.2367	0.3997	0.8629	0.1371
phi022-4	175	2.0000	1.9854	0.4963	0.6895	0.5429	0.4571
phi027-1	175	2.0000	1.8202	0.4506	0.6429	0.6571	0.3429
phi027-2	175	2.0000	1.9854	0.4963	0.6895	0.4571	0.5429
phi027-3	175	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730	0.6000	0.4000
phi027-4	175	2.0000	1.5596	0.3588	0.5444	0.7657	0.2343
umc1164-1	175	2.0000	1.3100	0.2367	0.3997	0.1371	0.8629
umc1164-2	175	2.0000	1.9392	0.4843	0.6774	0.5886	0.4114
umc1173-1	175	2.0000	1.9767	0.4941	0.6872	0.4457	0.5543
umc1173-2	175	2.0000	1.9535	0.4881	0.6812	0.5771	0.4229
umc1173-3	175	2.0000	1.9968	0.4992	0.6923	0.5200	0.4800
umc1255-1	175	2.0000	1.8202	0.4506	0.6429	0.6571	0.3429
umc1255-2	175	2.0000	1.9231	0.4800	0.6730	0.4000	0.6000
umc1255-3	175	2.0000	1.9767	0.4941	0.6872	0.5543	0.4457
Ortalama	175	1.9848	1.6435	0.3606	0.5304	0.5889	0.4200
Standart Hata		175	0.3396	0.1543	0.1933		

\* na = Gözlenen allel sayısı; \* ne = Etkili allel sayısı (KimuraveCrow, 1964); \* h = Nei (1973)'ye göre genetik çeşitliliği; \* I = Shannon bilgi indeksi (Lewontin, 1972).

Shehata ve ark. (2009) 8 kendilenmiş mısır hattını 6 SSR belirteciyle analiz ederek genetik çeşitliliği 0.67 olarak belirlediklerini bildirmişlerdir. Lia ve ark. (2009) 6 mısır popülasyonundan 147 genotip belirleyerek 18 SSR markörü ile analiz etmişler ve genetik çeşitliliği 0.57; Bracco ve ark. (2009) 131 cin mısır genotipini 9 SSR markörü ile karakterize etmişler ve genetik çeşitliliği 0.37 olarak tespit ettiklerini çalışmalarında bildirmişlerdir.

Nei (1987)'nin  $G_{st}$  değeri hesaplanması beklenen genetik çeşitlilik değerinin popülasyon içi ve olan gen havuzlarında gen transferinin oluşması olayına gen akışı

denmektedir. Belirlenen SSR lokuslarındaki toplam genetik çeşitlilik ( $H_t$ ), popülasyon içi genetik çeşitlilik ( $H_s$ ), popülasyonlar arası genetik farklılaşma ( $G_{st}$ ) ve gen akışı ( $N_m$ ) verileri Çizelge 4.52’de verilmiştir. Burada toplam genetik çeşitlilik bakımından lokuslar değerlendirildiğinde elde edilen sonuçların 0.0000 ile 0.5000 arasında değişiklik gösterdiği, ortalama olarak 0.3606 olduğu tespit edilmiştir. Burada  $H_t$  düzeyi en düşük olan allelin phi084 kodlu primere ait olurken, en yüksek  $H_t$  düzeyi phi015 kodlu primerin 3. allelinden elde edilmiştir.

Lokuslar açısından ortalama popülasyon içi genetik çeşitliliğin 0.2391 olduğu ve bu değer 0.0000-0.4206 arasında değiştiği belirlenmiştir. Popülasyon içi genetik çeşitliliğin hiç (0.0000) gözlenmediği allelin phi084 kodlu primere ait olduğu gözlenirken,  $H_s$  değeri en az olan ikinci allelin 0.0137 ile phi034 kodlu primerin 1. alleli olduğu kaydedilmiştir. En fazla  $H_s$  değerine sahip allelin 0.4206 ile umc1255 kodlu primerin 3. allelinde gözlenirken, en yüksek  $H_s$  değerini ikinci sırada 0.4023 ile phi057 kodlu primerin 2. allelinde olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca tüm lokuslara genel itibari ile incelendiğinde umc1255 kodlu primere ait allellerde  $H_s$  değerleri yüksek çıktığı belirlenmiştir.

Araştırmamızda incelenmiş olan popülasyonlara ait  $G_{st}$  değerlerinin 0.1290-0.6706 arasında değişerek, ortalama  $G_{st}$  değerinin 0.3369 olduğu tespit edilmiştir. En düşük  $G_{st}$  değerinin phi095 kodlu primerin 1. allelinden, en düşük ikinci  $G_{st}$  değerinin 0.1353 ile phi095 kodlu primerin 3. allelinden ve en düşük üçüncü  $G_{st}$  değerinin 0.1378 ile phi095 kodlu primerin 2. allelinden elde edildiği belirlenmiştir. Genel olarak değerlendirildiğinde ise phi095 kodlu primerin popülasyonlar arasında ayırt ediciliğinin düşük olduğu gözlenmiştir. En yüksek  $G_{st}$  değerinin phi017 kodlu primerin 4. allelinden elde edilirken onu ikinci sırada 0.6621 değeri ile umc1622 kodlu primerin 1. allelinin izlediği kaydedilmiştir.

Genotiplere ait  $N_m$  değerlerinin 0.2456-3.3772 arasında değiştiği ve ortalama 0.9840 olarak belirlendiği kaydedilmiştir.  $N_m$  verilerine ait en düşük değer phi017 primerinin 4. allelinden elde edilirken, en yüksek  $N_m$  değerinin phi095 kodlu primerin 1. allelinden elde edildiği tespit edilmiştir. Ayrıca en yüksek ikinci  $N_m$  değerinin 3.1944 ile phi095 kodlu primerine ait 3. allelinden, en yüksek üçüncü  $N_m$  değerinin 3.1297 ile phi095 kodlu primerine ait 2. allelinden elde edilerek genel itibariyle phi095 kodlu primerin gen akışına yönelik genotipler arası çeşitliliği belirlemede diğer primerlere nazaran daha iyi ve kullanılabilir olduğu gözlenmiştir. Diğer taraftan phi084 kodlu primerin tüm genotipler açısından çeşitlilik oluşturmaması popülasyon içi ve popülasyon arası gen çeşitliliğinin olmadığını ve dolayısı ile

gen akışının belirlenmesinde kullanılabilecek etkin bir markör olmadığını gözler önüne sermiştir.

Çizelge 4.52. Belirlenen SSR lokuslarındaki toplam genetik çeşitlilik, popülasyon içi genetik çeşitlilik, popülasyonlar arası genetik farklılaşma ve gen akış verileri (Nei, 1978)

Lokus	H <sub>t</sub>	H <sub>s</sub>	G <sub>st</sub>	N <sub>m</sub> *	Lokus	H <sub>t</sub>	H <sub>s</sub>	G <sub>st</sub>	N <sub>m</sub> *
phi015-1	0.1754	0.1097	0.3745	0.8350	phi127-2	0.3200	0.2149	0.3286	1.0217
phi015-2	0.4999	0.2606	0.4787	0.5445	phi127-3	0.4776	0.2697	0.4353	0.6486
phi015-3	0.5000	0.3063	0.3874	0.7906	phi064-1	0.2449	0.1371	0.4400	0.6364
phi015-4	0.2841	0.1280	0.5494	0.4100	phi064-2	0.4941	0.3109	0.3709	0.8482
phi017-1	0.2915	0.1874	0.3571	0.9003	phi064-3	0.4669	0.2971	0.3636	0.8750
phi017-2	0.4914	0.3246	0.3394	0.9730	phi064-4	0.4928	0.2834	0.4249	0.6769
phi017-3	0.4752	0.2240	0.5286	0.4459	phi064-5	0.1277	0.0869	0.3200	1.0623
phi017-4	0.0555	0.0183	0.6706	0.2456	phi057-1	0.4639	0.3520	0.2413	1.5723
phi021-1	0.4898	0.3520	0.2813	1.2773	phi057-2	0.4972	0.4023	0.1910	2.1183
phi021-2	0.4972	0.3429	0.3105	1.1104	phi057-3	0.4082	0.3383	0.1712	2.4206
phi021-3	0.4575	0.3749	0.1807	2.2670	umc1550-1	0.4698	0.3520	0.2508	1.4939
phi021-4	0.3060	0.2469	0.1933	2.0861	umc1550-2	0.3400	0.2057	0.3949	0.7661
phi034-1	0.0337	0.0137	0.5930	0.3431	umc1550-3	0.4432	0.2971	0.3295	1.0174
phi034-2	0.4752	0.3063	0.3554	0.9068	phi095-1	0.3464	0.3017	0.1290	3.3772
phi034-3	0.3981	0.2423	0.3914	0.7775	phi095-2	0.3764	0.3246	0.1378	3.1297
phi034-4	0.1375	0.0960	0.3020	1.1557	phi095-3	0.3648	0.3154	0.1353	3.1944
umc2292-1	0.0555	0.0366	0.3412	0.9655	phi022-1	0.3648	0.1463	0.5990	0.3347
umc2292-2	0.0555	0.0274	0.5059	0.4884	phi022-2	0.2198	0.1143	0.4801	0.5415
umc2292-3	0.4972	0.3063	0.3840	0.8020	phi022-3	0.2367	0.1646	0.3046	1.1413
umc2292-4	0.2367	0.1463	0.3819	0.8092	phi022-4	0.4963	0.3337	0.3276	1.0261
umc2292-5	0.4863	0.2926	0.3983	0.7552	phi027-1	0.4506	0.2331	0.4826	0.5360
umc2101-1	0.4800	0.3383	0.2952	1.1935	phi027-2	0.4963	0.2834	0.4289	0.6656
umc2101-2	0.4506	0.3383	0.2493	1.5058	phi027-3	0.4800	0.3474	0.2762	1.3103
umc2101-3	0.1375	0.0777	0.4349	0.6496	phi027-4	0.3588	0.2469	0.3120	1.1027
umc2050-1	0.4992	0.3063	0.3864	0.7938	umc1164-1	0.2367	0.1829	0.2274	1.6990
umc2050-2	0.4928	0.3154	0.3599	0.8892	umc1164-2	0.4843	0.3474	0.2826	1.2691
umc2050-3	0.4843	0.3474	0.2826	1.2691	umc1173-1	0.4941	0.3977	0.1951	2.0630
umc2050-4	0.0337	0.0229	0.3217	1.0542	umc1173-2	0.4881	0.3200	0.3444	0.9518
umc1622-1	0.2841	0.0960	0.6621	0.2552	umc1173-3	0.4992	0.3200	0.3590	0.8929
umc1622-2	0.1277	0.0549	0.5706	0.3763	umc1255-1	0.4506	0.3520	0.2188	1.7848
umc1186-1	0.1375	0.0549	0.6011	0.3318	umc1255-2	0.4800	0.3886	0.1905	2.1250
umc1186-2	0.2688	0.1234	0.5408	0.4245	umc1255-3	0.4941	0.4206	0.1488	2.8597
phi127-1	0.4392	0.2743	0.3756	0.8314	<b>Ortalama</b>	0.3606	0.2391	0.3369	0.9840
					<b>Std. Sapma</b>	0.0238	0.0137		

H<sub>t</sub>: Toplam genetik çeşitlilik; H<sub>s</sub>: Popülasyon içi genetik çeşitlilik; G<sub>st</sub>: Popülasyonlar arası genetik farklılaşma; \* N<sub>m</sub> = G<sub>st</sub>'den gelen gen akışı tahmini. Örneğin, N<sub>m</sub> = 0.5 (1 - G<sub>st</sub>) / G<sub>st</sub>; (McDermott ve McDonald, 1993).

Acı ve ark. (2013) Sahra çölüne adapte olmuş 15 mısır genotipinde 18 SSR markörü kullanarak analiz etmişler ve bu genotiplere ait ortalama genetik çeşitliliği 0.57 olarak belirlemişlerdir.

Çalışmada genotipler arasındaki genetik uzaklık ( $D$ ), Nei 1972'nin Standart genetik uzaklık hesaplama yöntemine göre hesaplanmıştır (Ek 1.2). Yerel cin mısır popülasyonlarından elde edilen dendogram ağaçta genetik değişim miktarı 0.05 olarak belirlenmiş ve genotipler arası genetik farklılığın % 14.7-97.1 arasında değiştiği gözlenmiştir.

Buna göre Genotipler arasındaki en düşük genetik uzaklık değeri % 14.7 ile 8.3-9.3 (Eskişehir-Balıkesir), 18.5-22.5 (Kastamonu-Eskişehir) ve 33.3-34.4 (Ordu/Kovanlı-Muğla) kodlu genotipler arasında gözlenirken, en yüksek genetik uzaklık değeri % 97.1 ile 15.3-26.4 kodlu (Afyon-Tokat) genotipler arasında belirlenmiştir. Genel olarak genetik uzaklık değerleri incelendiğinde genotipler arasında ki varyasyonun çok yüksek olduğu, aynı popülasyona ait bireyler arasında dahi genetik farklılığın yüksek olduğu gözlenmiştir.

Genetik çeşitlilik, aynı türe ait bireylerin değişen ekolojik koşullarda adaptasyonunun daha fazla sağlanmasına ve türün devamlılığını etkileyen en önemli unsurdur. Genetik çeşitlilik ve varyasyon arttıkça bireylerin değişen ortam koşullarına uyumu artar ve o ölçüde varlıklarının sürdürülebilirliği de artmaktadır. Ayrıca genetik çeşitliliğin fazla olması ıslah çalışmalarında araştırmacıların istenilen özelliklere sahip bitkiler elde edebilmesine büyük katkı sağlamaktadır.

Genetik farklılık popülasyonların Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanması neticesinde farklı genetik yapıya sahip olmalarından kaynaklanmaktadır. Ancak, genotipler arası genetik farklılıklar % 14.7-97.1 arasında değişim gösterirken, popülasyonlara ait morfolojik özellikler bakımından farklılıklar % 2.5-11.1 arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir. Genotipler arası genetik farklılığın morfolojik özellikler bakımından gözlenen farklılıklardan daha yüksek olması genetik incelemenin genotip düzeyinde olmasıyla incelenen birey sayısının daha fazla olmasından kaynaklandığı gibi ayrıca moleküler düzeyde gözlemlerin daha hassas ve aydınlatıcı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Diğer taraftan morfolojik gözlemlerin genotip x çevre interaksiyonundan ve yetiştiriciliğe yönelik uygulamalardaki farklılıklardan, kullanılan genotipler arasındaki morfolojik varyasyonun genetik varyasyondan düşük olmasının nedeni, genotiplerin çevreye uyum yeteneklerinin yüksek, çevreden etkilenme hassasiyetinin düşük olmasından kaynaklandığı sonucuna

varılmıştır. Böylelikle de elde edilen farklılıkların moleküler düzeydeki farklılıklara nazar çok daha düşük olduğuna karar verilmiştir.

Dendogram analiz sonucu elde edilen ağaç incelendiğinde iki ana gruba ayrıldığı, bu grupların birinde 15 nolu popülasyona ait genotipler yer alırken diğer grupta iki alt gruba ayrıldığı bu gruplardan birinde 35.2 ve 1.2 nolu genotipler yer alırken diğer grup tekrardan iki alt gruba ayrıldığı ve devamında da her bir grubun başka alt gruplara ayrıldığı gözlenmiştir (Şekil 4.27).

Genel olarak dendogram üzerinde 35 popülasyonun dağılımı değerlendirildiğinde, oluşan tüm gruplarda (ana grup, alt grup ve daha alt gruplar) her bir popülasyonda alınan 5'er genotipin ağırlıklı olarak yayılışına göre gruplandırmada Balıkesir (9.4, 9.5, 10.4, 10.5), Eskişehir (12.1, 12.3, 12.4, 12.5, 23.2, 23.3, 23.4, 23.5), Tekirdağ (16.1 ve 16.4), Diyarbakır (21.1, 21.2, 21.4, 21.5), Kastamonu (18.3, 18.5), Kayseri (24.1, 24.2, 24.3, 24.4) ve Tokat-Erbaa (25.2, 25.3) illerinden toplanan popülasyonlar bir grupta yer almıştır. Diğer bir grupta Balıkesir (2.2, 2.4, 2.5, 3.1, 3.3), Çanakkale (14.1, 14.2, 14.5) ve Uşak (20.1, 20.2, 20.3, 20.4, 20.5) illerinden toplanan popülasyonlar bulunmaktadır. Balıkesir (3.4, 3.5, 4.1, 4.2, 4.3, 4.4), Kütahya (19.1, 19.4), Eskişehir (22.1, 22.2, 22.3), Tokat (26.1, 26.2, 26.3, 26.5), Ordu-Doğulu (27.1, 27.3), Konya (28.1, 28.2, 28.3, 28.4, 28.5), Nermin cin (29.1, 29.3, 29.4), Tokat-Erbaa (30.2, 30.3, 30.4, 30.5), Samsun-Bafra (31.2, 31.3, 31.4, 31.5), Ordu-Akpınar (32.2, 32.3, 32.4, 32.5), Ordu-Kovanlı (33.1, 33.3) ve Muğla (34.1, 34.4, 35.1, 35.3, 35.4, 35.5) şehirlerinde ekimi yapılan ve oradaki çiftçilerden toplanan genotipler ayrı bir grupta yer almışlardır. Çanakkale (1.4, 1.5), Balıkesir (2.1, 2.3, 5.1, 5.3, 6.3, 6.5, 9.1, 9.2, 9.3, 10.1, 10.2, 10.3), Eskişehir (7.1, 7.5, 8.1, 8.2, 8.3, 8.4, 8.5, 11.1, 11.2, 11.4, 11.5) ve Artvin (13.1, 13.4, 13.5) illerine ait genotipler kendi içlerinde başka bir grup oluşturmuşlardır. Geriye kalan diğer gruplar ise biri Balıkesir (5.2 ve 5.4), Tokat-Erbaa (25.1, 25.4 ve 25.5) ve Ordu-Kovanlı (33.2, 33.4 ve 33.5) illerine ait genotipleri; diğeri Amasya (17.1 ve 17.4) ve son olarak Afyon (15.1, 15.2, 15.3, 15.4 ve 15.5) iline ait genotipler ise başka bir grubu oluşturmuşlardır.

Oluşan bu dağılıma göre; 8 nolu Eskişehir, 15 nolu Afyon, 20 nolu Uşak, 28 nolu Konya orijinli popülasyonlarından elde edilen 5'er genotipin birden tek bir grupta yer almıştır. Bu durum bize bu popülasyonların genetik çeşitliliğinin diğer popülasyonlara göre daha dar olduğunu ve daha stabil olduğuna işaret etmiştir. Diğer popülasyonlardan 1 nolu Çanakkale, 6 nolu Balıkesir, 7 nolu Eskişehir, 16 nolu Tekirdağ, 17 nolu Amasya, 18 nolu Kastamonu, 19 Kütahya, 27 nolu Ordu-Doğulu ve 34 nolu Muğla orijinli popülasyonlarının her bir genotipinin farklı gruba (4 grup) dağılım göstererek genetik çeşitliliğinin diğer tüm



popülasyonlardan daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca, bu popülasyonların kontrol çeşidimiz olan Nermin Cin'e ait genotiplerin 3 farklı grupta dağılım göstererek genetik çeşitliliğin biraz daha dar olduğu anlaşılmıştır. Geriye kalan popülasyonlara ait genotiplerin 2 veya 3 gruba ayrıldığı ve genetik çeşitlilik oranının orta dereceli olduğu da anlaşılmıştır.

Morfolojik özellikler bakımından dendogram oluşturulduğunda ise birbirini en yakın olan popülasyonların Balıkesir (3)-Eskişehir (7) ve Eskişehir (22)-Muğla (35) illerinden temin edilen genotipler olmuştur. Birbirinden farklılığı en fazla olan popülasyonların ise Çanakkale (1)-Eskişehir (22; 11) illerinde ekimi yapılan ve oralardan temin edilen genotipler olmuştur. Standart çeşidimiz olan Nermin Cin ile morfolojik olarak benzerliği en fazla olarak belirlenen popülasyonun ise Kayseri'den temin edilmiştir.

Genel itibari ile incelediğimizde yerel popülasyonların gruplara dağılım ağırlıklı olarak birbirine yakın illere göre olmakla birlikte aynı grup için de Türkiye'nin çok farklı, bölgelerinden farklı ekolojik koşullarından temin edilen genotipler de yer aldığı görülmüştür. Cömertpay (2008) yerel atıdışı mısırlarında UPGMA yöntemine göre yaptığı analizde genotiplerin gruplara dağılımının belli bir bölgeye özgü dağılım göstermediğini; Warburton ve ark., (2005) kullanmış olduğu elit mısır hatlarının çevresel faktörlere ve morfolojik özelliklerine göre gruplara ayrılmadıklarını bildirmişlerdir.

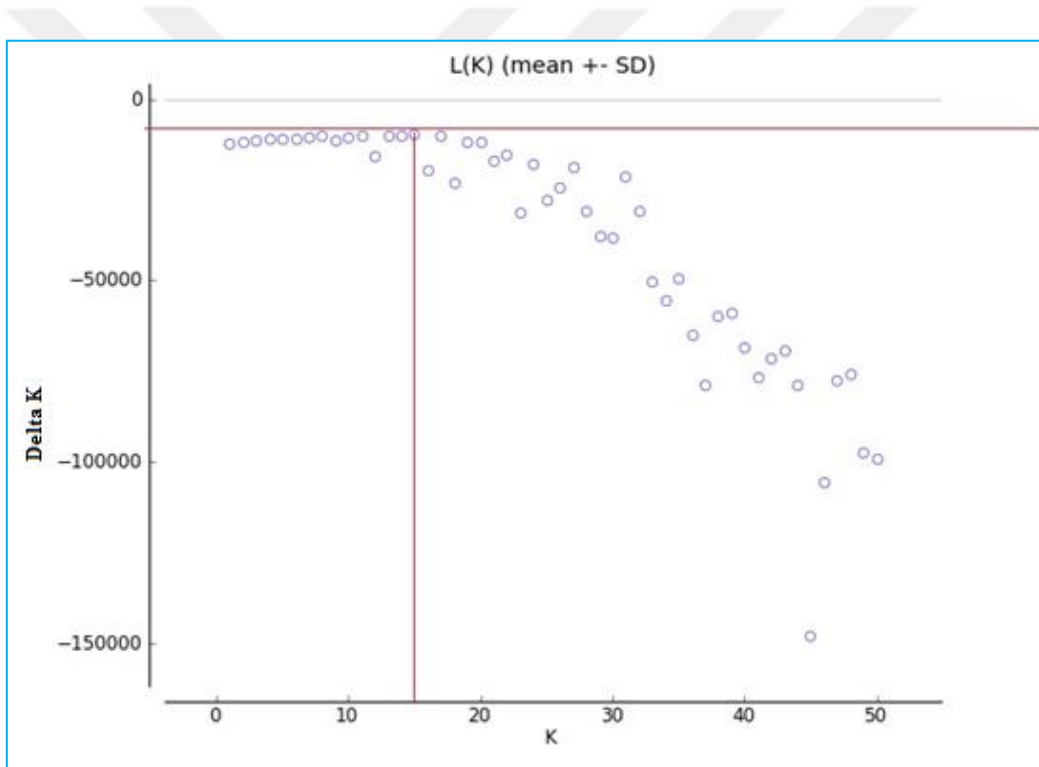
Buna neden olarak gıda olarak zevkle tüketilen böylelikle çiftçilerin kendi bahçelerinde küçük ölçekli bile olsa ekimi yapılması, yabancı tozlanmaya açık olması, dolaşım serbestliğine sahip bir ürün olmasından dolayı tek bir çeşidin ülkenin dört bir yanına yayılmış olabileceği ve böylelikle tüm genotiplerin birbirleri ile bağlantılı çıkması muhtemel görünmektedir. Araştırma materyalinin açık tozlanan popülasyon ve ülkenin doğu, batı, kuzey, güney ve orta bölgelerinden alınan materyal olduğundan genetik varyasyon yüksek çıkmıştır. Fenotipik varyasyonun düşük olması, mısır genotiplerinin yetişmesi için sıcaklık, su ve besin elementinin sağlanması halinde uyum yeteneğinin yüksek olmasından kaynaklanmıştır.

Başka bir açıdan incelediğimiz de ise genotiplere ait genetik çeşitliliğin oldukça yüksek olması da hem farklı yerlerde yetişmiş olmasından hem de adaptasyon yeteneğinin de artarak birbirinden çok farklı ekolojik koşullarda yetiştirilebilirliğinin fazla olmasından kaynaklanmış olabileceği sonucuna ulaşılmıştır.



### 4.3. Genotipik Verilere Göre Structure Analizi

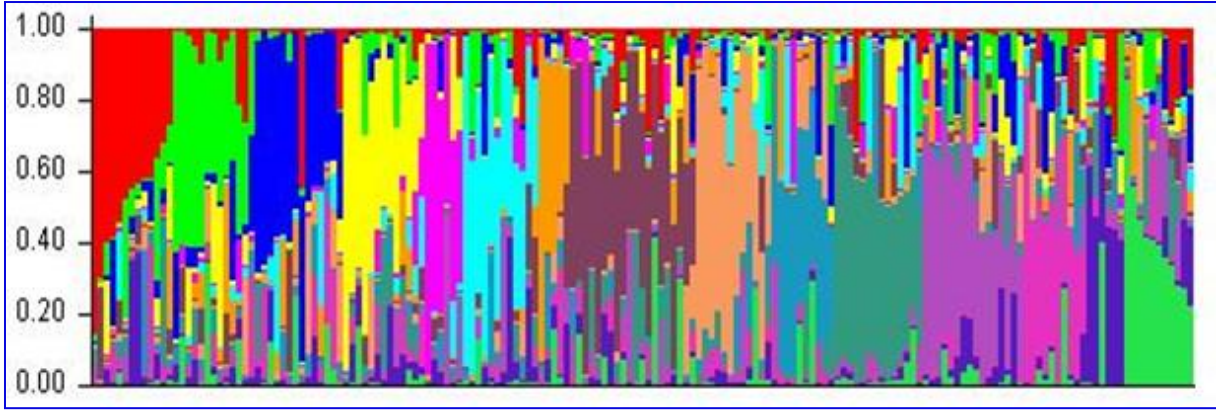
Yerel cin mısır popülasyonuna ait tüm genotipler Bayesian yöntemine uygun olarak STRUCTURE 2.3.4 programı kullanılarak kümeleme analizi yapılmıştır. Burada 175 adet genotipin bulunmasından dolayı kökenlerine bağlı olarak en sağlıklı gruptandırmayı belirlemek amacıyla öncelikle K değeri hesaplanmıştır. Yapılan analizde her bir genotip için K değeri 1 ila 50 arasında taranmış ve permütasyon modülünde 1000-10.000 değeri seçilerek her bir K değeri için 5 tekrar yapılarak en uygun K değeri hesaplanmıştır. Elde edilen sonuçların bulunduğu klasör 'zip dosyası' na çevrilerek web üzerinden açılan 'Structure Harvester' (<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>) sayfasına yüklenerek mümkün olan en uygun K değerinin 15 olduğu kabul edilmiştir (Şekil 4.27).



Şekil 4.28. Genotiplerin gruplandırma analizi için belirlenen ideal K değeri hesaplama grafiği

K değerinin 15 olarak kabul edilerek yapılan structure analizi sonucunda elde edilen diyagram Şekil 4.28'de verilmiştir. K değeri kümeleme analizinde kümeler arasında birbirine yakın ve önemli derecede karışmış olduğu sonucu elde edilmiştir.

Elde edilen diyagram incelendiğinde, oluşan her bir rengin moleküler açıdan birbirlerine benzerlik gösteren genotipleri veya bunların oluşturduğu grubu gösterdiği belirlenmiştir.



Şekil 4.29. Yerel cin mısır genotiplerinin STRUCTURE programı kullanarak bar-plot tabanlı kümeleme analizi

Şekil 4.29 ' de verilen yerel cin mısır genotiplerinin structure programı kullanarak yapılan bar-plot tabanlı kümeleme analizi incelendiğinde 1. grupta 14 adet mısır genotipinin [(3.3), (12.3-12.5), (22.1), (27.3- 27.4), (30.1- 30.2 -30.3 -30.4 -30.5), (31.2-31.5) ve (32.3)] bulunduğu, ayrıca 30 nolu popülasyona ait genotiplerin bu grupta ağırlıklı olarak yer aldığı belirlenmiştir.

Grup 2 incelendiğinde bu grupta ağırlıklı olarak 20 ve 21 nolu genotipler olmak üzere 10 adet mısır genotipin bu grupta yer aldığı ve bu genotiplerin sırasıyla (14.5), (18.2), (19.5), (20.1-20.2-20.3-20.4) ve (21.2-21.3-21.5) olduğu kaydedilmiştir.

Diğer bir grup olan 3. grubu incelediğimizde toplamda 15 genotipin bulunduğu ve bu genotiplerin (2.1-2.3), (5.3), (10.2-10.3), (11.1-11.3-11.5), (12.2-12.3), (14.4), (15.5), (20.5), (21.5) ve (29.5) olduğu belirlenmiştir. Popülasyon açısından incelendiğinde ise 3 grupta ağırlıklı olarak yer alan popülasyonların 2, 10, 11 ve 12 nolu popülasyonlar olduğu kaydedilmiştir. Grup 4'te yer alan genotipler (2.5), (5.1), (14.4), (19.2), (22.4), (23.1-23.4), (30.3), (32.2-32.4), (33.1) ve (34.1-34.4) kodlu genotipler olmuştur. Popülasyon bazında incelendiğinde 4. grupta ağırlıklı olarak 23, 32 ve 34 nolu popülasyonların olduğu ancak bunların dahi sadece 2'şer genotiplerinin bu grupta yer aldığı belirlenmiştir.

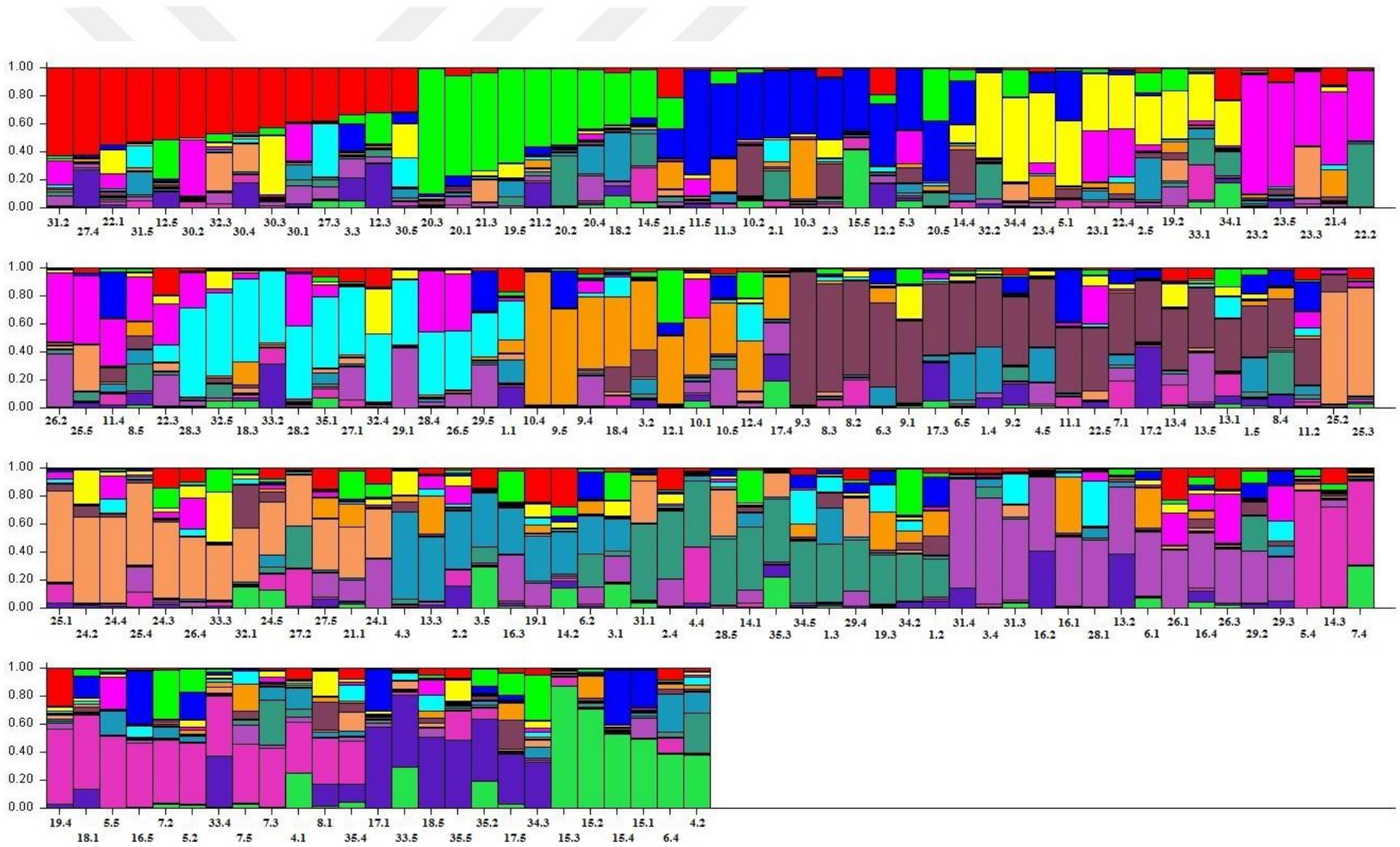
Grup 5'te 22, 23, 26 ve 28 nolu genotipler baskın olmak üzere toplamda 17 genotip yer almıştır. Grubu genotip bazında incelediğimizde ise (8.5), (10.1), (11.4), (21.4), (22.2-22.3-22.4), (23.1-23.2-23.3-23.5), (25.5), (26.2-26.5) ve (28.2-28.3-28.4) kodlu genotiplerin yer aldığı görülmüştür. Ayrıca 23 nolu popülasyona ait genotiplerin hem 4. hem de 5. gruplarda yer aldığı belirlenmiştir. Grup 6' incelendiğinde ise 13 genotipin bu grupta yer aldığı ve bunların (12.4), (18.3), (26.5), (27.1), (28.2-28.3-28.4), (29.1-29.5), (32.4-32.5), (33.2) ve (35.1) olduğu saptanmıştır. Genel olarak popülasyon bakımından incelendiğinde ise

bu grupta 28, 29 ve 32 nolu popülasyonların ağırlıklı olarak bulunduğu gözlenmiştir. Ayrıca 28 nolu popülasyona ait genotiplerin hem 5. hem de 6. genotipte yer almış olması varyasyon özelliğinin biraz yüksek olmasından kaynaklandığı düşünülmüştür. Tescilli yerel çeşidimiz olan Nermin cin (29)'in bulunduğu bu grupta 28 ve 32 nolu popülasyonlarının da bulunması moleküler açıdan bu popülasyonların birbirlerine yakınlığını da ayrıca belirlenmiştir.

Grup 7'de ise toplamda 10 adet genotipin yer aldığı [(3.2), (9.4-9.5), (10.1-10.4-10.5), (12.1-12.4), (17.4) ve (18.4)], popülasyon bakımından 9, 10 ve 12 nolu popülasyonların bu grupta ağırlıklı olarak yer aldığı ve bunlar içinden 9 ve 12 nolu popülasyonların 10 nolu popülasyona nazaran daha fazla genetik varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Grup 8 incelendiğinde toplamda 20 genotipin bu grupta yer aldığı görülmüştür. Bu genotiplerin (1.4-1.5), (4.5), (6.3-6.5), (7.1), (8.2-8.3-8.4), (9.1-9.2-9.3), (11.1-11.2), 13.1-13.4-13.5), (17.2-17.3) ve (22.5) olduğu ve popülasyon bakımından incelendiğinde 1, 6, 8, 9, 11, 13 ve 17 nolu popülasyonlara ait genotiplerin bu grupta ağırlıklı olarak bulunduğu ancak popülasyonlar arasındaki genetik çeşitliliğin 1, 6, 11 ve 17 nolu popülasyonlarda 8, 9 ve 13 nolu popülasyonlara nazaran daha fazla olduğu görülmüştür.

Grup 9'ait verilerde 16 adet genotipin bu grupta yer aldığı, bu genotiplerin (21.1), (24.1-24.2-24.3-24.4-24.5), (25.1-25.2-25.3-25.4-25.5), (26.4), (27.2-27.5), (32.1) ve (33.3) kodlu genotipler olduğu 24, 25 ve 27 nolu popülasyonların ağırlıklı olarak yer aldığı görülmüştür. Ayrıca 24 ve 25 nolu popülasyonlara ait genotiplerin tamamının bu grupta yer almış olması, bize bu popülasyonun genotiplerine ait moleküler verilerin daha sağlıklı elde edildiği veya genetik çeşitliliğinin diğer popülasyonlardaki genotiplere nazaran daha az olduğunu göstermiştir.

Grup 10'daki yer alan genotipler incelendiğinde toplamda 9 adet genotipin [(2.2), (3.1-3.5), (4.3), (6.2), (13.3), (14.2) (16.3) ve (19.1)] bulunduğu ve bu genotiplerin her birinin bir popülasyona ait olması (3 nolu popülasyona ait 2 genotip hariç) bize bu grubun diğer gruplar arasında bir geçiş grubu oluşturabileceği ve bu grupta genetik çeşitliliği fazla olan genotiplerin yer almış olabileceğini düşündürmüştür.



Şekil 4.30. Yerel cin mısır genotiplerinin STRUCTURE programı kullanarak bar plot tabanlı kümeleme analizi

Grup 11 incelendiğinde, toplamda 13 genotipin yer aldığı, bu genotiplerin ise sırasıyla (1.2-1.3), (2.4), (4.4), (6.2), (14.1), (19.3), (25.5), (29.4), (31.1), (34.2-34.5) ve (35.3) kodlu genotipler olduğu görülmüştür. Burada 1 ve 34 nolu popülasyonlara ait 2'şer genotip yer almakla birlikte diğer genotiplerin her birinin farklı bir popülasyona ait olması 11. grubun da diğer guruplara nispeten bir geçiş grubu olabileceğini düşündürmüştür. Ağırlıklı olan popülasyonlardan 1 nolu popülasyonun hem 8 hem de 11 nolu gruplarda yer alırken, 34 nolu popülasyonun hem 4 hem de 11 nolu gruplarda yer aldığı da ayrıca tespit edilmiştir.

Diğer bir grupta (12) ise toplamda 14 adet genotip yer almıştır. Bu genotipler sırasıyla (3.4), (6.1), (13.2), (16.1-16.2-16.3-16.4), (26.1-26.3), (28.1), (29.2-29.3) ve (31.3-31.4) olmuştur. Bu grupta 16 nolu popülasyona ait 4 genotip, 26, 29 ve 31 nolu popülasyonlara ait 2'şer genotip yer almıştır. Diğer genotiplerin ise popülasyonlarındaki diğer genotiplerden sapma gösterdiği gözlenmiştir. Grup 13 incelendiğinde toplamda 15 genotipin bu grupta yer aldığı tespit edilmiştir. Ağırlıklı olarak 5 ve 7 nolu popülasyonlara ait genotiplerin yer aldığı bu grupta mevcut genotiplerin dağılımı sırasıyla (4.1), (5.2-5.4-5.5), (7.2-7.3-7.4-7.5), (8.1), (14.3), (16.5), (18.1), (19.4), (33.4) ve (35.4) şeklinde olmuştur.

Grup 14' ait veriler incelendiğinde, toplamda 10 adet genotipin bulunduğu bu grupta 17 (17.1-17.2), 33 (33.4-33.5) ve 35 (35.2-35.5) nolu popülasyonlara ait 2'şer genotipin yanı sıra (13.2), (16.2), (18.5) ve (34.3) kodlu genotiplerin yer aldığı belirlenmiştir. Diğer taraftan Grup 15'te toplamda 7 adet genotipin yer aldığı, bunlardan 5 tanesinin 15 nolu popülasyona (15.1-15.2-15.3-15.4-15.5) ait olduğu, diğerlerinin ise (4.2) ve (6.4) olduğu tespit edilmiştir.

Genel olarak deneme materyalimiz olan 5 yerel cin mısır popülasyonunun gruplara dağılımı incelendiğinde 2, 3, 5, 6, 7, 8, 13, 15, 16, 20, 21, 22, 24, 25, 27, 30, 31, 33 ve 35 nolu popülasyonlara ait genotiplerin ağırlıklı olarak veya tamamının tek bir grup altında toplandığı; 1, 9, 10, 11, 12, 17, 23, 26, 28, 29, 32 ve 34 nolu popülasyonlara ait genotiplerin ağırlıklı olarak iki farklı grupta yayılım gösterdiği, diğer taraftan da 4, 14, 18 ve 19 nolu popülasyonlara ait her bir genotipinin farklı bir grupta yer aldığı gözlenmiştir.

Popülasyonlara ait genotiplerin gruplar arasında dağılımı popülasyondaki genetik çeşitliliğe bağlı olduğu gibi mısırın yabancı döllenmiş bir bitki olmasından dolayı tohum elde edilmesi esnasında izolasyonun yeteri kadar iyi yapılamamış olmasında da kaynaklı olabileceği düşünülmektedir.

Yapılan bu analiz sonucunda çalışmamızda kullanmış olduğumu yerel cin mısır popülasyonlarının farklı gruplarda yer alması birbirleri arasında ki genetik farklılığı gözler

önüne sermektedir. Yerel cin mısır popülasyonlarının genetik çeşitlilik bakımından hibrit emsallerine nazaran daha zengin olduğu bilinmekle birlikte ıslah çalışmalarında farklı gruplarda yer alan ve yüksek açılım gösteren genotiplerin kullanılmasının daha sağlıklı ve etkili sonuçlar elde etmede yararlı olabileceği düşünülmektedir.

#### 4.4. Structure Analizine Göre Oluşturulan Gruplara Ait Filogenetik Ağaç

Yerel cin mısır popülasyonlarından oluşturduğumuz 175 genotipi içeren veri seti structure analizi ile 15 gruba ayrılmış, elde edilen sonuçlar UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) yöntemi kullanılarak genetik mesafeyi gösterir matris (Çizelge 4.53) ve filogenetik ağaç (Şekil 4.31) oluşturulmuştur.

Çizelge 4.53. Yerel cin mısır genotiplerinin structure analizi sonucu oluşturulmuş olan 15 gruba ait genetik uzaklık matrisi

Grup	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1															
2	0.2010														
3	0.2941	0.2696													
4	0.2070	0.1967	0.2798												
5	0.2104	0.2343	0.3007	0.2345											
6	0.2255	0.2755	0.3391	0.1883	0.2821										
7	0.2884	0.2695	0.2264	0.3115	0.2397	0.2758									
8	0.2938	0.2234	0.2245	0.1911	0.2146	0.2682	0.1931								
9	0.2256	0.1753	0.3357	0.2143	0.2056	0.2160	0.2806	0.2430							
10	0.1952	0.1920	0.2909	0.2220	0.2203	0.2302	0.2479	0.2706	0.2866						
11	0.2452	0.3160	0.3167	0.2852	0.2997	0.3071	0.3065	0.3157	0.3514	0.2005					
12	<b>0.1666</b>	0.2224	0.3133	0.2102	0.2380	0.2176	0.3041	0.2709	0.2378	0.2094	0.2614				
13	0.2074	0.2238	0.2506	0.1844	0.2855	0.2060	0.2738	0.2245	0.2092	0.1954	0.2817	0.3071			
14	0.2369	0.2427	0.2759	0.2754	0.2674	0.2622	0.3009	0.2693	0.2321	0.2379	0.2938	0.2886	0.2639		
15	0.3244	0.2676	<b>0.3845</b>	0.3388	0.3372	0.3250	0.3139	0.3202	0.3538	0.2486	0.3097	0.3409	0.2735	0.3142	

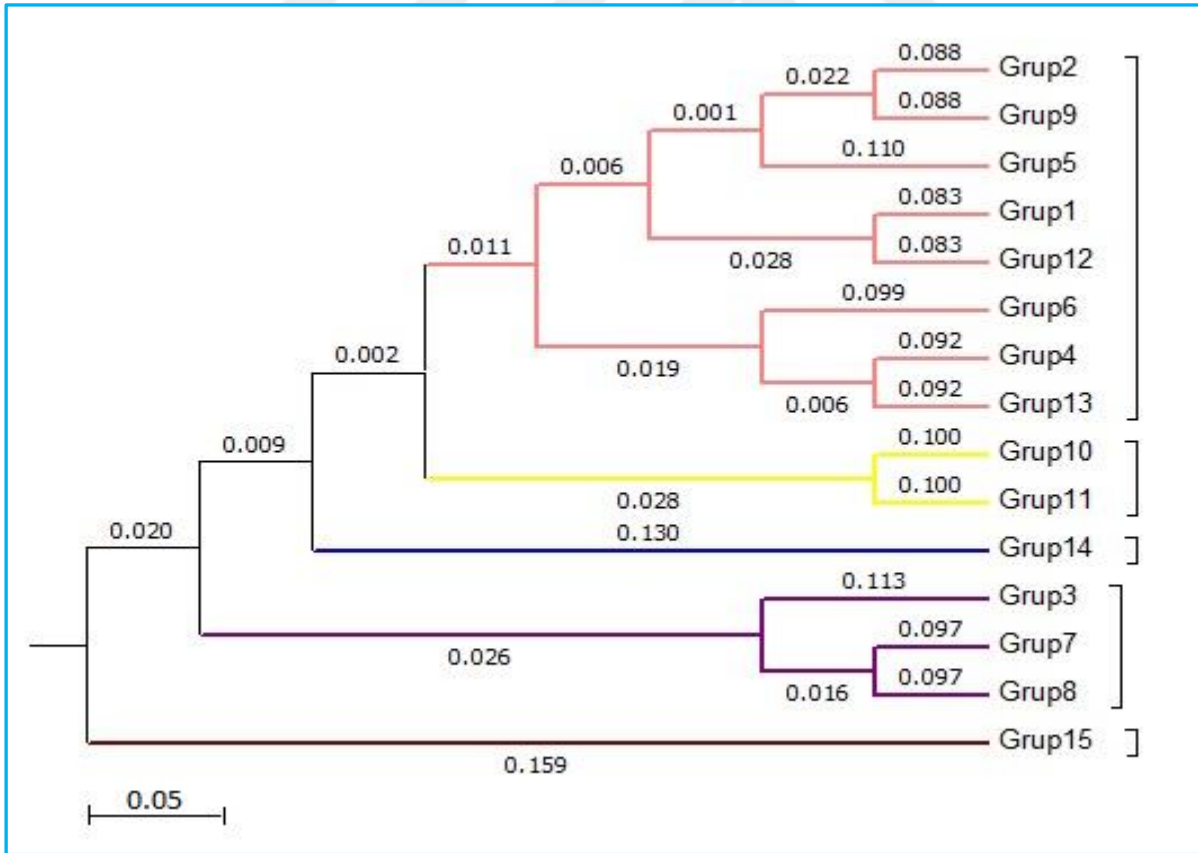
Çizelge 4.53 incelendiğinde structure analizi sonucunda 15 grup oluşmuş olup, bu gruplara ait genetik farklılığın % 17-39 arasında değiştiği gözlenmiştir. Genetik farklılığın en düşük olduğu grupların 1 ve 12 nolu gruplar olduğu ve aralarındaki genetik farklılığın en yüksek olduğu grupların 3 ve 15 nolu gruplar olduğu belirlenmiştir.

Çalışmamızda kullanmış olduğumuz 35 adet yerel cin mısır popülasyonunun, mısırın açık tozlanan yapısından dolayı popülasyon içinde dahi genetik farklılıkları olabileceğinden



dolayı her bir popülasyondan tesadüfi olarak 5'er bitkiden örnekler alınmış ve toplamda 175 yerel cin mısır genotipi analiz edildiğinde genetik çeşitliliğin % 14.7-97.1 arasında değiştiği belirlenmiştir. İlk aşamada belirlenen genetik çeşitlilik daha sonra birbirlerine benzerliklerine göre structure analizine tabi tutulduğunda her bir grubu oluşturan bireylerin moleküler verilerin ortalamaları alınmıştır. Grupların ise birbirleri ile aralarında genetik farklılığın (%17-39) ilk aşamada (175 genotiple) yapılan analizdeki genetik çeşitlilik (%14.7-97.1) ile farklı çıkmasının önemli bir nedenidir. Diğer taraftan popülasyon genetiği analizinde örnek sayısı ne kadar fazla olursa genetik çeşitliliğin de o ölçüde yüksek çıkabileceği bilinmektedir.

Elde edilen 15 gruba ait filogenetik ağaç incelendiğinde ise 0.05 'lik genetik değişim miktarı ile grupların iki ana kola ayrıldığı ve bu kollardan birinde Grup 15'in tek başına bulunduğu ve diğer tüm grupların ikinci kolda yer aldığı belirlenmiştir. Her bir grupta yer alan genotipler de incelendiğinde (Şekil 4.31) Grup 15'te 15 nolu popülasyona ait genotiplerin yer aldığı tespit edilmiştir. İkinci ana kol incelendiğinde iki alt kola ayrıldığı bunlardan birinde 3, 7 ve 8. gruplar yer alırken diğer alt kolunda tekrar 2 kola ayrıldığı belirlenmiştir.



Şekil 4.31. Yerel cin mısır genotiplerinin structure analizi sonucu oluşturulmuş olan 15 gruba ait genetik uzaklık matrisi

#### 4.5. Popülasyonlar Arasında Moleküler Farklılıkların Morfolojik Analiz Sonuçları ile Kıyaslanması

Popülasyonlara ait genotiplerden elde edilen moleküler analizler sonucu oluşturulan filogenetik ağaç incelendiğinde 15 nolu popülasyonun diğer tüm popülasyonlardan farklı bir grup oluşturduğu gözlenmiştir. Bunun üzerine 15 nolu popülasyonu kullanmış olduğumuz standart çeşit olan Nermin Cin (29) ve diğer 33 popülasyona ait verilerin ortalamaları ile kıyaslanmış ve Çizelge 4.54 ve Şekil 4.32’de verilmiştir.

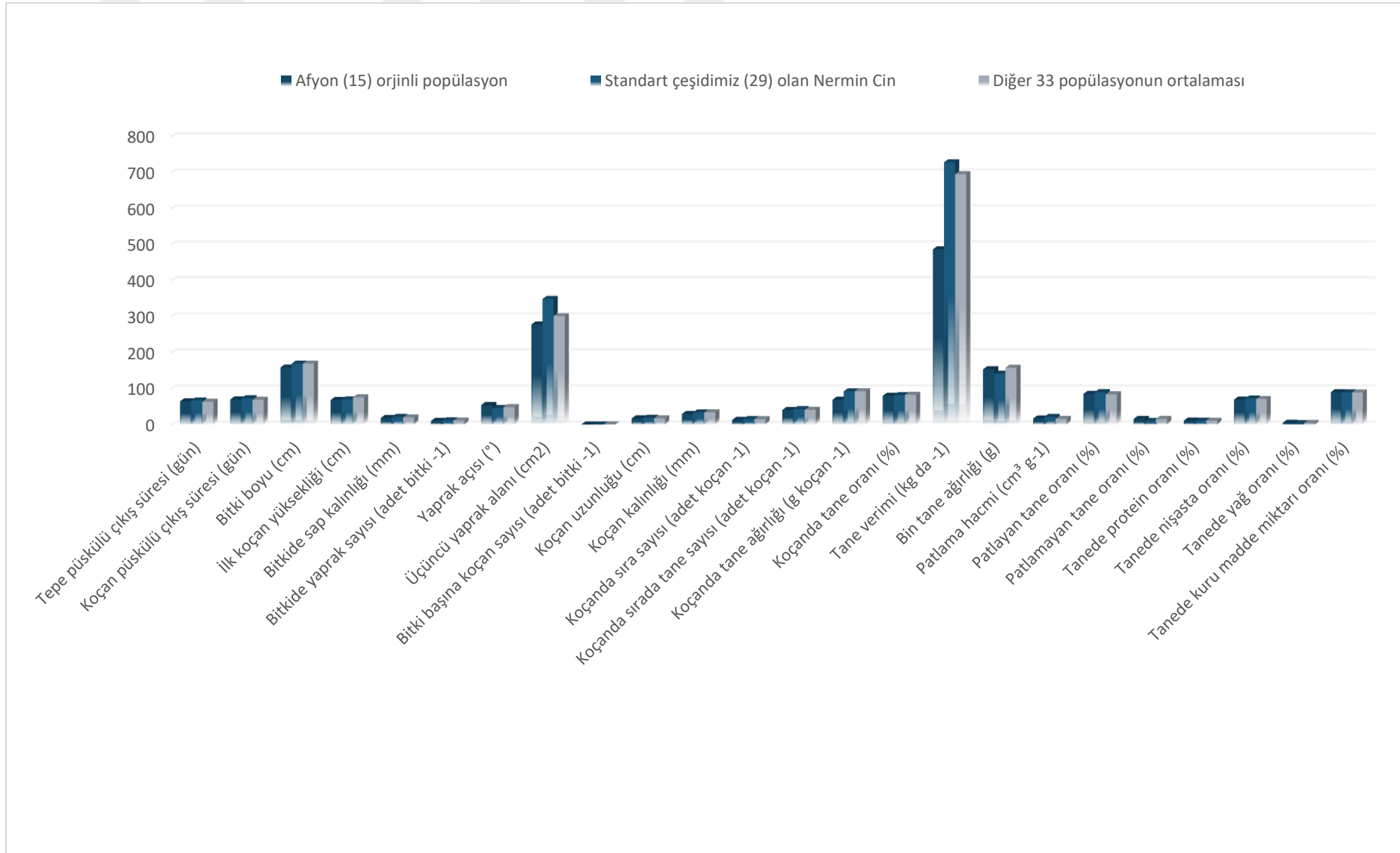
Çizelge 4.54 ve Şekil 4.32 incelendiğinde 15 nolu popülasyonundan elde edilen yaprak açısı, bin tane ağırlığı, patlamayan tane oranı, tanede protein oranı, tanede yağ oranı ve tanede kuru madde miktarı oranı değerlerinin Nermin Cin’e ait değerlerden yüksek olduğu, diğer tüm özellikler bakımından 15 nolu popülasyonun Nermin Cin’den daha düşük değerlere sahip olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.54. Farklı bulunan 15 nolu popülasyon, standart çeşit ve diğer 33 popülasyona ait ortalama morfolojik ve agronomik veriler

Agro-morfolojik Özellikler	Afyon (15) orijinli popülasyon	Standart çeşidimiz (29) olan Nermin Cin	Diğer 33 popülasyonun ortalaması
Tepe püskülü çıkış süresi (gün)	64.667	66.833	63.525
Koçan püskülü çıkış süresi (gün)	69.833	73.000	69.061
Bitki boyu (cm)	158.100	168.633	168.760
İlk koçan yüksekliği (cm)	68.250	69.817	75.777
Bitkide sap kalınlığı (mm)	18.583	21.483	20.034
Bitkide yaprak sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> )	10.417	11.933	11.403
Yaprak açısı (°)	54.333	46.000	48.470
Üçüncü yaprak alanı (cm <sup>2</sup> )	277.187	348.118	300.776
Bitki başına koçan sayısı (adet bitki <sup>-1</sup> )	1.105	1.132	1.302
Koçan uzunluğu (cm)	17.450	19.150	17.464
Koçan kalınlığı (mm)	29.617	33.867	34.068
Koçanda sıra sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> )	13.217	15.533	15.325
Koçanda sırada tane sayısı (adet koçan <sup>-1</sup> )	40.667	43.167	41.149
Koçanda tane ağırlığı (g koçan <sup>-1</sup> )	69.097	92.177	92.451
Koçanda tane oranı (%)	79.863	81.528	82.659
Tane verimi (kg da <sup>-1</sup> )	485.985	727.687	694.964
Bin tane ağırlığı (g)	153.210	140.968	157.355
Patlama hacmi (cm <sup>3</sup> g <sup>-1</sup> )	17.133	21.633	16.160
Patlayan tane oranı (%)	85.143	89.777	84.071
Patlamayan tane oranı (%)	15.857	10.223	15.985
Tanede protein oranı (%)	11.317	10.982	10.771
Tanede nişasta oranı (%)	69.380	72.245	70.892
Tanede yağ oranı (%)	5.225	4.230	4.869
Tanede kuru madde miktarı oranı (%)	89.728	89.468	89.164

Nermin cin mısır ve 15 nolu popülasyona ait veriler çıkarılarak geriye kalan 33 cin mısır popülasyondan elde edilen verilerin ortalama değerleri 15 nolu popülasyona ait değerlerle kıyaslandığında, 15 nolu popülasyonun tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, yaprak açısı, patlama hacmi, tanede protein oranı, tanede yağ oranı ve tanede kuru madde miktarı oranı özellikleri bakımından diğer 33 popülasyona ait ortalama değerlerden yüksek değerler aldığı, ancak bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, bitki başına koçan sayısı, koçan kalınlığı, koçanda tane ağırlığı ve koçanda tane oranı bakımından 33 popülasyona ait değerlerden düşük değerlere sahip olduğu anlaşılmıştır.





Şekil 4.32. Farklı bulunan 15 nolu popülasyon, standart çeşit ve diğer 33 popülasyona ait ortalama morfolojik ve agronomik veriler

## 5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmış ve gen bankasında (ETAE) muhafaza edilen 35 yerel cin mısır popülasyonunun Kahramanmaraş koşullarında morfolojik, agronomik ve kalite özelliklerinin belirlenmesi ve DNA moleküler işaretleyiciler ile karakterizasyonunu sağlamak amacıyla yürüttüğümüz bu çalışmada popülasyonlar hakkında aşağıdaki bulgular elde edilmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarında morfolojik, agronomik ve kalite özellikleri bakımından farklılıkları gözlemek amacıyla 23 özellik incelenmiştir. Tüm özellikler bakımından genotipler arasında farklılığın yüksek olduğu; yıllar düzeyinde incelendiğinde, genotiplerin koçan sırasında tane sayıları arasındaki farklılığın önemsiz, tanede yağ oranları bakımından % 5 önem seviyesinde varyasyon ( $p<0.05$ ) gösterdiği ve diğer tüm özellikler bakımından yüksek varyasyon olduğu belirlenmiştir. Yıl x genotip interaksyonu açısından tüm özellikler incelendiğinde sadece tepe ve koçan püskülü çıkış sürelerinin istatistiksel olarak farklılık oluşturmadığı, diğer tüm özelliklerin önemli farklılık gösterdiği ( $p<0.01$ ) kaydedilmiştir.

Çalışmamızda kullanmış olduğumuz yerel cin mısır popülasyonları tüm özellikler açısından büyük varyasyon göstermişlerdir ve bu özelliklere ait elde edilen iki yılın birleştirilmiş analiz verilerine göre; 35 yerel mısır popülasyonunda tepe püskülü çıkış süresinin 59-71 gün arasında değiştiği, kontrol çeşidi olan Nermin Cin'de 67 gün, popülasyonlar arası ortalamanın 64 gün olduğu saptanmıştır. Koçan püskülü çıkış süresi 64-75 gün arasında değiştiği, ortalama 69 gün olduğu ve kontrol çeşidinin ise 73 günde gerçekleştiği kaydedilmiştir.

Araştırmada kullanılan yerel cin mısır popülasyonlarının bitki boyları 138-210 cm arasında değişmiştir. Diğer taraftan standart çeşidimize ait boy uzunluğu 169 cm olarak belirlenirken popülasyonlara ait ortalama bitki boyu değeri 169 cm olarak tespit edilmiştir. Popülasyonların ilk koçan yükseklikleri 51-103 cm arasında değişmiş ve ortalama olarak 75 cm olarak hesaplanmıştır. Standart çeşit olarak kullanılan Nermin Cin'e ait ilk koçan yüksekliği değeri 70 cm şeklinde belirlenmiştir.

Bitkide sap kalınlığı bakımından popülasyonlar 17-24 mm arasında değişiklik göstermiş ortalama olarak 20 mm sap kalınlığına sahip oldukları gözlenmiştir. Kontrol çeşidinin sap kalınlığı 22 mm olduğu ve popülasyonların ortalama değerlerinden daha yüksek olduğu saptanmıştır. Popülasyonlarda bitkide yaprak sayısı değerleri  $10-13$  adet bitki<sup>-1</sup> arasında

değiřmiştir. Arařtırmada kullanılan cin mısırı popülasyonlarının bitkide yaprak sayısı ortalaması 11 adet bitki<sup>-1</sup>olarak belirlenirken, Nermin Cin'in 12 adet bitki<sup>-1</sup> ile genel ortalamadan yüksek olduđu saptanmıştır. Popülasyonlarda ölçüm için belirlenen bitkilerin baştan üçüncü sıradaki yaprağının açısının denemede kullanılan popülasyonlarda 40-63 ° arasında değiřtiğini, ortalama olarak 49 ° elde edildiđi ve kontrol çeřidinin 46 °'lik açiya sahip olduđu belirlenmiştir. Yine aynı bitkilerde üçüncü yaprak alanı ölçülmüş ve popülasyonlarda 254-366 cm<sup>2</sup> arasında değiřtiđi, ortalama olarak 302 cm<sup>2</sup> ve kontrol çeřidinde 348 cm<sup>2</sup> hesaplanmıştır.

Yerel cin mısır popülasyonları koçan özellikleri yönünden incelendiğinde; bitki başına düşen koçan sayısı değeri popülasyonlar arasında 1.0-1.6 adet bitki<sup>-1</sup>arasında değiřmekle birlikte, kontrol çeřidinde bu değeri 1.132 adet bitki<sup>-1</sup> ve ortalama olarak 1.3 adet bitki<sup>-1</sup> olduđu tespit edilmiştir. Koçan uzunluđuna ilişkin değerler 15-19 cm arasında değiřtiğini, ortalama olarak 17.5 cm olduđu ve kontrol çeřidinin de 19 cm ile en uzun koçana sahip olduđu tespit edilmiştir. Popülasyonların koçan kalınlıkları ölçüldüğün de ise değerlerin 29.6-37.7 mm arasında değiřtiđi kaydedilmiştir. Popülasyonlar arası ortalama koçan kalınlığı değeri 33.9 mm olarak belirlenirken, Nermin Cin 33.9 mm ile ortalama değere eş bir değeri aldıđı izlenmiştir.

Koçanda sıra sayısı bakımından popülasyonlar arası, ortalama ve kontrol çeřidine ait değerler sırasıyla 12.57-19.23, 15.27 ve 15.53adet koçan<sup>-1</sup> olarak elde edilmiştir. Koçan sırasında tane sayısının popülasyonlar arasında 35.47-44.90 adet koçan<sup>-1</sup> arasında değiřiklik gösterdiđi ve ortalama olarak 41.19 adet koçan<sup>-1</sup> olarak hesaplanmıştır. Kontrol çeřidinin koçan sırasında tane sayısının 43.17 adet koçan<sup>-1</sup> ile ortalamadan yüksek bir değeri aldıđı belirlenmiştir. Koçanda tane ağırlığı verileri incelendiğinde 69.10-118.54 g koçan<sup>-1</sup> arasında değiřmekle birlikte ortalama olarak 91.78 g koçan<sup>-1</sup> olarak hesaplandıđı ve kontrol çeřidinde ise bu değeri 92.18 g koçan<sup>-1</sup> olarak belirlendiđi görülmüştür.

Önemli parametrelerden bir diđer olan koçanda tane oranını % 79.53-86.21 arasında değiřerek yüksek varyasyon gösterdiđi, ortalama koçanda tane oranının % 82.55 olarak hesaplandıđı ve Nermin Cin'de bu değeri % 81.53 olduđu kaydedilmiştir. Tane verimine yönelik yapılan ölçümlerde popülasyonlar arası tane veriminin 477.76-859.26 kg da<sup>-1</sup> arasında değiřmekle birlikte, kontrol çeřidinde bu değeri 727.69 kg da<sup>-1</sup> ve popülasyonlara ait ortalama tane veriminin 689.93 kg da<sup>-1</sup> olduđu tespit edilmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarından denememizde kullanmış olduğumuz 35 popülasyona ait bin tane ağırlığı değerlerinin 104.33-222.09 g arasında değiştiği, ortalama olarak 156.77 g olduğu ve Nermin Cin'in bin tane ağırlığı değerinin 140.97 g olduğu belirlenmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarının patlama özelliği ile ilgili ölçümler incelendiğinde; patlama hacminin popülasyonlar arasında 7.07-23.35 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> arasında değiştiği, ortalama olarak 16.34 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olduğu belirlenmiştir. Kontrol çeşidinde bu değer 21.63 cm<sup>3</sup> g<sup>-1</sup> olduğu da tespit edilmiştir. Patlayan tane oranının % 70.18-96.02 arasında değiştiği, ortalama değer % 84.26 ve kontrol genotipinde bu değer % 89.78 olduğu görülürken, patlamayan tane oranının % 4.15-29.82 arasında, ortalama % 15.82 ve kontrolde %10.22 değerlerinin elde edildiği kaydedilmiştir.

Çalışmamızda kullanmış olduğumuz yerel cin mısır popülasyonlarının tanede kalite özelliklerinden tanede protein oranının % 9.88-11.54 arasında değiştiği, ortalamasının % 10.79 olduğu ve kontrol çeşidinin % 10.98 ile ortalama tanede protein oranı değerinden nispeten yüksek olduğu görülmüştür. Tanede nişasta oranının % 68.73-72.92 arasında değiştiği ve kontrol çeşidinde % 72.245 olduğu belirlenmiştir. Tanede yağ oranının popülasyonlar arasında % 4.23-5.61 arasında değiştiği, ortalama olarak % 4.86 olduğu ve kontrol çeşidinde bu değer % 4.230 olduğu kaydedilmiştir. Cin mısırı popülasyonlarındaki tanede kuru madde miktarı oranı % 88.05-89.84 arasında değiştiği bu değer kontrol çeşidinde % 89.47 olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada her bir özellik yönünden popülasyonlar tek tek incelenmiş olup ayrıca tüm özellikler bakımından popülasyonlar değerlendirilmiştir. Bu değerlendirme sonucunda birbirine benzerlik yönünden en yakın olan popülasyonların öncelikle 3 (Balıkesir-Sarı) ve 7 (Eskişehir-Sarı); daha sonra 22 (Eskişehir-Sarı) ve 35 (Muğla-Beyaz) nolu popülasyonlar olduğu belirlenmiştir. Ayrıca birbirleri ile benzerliği en az olan popülasyonlar öncelikle 1 (Çanakkale-Sarı) ve 22 (Eskişehir-Sarı) nolu genotipler olduğu, daha sonra 1 (Çanakkale-Sarı) ve 11 (Eskişehir-Turuncu) nolu genotiplerde görülmüştür. Benzerlik ve farklılıklarına göre iller bazında popülasyonlar değerlendirildiğinde bölgelere göre bir benzerlik görülmemiştir. Diğer bir ifadeyle çok farklı bölgelerden temin edilen popülasyonların birbirlerine benzerliği aynı bölgede bulunanlardan fazla olabildiği görülmüştür.

Moleküler analizlerde 35 yerel cin mısır popülasyonu 20 adet SSR primeri ile karakterize edilmek için her popülasyondan rastgele 5 adet bitki seçilmiş ve her biri ayrı bir

genotip olarak analiz edilmiştir. Bu analiz sonucunda 175 yerel cin mısır genotipinde toplam 66 adet bant elde edilmiş, bu bantlardan 65 adetinin polimorfizm gösterdiği ve polimorfizm oranının % 98.5 olduğu kaydedilmiştir. Kullanılan 20 SSR primerinde 19 adeti polimorfik olurken geriye kalan 1 SSR primeri (phi084) ise monomorfik özellik gösterdiği belirlenmiştir.

Primerlere göre popülasyon genelinde elde edilen alleller 1-5 arasında değişiklik göstermiş ve bunlardan phi084 primeri 1 allel ile en az, phi064 ve umc2292 primerleri ile 5 allel ile en fazla alleli oluşturmuştur. Tüm primerler bakımından üretilen allel büyüklüklerinin 40-240 bp arasında değişiklik gösterdiği tespit edilmiştir.

Çalışmamızda kullanılan primerlere ait PIC değerlerinin ise 0.00 ile 0.89 arasında değiştiği ve ortalama PIC değerinin 0.57 olduğu belirlenmiştir. En düşük PIC değerinin (0.00) phi084 kodlu markörden elde edilerek tüm genotiplerde sadece tek bir allel oluşturduğu, en yüksek PIC değerinin (0.089) 5 allele sahip olan umc2292 ve phi064 kodlu markörler olduğu görülmüştür.

Araştırmada incelenen polimorfik lokus sayısı ve buna bağlı olarak polimorfik lokus yüzdesi, her bir popülasyondan alınan 5'er bitki örneğine üzerine, tüm primerlerin uygulanması sonucunda oluşan toplam allel sayısına göre hesaplanmış, genotiplere ait polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi sırasıyla 29-47 adet ve % 43.94-71.21 arasında, ortalama 39.114 adet ve % 59.265 olarak belirlenmiştir. En yüksek polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi 13 nolu genotipten, en düşük polimorfik lokus sayısı ve yüzdesi 21 nolu genotipten elde edilmiştir.

Tüm lokuslara ait genetik varyasyon istatistiğinde Nei 1978 yöntemi kullanılarak gözlenen allel sayısı ve etkili allel sayısı hesaplanmış, Nei (1973)'ye göre de genetik çeşitlilik ve Shannon bilgi indeksi belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlara göre; genotipler üzerinde 20 SSR primerinin oluşturduğu 66 lokusta gözlenen allel sayısı (na) 1 ile 2 arasında değişmiş ve ortalama gözlenen allel sayısı 1.99 olarak tespit edilmiştir. Gözlenen allel sayısı bakımından en düşük değer phi084 kodlu primerden elde edilmiş olup diğer tüm primerlere ait gözlenen allel sayısının 2 olduğu gözlenmiştir.

Etkili allel sayısının (ne) lokuslar arasında 1.00-1.99 arasında değişmekle birlikte ortalama olarak 1.65 olduğu belirlenmiştir. En düşük etkili allel sayısının phi084'ten en yüksek etkili allel sayısının ise phi015-3 lokusundan elde edilmiştir. Nei (1973)'e göre yapılan gen çeşitliliği analizinde ise elde edilen değerlerin 0.0-0.5 arasında değiştiği ve



ortalama gen çeşitliliğinin 0.36 olduğu gözlenmiştir. Shannon bilgi indeksine göre lokuslar arası farklılığın 0.00-0.69 arasında değiştiği, ortalama değerin 0.53 olduğu kaydedilmiştir.

Moleküler analizlerde okumalar bantların bulunması (1) ve bulunmaması (0) durumuna göre yapılarak gen frekansları belirlenmiştir. Buna göre  $f_0$  değerleri 0 ile 0.98 arasında değişmiş ve ortalama  $f_0$  değeri 0.58 olmuştur. Diğer taraftan  $f_1$  0.02 ile 1.00 arasında değiştiği, ortalama  $f_1$  değerinin 0.42 olduğu tespit edilmiştir.

Çalışmada kullanmış olduğumuz 20 SSR primeri toplam 65 polimorfik bant (% 98.48) üretmiştir. Allellerin polimorfizm sınırı % 95 olarak kabul edilmekte, allel frekansının % 95 ve üzeri olması durumunda allellerin monomorfik olduğu, allel frekansının % 95' in altında olduğu durumlarda polimorfik olduğu kabul edilmektedir. Buna göre phi017-4 ( $f_0 = 0.97$ ), phi034-1 ( $f_0=0.98$ ), umc2292-1 ( $f_0=0.97$ ), umc2292-2 ( $f_0=0.97$ ) ve umc2050-4 ( $f_0=0.98$ ) lokuslarında allel frekansı % 95' in üzerinde olduğundan monomorfik olarak değerlendirilmiştir.

Polimorfik alleller kendi içerisinde değerlendirildiğinde, en yüksek allel frekansı phi064-5 lokusunda  $f_0=0.93$  olarak gözlenirken, en düşük alleller frekansı phi084 lokusunda  $f_0=0.00$  olarak gözlenmiştir. Diğer taraftan allel (1) için lokus frekanslarına bakıldığında en yüksek allel frekansının phi084 lokusunda  $f_1=1.00$  ve en düşük allel frekansının phi064-5 lokusunda  $f_1=0.07$  olarak tespit edilmiştir.

Toplam genetik çeşitlilik bakımından lokuslar değerlendirildiğinde, elde edilen sonuçların 0.1277 ile 0.4992 arasında değişiklik gösterdiği, ortalama olarak 0.3606 olduğu tespit edilmiştir. Burada  $H_t$  düzeyi en düşük olan lokusun phi064 kodlu primerin 5. lokusu olurken, en yüksek  $H_t$  düzeyi umc1173 kodlu primerin 3. lokusundan elde edilmiştir.

Lokuslar arasında popülasyon içi genetik çeşitlilik değerlerinin 0.000-0.4206 arasında,  $H_s$  değeri en düşük olan phi084 primerinden,  $H_s$  değeri en yüksek olanın ise umc1255 kodlu primerin 3. allelinden elde edilmiştir.  $G_{st}$  değerlerinin 0.1290-0.6706 arasında değişirken, ortalama 0.3369 olduğu belirlenmiş, en düşük  $G_{st}$  değerinin phi095 lokusunun 1. allelinden, en yüksek  $G_{st}$  değerinin phi017 lokusunun 4. allelinden elde edildiği tespit edilmiştir.  $N_m$  değerlerinin 0.2456-3.3772 arasında değişirken ortalama 0.9840 olduğu kaydedilmiştir. En yüksek  $N_m$  değerinin phi095 lokusunun 1. allelinden, en düşük  $N_m$  değerinin phi017 lokusunun 4. allelinden tespit edilmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarından elde edilen filogenetik ağaçta genetik değişim miktarı 0.05 olarak belirlenmiş ve genotipler arası genetik farklılığın % 14.7-97.1 arasında değiştiği gözlenmiştir. Genotipler arasındaki buna göre en düşük genetik uzaklık değeri % 14.7 ile 8.3-9.3 (Eskişehir-Balıkesir), 18.5-22.5 (Kastamonu-Eskişehir) ve 33.3-34.4 (Ordu/Kovanlı-Muğla) kodlu genotipler arasında gözlenirken, en yüksek genetik uzaklık değeri % 97.1 ile 15.3-26.4 kodlu (Afyon-Tokat) genotipler arasında belirlenmiştir.

Genel olarak genetik uzaklık değerleri incelendiğinde genotipler arasında ki varyasyonun çok yüksek olduğu, aynı popülasyona ait bireyler arasında dahi genetik farklılığın yüksek olduğu gözlenmiştir. Genetik farklılığın popülasyonların Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanması neticesinde farklı genetik yapıya sahip olmalarından kaynaklanmaktadır. Ancak, genotipler arası genetik farklılıklar % 14.7-97.1 arasında değişim gösterirken, popülasyonlara ait morfolojik özellikler bakımından farklılıklar % 2.5-11.1 arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir.

Genotipler arası genetik farklılığın morfolojik özellikler bakımından gözlenen farklılıklardan daha yüksek olması genetik incelemenin genotip düzeyinde olmasıyla incelenen birey sayısının daha fazla olmasından kaynaklandığı gibi ayrıca moleküler düzeyde gözlemlerin daha hassas ve aydınlatıcı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Araştırmada kullanılan genotiplerin morfolojik özellikler arasındaki gözlenen varyasyonun genetik varyasyona göre düşük olması, kullanılan genotiplerin yerel popülasyon olduğu için uyum yeteneğinin yüksek olması, eşit çevre koşullarının uygulanmasından kaynaklanmıştır. Ayrıca mısır bitkisi en fazla morfolojik varyasyonu arzu ettiği iklim koşullarını, gereksinim duyduğu besin elementini ve uygun toprak özelliğini bulamadığı yerde yetiştirildiğinde göstermektedir. Böylelikle de elde edilen farklılıkların moleküler düzeydeki farklılıklara nazar çok daha düşük olduğuna karar verilmiştir.

Morfolojik özellikler bakımından dendogram oluşturulduğunda ise birbirine en yakın olan popülasyonların Balıkesir (3)-Eskişehir (7) ve Eskişehir (22)-Muğla (35) illerinden temin edilen genotipler olmuştur. Birbirinden farklılığı en fazla olan popülasyonların ise Çanakkale (1)-Eskişehir (22; 11) illerinde ekimi yapılan ve oralardan temin edilen genotipler olmuştur. Standart çeşidimiz olan Nermin Cin ile morfolojik olarak benzerliği en fazla olarak belirlenen popülasyonun ise Kayseri'den temin edilmiştir.

Filogenetik analiz sonucu elde edilen ağaç incelendiğinde iki ana gruba ayrıldığı, bu grupların birinde 15 nolu popülasyona ait genotipler yer alırken diğer grupta iki alt gruba

ayrıldığı bu gruplardan birinde 35.2 ve 1.2 nolu genotipler yer alırken diğer grup tekrardan iki alt gruba ayrıldığı ve devamında da her bir grubun başka alt gruplara ayrıldığı gözlenmiştir.

Yerel cin mısır popülasyonlarından oluşturduğumuz 175 genotipi içeren veri seti structure analizi ile 15 gruba ayrılmış, gruplara ait genetik farklılığın % 17-39 arasında değiştiği gözlenmiştir. Elde edilen sonuçlar UPGMA yöntemi kullanılarak genetik mesafeyi gösterir filogenetik ağaçta genetik farklılığın en düşük olduğu grupların 1 ve 12 nolu gruplar olduğu ve aralarındaki genetik farklılığın en yüksek olduğu grupların 3 ve 15 nolu gruplar olduğu belirlenmiştir.

Elde edilen 15 gruba ait filogenetik ağaç incelendiğinde ise 0.05 'lik genetik değişim miktarı ile grupların iki ana kola ayrıldığı ve bu kollardan birinde Grup 15'in tek başına bulunduğu ve diğer tüm grupların ikinci kolda yer aldığı belirlenmiştir. Her bir grupta yer alan genotipler de incelendiğinde, 15. grupta 15 nolu popülasyona ait genotiplerin yer aldığı tespit edilmiştir. İkinci ana kol incelendiğinde iki alt kola ayrıldığı bunlardan birinde 3, 7 ve 8. gruplar yer alırken diğer alt kolunda tekrar 2 kola ayrıldığı belirlenmiştir.

Bunun üzerine 15 nolu popülasyonu, Nermin Cin (29) ve diğer 33 popülasyona ait verilerin ortalamaları ile kıyaslanmıştır. Yaprak açısı, bin tane ağırlığı, patlamayan tane oranı, tanede protein oranı, tanede yağ oranı ve tanede kuru madde miktarı oranı özellikleri bakımından 15 nolu popülasyonuna ait değerlerin Nermin Cin'e ait değerlerden yüksek olduğu belirlenmiştir.

Nermin cin mısır ve 15 nolu popülasyona ait veriler çıkarılarak geriye kalan 33 cin mısır popülasyondan elde edilen verilerin ortalama değerleri 15 nolu popülasyona ait değerlerle kıyaslandığında, 15 nolu popülasyonun tepe püskülü çıkış süresi, koçan püskülü çıkış süresi, yaprak açısı, patlama hacmi, tanede protein oranı, tanede yağ oranı ve tanede kuru madde miktarı oranı özellikleri bakımından diğer 33 popülasyona ait ortalama değerlerden yüksek değerler aldığı, ancak bitki boyu, ilk koçan yüksekliği, bitki başına koçan sayısı, koçan kalınlığı, koçanda tane ağırlığı ve koçanda tane oranı bakımından 33 popülasyona ait değerlerden düşük değerlere sahip olduğu belirlenmiştir.

Genel itibari ile incelediğimizde yerel popülasyonların gruplara dağılım ağırlıklı olarak birbirine yakın illere göre olmakla birlikte aynı grup için de Türkiye'nin çok farklı, bölgelerinden farklı ekolojik koşullarından temin edilen genotipler de yer aldığı görülmüştür. Buna neden olarak gıda olarak zevkle tüketilen böylelikle çiftçilerin kendi bahçelerinde küçük ölçekli bile olsa ekimi yapılan dolaşım serbestliğine sahip bir ürün olmasından dolayı tek bir

çeşidin ülkenin dört bir yanına yayılmış olabileceği ve böylelikle tüm genotiplerin birbirleri ile bağlantılı çıkması muhtemel görünmektedir. Başka bir ifadeyle, genotiplere ait genetik çeşitliliğin oldukça yüksek olmasının nedenleri sırasıyla, kullanılan genotiplerin açık tozlanan materyal, farklı yerlerde yetiştirilen, adaptasyon yeteneğinin yüksek, bir taneden yüzlerce tohum alınabilmesinden kaynaklanmış olabileceği sonucuna varılmıştır.

Yerel cin mısır popülasyonlarının genetik çeşitlilik bakımından hibrit emsallerine nazaran daha zengin olduğu bilinmekle birlikte, ıslah çalışmalarında farklı gruplarda yer alan ve yüksek açılım gösteren genotiplerin kullanılmasının, daha sağlıklı ve etkili sonuçlar elde etmede yararlı olacağı bilinmektedir.

Ülkemizde dış kaynaklı ticari hibrit mısır çeşitleri yaygınlaşmaktadır. Yapmış olduğumuz çalışma ile dış kaynaklı hibrit çeşit yerine, yerel popülasyonların ülkede gelişme ve yayılmasına yön verilmiş olacaktır. Ayrıca, yerel popülasyonların bölgede yaygınlaşmasına fırsat vererek, hibrit tohuma ödenen yüksek fiyat yerine, daha ucuz ve kolay tohumluk teminine imkân sağlanacak ve kısmen de olsa organik tarıma fırsat verilmiş olunacaktır. Türkiye için ilk kez yapılan bu çalışma ile genetik çeşitliliğin ortaya konması ve mısır genom haritalarının çıkarılması sağlanmış olacaktır. Ayrıca yerel melez tohumluk üretiminde de yön verecektir.

## 6. KAYNAKLAR

- Abd El-Azeem, R.M., Hashem, M.H., Abd-El-Haleem, S.H. M. 2015. Detection of Genetic Variability in *Zea mays* Inbred Lines Using SSRs and SRAP Markers. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, vol. 44, no. 2, p. 291-307.
- Abdellatif, K.F., Khidr, Y.A. 2010. Genetic Diversity of New Maize Hhybrids Based on SSR Markers as Compared with Other Molecular and Biochemical Markers. Journal of Crop Science and Biotechnology, 13(3): 139-145.
- Aci, M.M., Revilla, P., Morsli, A., Djemel, A., Belalia, N., Kadri, Y., Khelifi-Saloui, M., Ordás, B., Khelifi, L. 2013. Genetic Diversity in Algerian Maize (*Zea mays* L.) Landraces Using SSR Markers. Maydica, 58; 304-310.
- Adam, A.E.A.M., Hamid, S.S.A.M. 2014. Effect of Diammonium Phosphate Fertilization on Growth and Yield of Irrigated Forage Maize (*Zea mays* L.). Sudan University of Science and Technology, Doctoral dissertation.
- Adekayode, F.O., Olojugba, M.R. 2009. The Utilization of Wood Ash as Manure for Improved Performance of Maize (*Zea mays* L.) as Measured in the Chlorophyll Content and Grain Yield. American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture, 3(4), 737-742.
- Adeleye, E.O., Ayeni, L.S. 2010. Effect of Cocoa Pod Ash and Poultry Manure Combinations on Soil and Plant Nutrient Contents and Performance of Maize–Screenhouse Experiment. Researcher, 2(12), 51-56.
- Adetimirin, V.O., Vroh-Bi, I., Menkir, A., Mitchell, S. E., Kresovich, S. 2008. Diversity Analysis of Elite Maize Inbred Lines Adapted to West and Central Africa Using SSR Markers. Maydica, 53, 143.
- Adeyemo, O., Omidiji, O. 2014. SSR-based and Carotenoid Diversity Assessment of Tropical Yellow Endosperm Maize Inbred Lines. Plant Genetic Resources, 12(1), 67-73.
- Afonso, A.V. 2013. Genetic Diversity of Local Maize (*Zea mays* L.) Germplasm from Eight Agro-Ecological Zones in Mozambique. Swedish University of Agricultural Sciences Faculty of Landscape Planning, Horticulture and Agricultural Sciences Department of Plant Breeding. Master thesis in Biology.
- Agrama, H.A., Tuinstra, M.R. 2003. Phylogenetic Diversity and Relationships Among Sorghum Accessions Using SSRs and RAPDs. African J Biotechnol, 2: 334-340.
- Aguiar, C.G., Schuster, I., Amaral, A.T., Scapim, C.A. 2008. Heterotic Groups in Tropical Maize Germplasm by Test Crosses and Simple Sequence Repeat Markers. Genet. Mol. Res. 7: 1233-1244.
- Akbay, S. 2012. Tokat Ekolojik Koşullarında İkinci Ürün Olarak Yetiştirilebilecek Bazı Silajlık Mısır Çeşitlerinin Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek lisans Tezi, Tokat.
- Akçalı, C.T., Şahin, C.B. 2016. Farklı Miktardaki Bitkisel Yağ Çeşitlerinin Çin Mısırının (*Zea mays* everta Sturt.) Patlama Kalitesine Etkileri. Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 33 (3), 97-104.

- Akdeniz, H., Yılmaz, İ., Andiç, N., Zorer, Ş. 2004. Bazı Mısır Çeşitlerinde Verim ve Yem Değerleri Üzerine Bir Araştırma. Yüzüncü Yıl Üniversitesi. Ziraat Fakültesi Tarım Bilimleri Dergisi, 14 (1):47-51.
- Alexandrov, N.N., Brover, V.V., Freidin, S., Troukhan, M.E., Tatarinova, T.V., Zhang, H., Swaller, T.J., Lu, Y.P., Bouck, J., Flavell, R.B., Feldmann, K.A. 2009. Insights into Corn Genes Derived from Large-Scale cDNA Sequencing. *Plant Molecular Biology*, 69(1-2), 179.
- Alıcı, S. 2005. Kahramanmaraş Şartlarında Farklı Azot Dozları ile Sıra Üzeri Ekim Mesafelerinin II. Ürün Mısır (*Zea mays* L.) Bitkisinde Verim, Verim Unsurları ve Bazı Tarımsal Karakterlere Etkisi Üzerine Bir Araştırma. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Adana.
- Ali, G.S., Valentin, I.V., Benny, T. 2010. Allocation of Quality Control Stations in Multi Stage Manufacturing Systems. *Computers & Industrial Engineering*, 60: 473-484.
- Aliu, S., Rusinovci, I., Fetahu, S., Simeonovska, E. 2012. Genetic Diversity and Correlation Estimates for Grain Yield and Quality Traits in Kosovo Local Maize (*Zea mays* L.) Populations. *Acta agricultural Slovenica*, 99(2), 121.
- Allen, J.R., McKee, G.W., McGahen, J.H. 1973. Leaf Number and Maturity in Hybrid Corn. *Agronomy Journal*, 65. 233-235.
- Allred-Coyle, T.A., Toma, R.B., Reiboldt, W., Thakur, M. 2000. Effects of Moisture Content, Hybrid Variety, Kernel Size, and Microwave Wattage on the Expansion Volume of Microwave Popcorn. *International Journal of Food Sciences and Nutrition*, 51: 389-394.
- Allred-Coyle, T.A., Toma, R.B., Reiboldt, W., Thakur, M. 2001. Effects of Bag Capacity, Storage Time and Temperature, and Salt on the Expansion Volume of Microwave Popcorn. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, Vol. 81, No. 1, 121-5.
- Amorim, E.P., Dos Santos, J.B., Pereira De Souza, A., De Souza, J.C. 2006. Genetic Distance Based on SSR and Grain Yield of Inter and Intrapopulation Maize Single Cross Hybrids. *Maydica* 51: 507-513.
- Anonim, 2017. GrainGenes, A Database for Triticeae and Avena. [wheat.pw.usda.gov](http://wheat.pw.usda.gov).
- Aslam, M., Zamir, M.S.I., Anjum, S.A., Khan, I., Tanveer, M. 2014. An Investigation into Morphological and Physiological Approaches to Screen Maize (*Zea mays* L.) Hybrids for Drought Tolerance. *Cereal Research Communications*, 43(1), 41-51.
- Atanda, A.S., Olaoye, G. 2017. Multiplex-Ready PCR Assay of SSR Marker Diversity Among Quality Protein Maize Inbred Parental Lines. *South African Journal of Plant and Soil*, 34(2), 149-154.
- Aydın Y. 2011. Tokat Kazova Koşullarında Bazı Atıdışı Melez Mısır (*Zea mays indentata* L.) Çeşitlerinin Verim ve Verim Unsurlarının Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, s. 34.

- Aydoğan, V. 2010. Ordu İlinde Yetiştirilen Bazı Yerel ve Melez Mısır Çeşitlerinin Silaj Kalitelerinin Belirlenmesi. Ordu Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ordu.
- Ayrancı, R., Sade, B. 2004. Konya Ekolojik Şartlarında Yetiştirilebilecek Atıdışı Melez Mısır (*Zea mays indentata* Sturt.) Çeşitlerinin Belirlenmesi. Bitkisel Araştırma Dergisi, Konya, 2: 6-14.
- Babaoğlu, M. 2003. Farklı Kökenli Mısır (*Zea mays* L.) Genotiplerinin Çeşitli Agronomik ve Kalite Karakterleri Bakımından Karşılaştırmalı Olarak Değerlendirilmesi. Trakya Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri AnaBilim Dalı, Doktora Tezi, Edirne.
- Bacchetti, T., Masciangelo, S., Micheletti, A., Ferretti, G. 2013. Carotenoids, Phenolic Compounds and Antioxidant Capacity of Five Local Italian Corn (*Zea mays* L.) Kernels. Journal of Nutrition & Food Sciences, 3(6), 1.
- Bağcı, F. 2013. Katı Heterojen Katalizör Sisteminde Transesterleşme Tepkimesinin İncelenmesi. Gazi Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Balazova, Z., Vivodík, M., Gálová, Z. 2016. Evaluation of Molecular Diversity of Central European Maize Cultivars. Emirates Journal of Food and Agriculture, 28(2), 93.
- Balazova, Z., Vivodík, M., Gálová, Z. 2016. Evaluation of Molecular Diversity of Central European Maize Cultivars. Emirates Journal of Food and Agriculture, 28(2), 93.
- Balmuk, Y. 2012. Konya Yunak Koşullarında İkinci Ürün Olarak Yetiştirilebilecek Silajlık Mısır Çeşitlerinin Verim ve Verim Özelliklerinin Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek lisans Tezi, Tokat.
- Barraud, N., Hassett, D.J., Hwang, S.H., Rice, S.A., Kjelleberg, S., Webb, J.S. 2006. Involvement of Nitric Oxide in Biofilm Dispersal of *Pseudomonas aeruginosa*. Journal of Bacteriology, 188, 7344–7353. doi: 10.1128/JB.00779-06.
- Bered, F., Terra, T.F., Spellmeier, M., Barbosa Neto, J.F. 2005. Genetic Variation Among and within Sweet Corn Populations Detected by RAPD and SSR Markers. Crop Breeding Applied Biotechnology, 5: 418-425.
- Berg, E.E., Hamrick, J.L. 1997. Quantification of Genetic Diversity at Allozyme Loci. Canadian Journal of Forest Research, 27(3), 415-424.
- Beyene, Y. 2005. Genetic Analysis of Traditional Ethiopian Highland Maize (*Zea mays* L.) Using Molecular Markers Morphological Traits: Implication for Breeding and Conservation. Philosophiae of Doctorate thesis. Forestry and Agricultural Biotechnology Institute (FABI), Department of Genetics, University of Pretoria.
- Beyene, Y., Botha, A. M., Myburg, A.A. 2006. Genetic Diversity Among Traditional Ethiopian Highland Maize Accessions Assessed by Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. Genetic resources and crop evolution, 53(8), 1579-1588.
- Beyene, Y., Botha, A.M., Myburg, A.A. 2006. Genetic Diversity Among Traditional Ethiopian Highland Maize Accessions Assessed by Simple Sequence Repeat (SSR) Markers Genetic Resources and Crop Evolution (2006) 53:1579–1588 Springer.

- Bhat, R.A., Wani, A., Beigh, M.A.H., Dawson, J. 2008. Integrated Nitrogen Management on the Growth and Yield of Maize (*Zea mays* L.) Under Conditions of Uttar Pradesh. The Asian Journal of Horticulture, 3(2), 229-231.
- Binetti, A.G., Del Río, B., Martín, M.C., Alvarez, M.A. 2005. Detection and Characterization of *Streptococcus thermophilus* Bacteriophages by Use of the Antireceptor Gene Sequence. Applied and Environmental Microbiology, 71(10), 6096-6103.
- Bitocchi, E., Nanni, L., Rossi, M., Rau, D., Bellucci, E., Giardini, A., Buonamici, A., Vendramin, G.G., Papa, R. 2009. Introgression from Modern Hybrid Varieties into Landrace Populations of Maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.) in Central Italy. Molecular Ecology, 18(4), 603-621.
- Bolat, A., Sarihan, H., Karağaç, H.A., Cerit, İ. 2011. Çukurova' da Kimyasal ve Mikrobiyal Gübre Uygulamalarının Silajlık Mısır Bitkisinde Verim ve Bazı Agronomik Özelliklere Etkisinin Belirlenmesi. Türkiye IX. Tarla Bitkileri Kongresi s. 469-472. 12-15 Eylül 2011, Bursa.
- Bozdağ, M. 2015. Bazı Atdışı Hibrit Mısır (*Zea mays indentata* L.) Çeşitlerinin Tokat Zile Koşullarında Performanslarının Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans.
- Bracco, M., Lia, V.V., Gottlieb, A.M., Hernández, J.C., Poggio, L. 2009. Genetic Diversity in Maize Landraces from Indigenous Settlements of Northeastern Argentina. Genetica, 135(1), 39-49.
- Brady, N.C., Weil, R.R. 1999. The Nature and Properties of Soils. Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey.
- Bruns, H.A., Abbas, H.K. 2003. Effects of Plant Populations on Maize Hybrids in the Sub-Tropical Mid South USA. Maydica, 48(1), 21-28.
- Budak, B., Soya, H. 2003. İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Farklı Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin Hasıl Verimleri Üzerinde Bir Araştırma. Türkiye 5. Tarla Bitkileri Kongresi, 13-17 Ekim 2003, Diyarbakır, Cilt (I):529-539.
- Budak, B., Hikmet, S.O.Y.A., Avcıoğlu, R. 2013. İzmir İli Farklı Lokasyon Koşullarında Kimi Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin II. Ürün Olarak Tane Verimi ve Bazı Verim Özellikleri Üzerinde Bir Araştırma. Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi, 23(1).
- Budak, H., Shearman, R.C., Parmaksız, I., Dweikat, I. 2004. Comparative Analysis of Seeded and Vegetative Biotype Buffalo Grasses Based on Phylogenetic Relation Ship Using ISSRs, SSRs, RAPDs, and SRAPs. Theoretical and Applied Genetics, 109: 280–288.
- Bulut, S., Çağlar, Ö., Öztürk, A. 2008. Bazı Mısır Çeşitlerinin Erzurum Ovası Koşullarında Silaj Amaçlı Yetiştirilme Olanakları. Atatürk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 39 (1): 83-91.
- Camus-Kulandaivelu, L., Veyrieras, J. B., Madur, D., Combes, V., Fourmann, M., Barraud, S., Dubreuil, P., Gouesnard, B., Manicacci, D., Charcosset, A. 2006. Maize



Adaptation to Temperate Climate: Relationship Between Population Structure and Polymorphism in the Dwarf8 Gene. *Genetics*, 172(4), 2449-2463.

- Carvalho, V.P., Ruas, C.F., Ferreira, J.M. Moreira, R.M.P., Ruas, P.M. 2004. Genetic Diversity Among Maize (*Zea mays* L.) Landraces Assessed by RAPD Markers. *Genetics and Molecular Biology*, 27, 2, 228-236.
- Cengiz R., 2006. Mısır Hatları Arasındaki 8×8 Yarım Diallel Melez Döllerinde Verim ve Verim Unsurlarının Kalıtları Üzerine Araştırmalar. Trakya Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Bölümü, Edirne, Yüksek Lisans Tezi, 160s.
- Cengiz, R., Cengiz, B., Esmeray, M., Sezer, M.C., Akarken, N., Özbey, A.E., Duman, A. 2014. Tanede Protein ve Yağ Kalite Değerlerine Göre Sentetik Mısır Kaynak Materyalleri Geliştirme. Uluslararası Mezopotamya Tarım Kongresi, 22- 25 Eylül 2014, Diyarbakır/Türkiye, 962s.
- Cerit, İ., Bolat A., Uçak, A.B., Türkay, M., Sarıhan, H. 2011. Bazı At Dışı Mısır (*Zea mays* indentata Sturt) Çeşitlerinde Tane Verimi ve Bazı Tarımsal Özelliklerin Saptanması. 9. Tarla Bitkileri Kongresi, Uludağ Üniversitesi, 12-15 Eylül, Bursa.
- Ceylan, M., Karababa, E. 2001. Comparison of Sensory Properties of Popcorn from Various Types and Sizes of Kernel. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 82:127–133.
- Ceylan, M., Karababa, E. 2004. The Effects of Ingredients on Popcorn Popping Characteristics. *International Journal of Food Science & Technology*, 39(4), 361-370.
- Chardon, F., Virlon, B., Moreau, L., Falque, M., Joets, J., Decousset, L., Murigneux, A., Charcosset, A. 2004. Genetic Architecture of Flowering Time in Maize as Inferred from Quantitative Trait Loci Meta-Analysis and Synteny Conservation with the Rice Genome. *Genetics*, 168(4), 2169-2185.
- Chase, S.S., Nanda, D.K. 1967. Number of Leaves and Maturity Classification in *Zea mays* L. *Crop Science*, 7(5), 431-432.
- Chaudhary, S. 2016. SSR Marker Based Identification of Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. Chaudhary Charan Singh Haryana Agricultural University, PhD Thesis.
- Chen, J., Zeng, B., Zhang, M., Xie, S., Wang, G., Hauck, A., Lai, J. 2014. Dynamic Transcriptome Landscape of Maize Embryo and Endosperm Development. *Plant physiology*, 166(1), 252-264.
- Cholastova, T., Soldanova, M., Pokorny, R. 2011. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) and Simple Sequence Repeat (SSR) Marker Efficacy for Maize Hybrid Identification. *African Journal of Biotechnology*, 10(24), 4794-4801.
- Choudhary, M., Hossain, F., Muthusamy, V., Thirunavukkarasu, N., Saha, S., Pandey, N., Jha, S.K., Gupta, H.S. 2016. Microsatellite Marker-Based Genetic Diversity Analyses of Novel Maize Inbreds Possessing Rare Allele of  $\beta$ -Carotene Hydroxylase (crtRB1) for Their Utilization in  $\beta$ -Carotene Enrichment. *Journal of plant biochemistry and biotechnology*, 25(1), 12-20.

- Clerck, O., Gavio, B., Fredericq, S., Bárbara, I., Coppejans, E. 2005. Systematics of *Grateloupia Filicina* (Halymeniaceae, Rhodophyta), Based on rbch sequence Analyses and Morphological Evidence, Including the Reinstatement of *G. minima* and the Description of *G. capensis* spec. nov. *J. Phycol.* 41, 391-410.
- Coe, E., Cone, K., McMullen, M., Chen, S.S., Davis, G., Gardiner, J., Liscum, E., Polacco, M., Paterson, A., Sanchez-Villeda, H., Soderlund, C., Wing, R. 2002 Access to The Maize Genome: an Integrated Physical and Genetic Map. *Plant Physiology*, 128: 9-12.
- Coşkun, Y., Coşkun, A., Koşar, İ. 2013. Bazı Atdışı Mısır Çeşitlerinin Yarı Kurak İklim Koşullarında Verim Performansları. Ulusal KOP Bölgesel Kalkınma Sempozyumu, 14-16 Kasım, Niğde, Türkiye, s: 1-4.
- Cömertpay, G. 2008. Yerel Mısır Populasyonlarının Morfolojik ve DNA Moleküler İşaretleyicilerinden SSR Tekniği ile Karakterizasyonu. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Doktora Tezi, Adana.
- Crafts-Brandner, S.J., Salvucci, M.E. 2002. Sensitivity of Photosynthesis in a C4 Plant, Maize, to Heat Stress. *Plant Physiology*, 129: 1773-1780.
- Çakar, Ş. 2015. Bazı Atdışı Hibrit Mısır (*Zea mays indentata* L.) Çeşitlerinin Tokat Kazova Koşullarında Performanslarının Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Tokat.
- Çetinkaya, N., Dura, S. 2010. Mısır Vejetatif Gelişimi ve Verimi Üzerinde Bir Endomikorizal Preparatın Etkileri. *Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 47:53-59.
- Dandolini, T.S., Scapim, C.A., Amaral Júnior, A.T., Mangolin, C.A., 2008. Genetic Divergence in Popcorn Lines Detected by Microsatellite Markers. *Crop Breeding Applied Biotechnology*, 8: 313-320.
- Davis, G.L., McMullen, M.D., Baysdorfer, C., Musket, T., Grant, D., Staebell, M., Xu, G., Polacco, M., Koster, L., Melia-Hancock, S., Houchins, K., Chao, S., Coe, E.H. 1999. A Maize Map Standard with Sequenced Core Markers, Grass Genome Reference Points and 932 Expressed Sequence Tagged Sites (ESTs) in a 1736-Locus Map. *Genetics*, 152, 1137- 1172.
- De Galarreta, J.R., Alvarez, A. 2001. Morphological Classification of Maize Landraces from Northern Spain. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48(4), 391-400.
- Değirmenci, R. 2000. Ana Ürün Olarak Yetiştirilen Farklı Mısır Çeşitlerinin Hasıl ve Tane Verimleri Üzerinde Araştırmalar. E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi.
- Deji, A., Sakakibara, H., Okumura, S., Matsuda, T., Ishida, Y., Yamada, S., Komari, T., Kubo, T., Yamaya, T., Sugiyama, T. 2002. Accumulation of Maize Response Regulator Proteins in Mesophyll Cells After Cytokinin Treatment. *Bioscience, Biotechnology and Biochemistry*, 66(9), 1853-1858.
- Demeke, T., Sasikumar, B., Hucl, P., Chibbar, R.N. 1997. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) in Cereal Improvement. *Maydica* 42: 133-142.

- Demiray, Y.G. 2013. Bingöl İli Ekolojik Şartlarına Uygun Tane Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin Belirlenmesi. Bingöl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Bingöl.
- Dolijanović, Ž., Simić, M., Oljača, S., Kovačević, D., Dragičević, V., Jovović, Z., Moravčević, Đ. 2016. The Effects of Different Cover Crops on Weed Infestation in Popcorn (*Zea mays* L. ssp. *everta* Sturt). VII International Scientific Agriculture Symposium," Agrosym 2016", 6-9 October 2016, Jahorina, Bosnia and Herzegovina.
- Doyle, J.J., Doyle, J.L. 1987. A Rapid DNA Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, v.19, p.11-15.
- Dumanski, J., Pieri, C. 2000. Land Quality Indicators: Research Plan. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 81(2), 93-102.
- Dumral-Çağlayan, H.N. 2015. Farklı Çinko Dozlarının Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinde Verim ve Tane Kalitesi Üzerine Etkisi. Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Aydın.
- Echarte, L., Andrade, F.H., Vega, C.R.C., Tollenaar, M. 2004. Kernel Number Determination in Argentinean Maize Hybrids Released between 1965 and 1993. *Crop Sci.* 44:1654-1661.
- Efendi, R., Sunarti, S., Musa, Y., Bdr, M.F., Rahim, M.D., Azrai, M. 2015. Selection of Homozygosity and Genetic Diversity of Maize Inbred Using Simple Sequence Repeats (SSRs) Marker. *International Journal of Current Research in Biosciences and Plant Biology*, ISSN: 2349-8080 Volume 2 Number 3, pp. 19-28.
- Ekin, G. 2004. Çukurova'da İkinci Ürün Koşullarında Bazı Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinde Verim ve Verim Unsurlarının Saptanması Üzerine Bir Araştırma. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Adana, 58s.
- Elçi, E., Hançer, T. 2015. Genetic Analysis of Maize (*Zea mays* L.) Hybrids Using Microsatellite Markers. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 21(2), 192-198.
- Eloi, I.B.O., Mangolin, C.A., Scapim, C.A., Gonçalves, C.S., Machado, M.F.P.S. 2012. Selection of High Heterozygosity Popcorn Varieties in Brazil Based on SSR Markers. *Genetics and Molecular Research*, 11, 1851-60.
- Enoki, H., Miki, K., Koinuma, K. 2005. Selection of SSR Sets in Assignment to Dent and Flint Groups of Maize Inbred Lines Derived from European Hybrids. *Breeding Science* 55 : 135–140.
- Erayman, M., Sandhu, D., Sidhu, D., Dilbirliği, M., Gill, K.S. 2004. Demarcating the Gene-rich Regions of the Wheat Genome. *Nucleic Acids Research*, 32: 3546-3565.
- Erdal, Ş., Pamukçu, M., Ekiz, H., Soysal, M., Savur, O., Toros, A. 2009. Bazı Silajlık Mısır Çeşit Adaylarının Silajlık Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22(1):75–81.
- Ergül, Y. 2008. Silajlık Mısır Çeşitlerinin Önemli Tarımsalve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Konya.

- Ertaş, N., Soylu, S., Bilgiçli, N. 2008 Mısırın Fiziksel Özellikleri ile Patlama Kalitesi Arasındaki İlişkilerin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Türkiye 10. Gıda Kongresi, 21-23 Mayıs, Erzurum, 467-470.
- Eserkaya Güleç, T., Yıldırım, A., Sönmezoğlu, A.Ö. 2010. Bitkilerde Markör Destekli Seleksiyon. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi 3(2): 67-79.
- Eschholz, T. W., Stamp, P., Peter, R., Leipner, J., Hund, A. 2010. Genetic Structure and History of Swiss Maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) Landraces. Genetic Resources and Crop Evolution, 57(1), 71-84.
- Eşiyok, D., Bozokalfa, M.K., Uğur, A. 2004. Farklı Lokasyonlarda Yetiştirilen (*Zea mays* L. var. *saccharata*) Çeşitlerinin Verim Kalite ve Teknolojik Özelliklerinin Belirlenmesi. Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 41(1): 1-9,2004.
- FAO. 1992. Food and Agriculture Organization of the United Nations.<http://www.fao.org>.
- FAO. 2017. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <http://www.fao.org/faostat/en/#home>.
- Farooqi, M.Q.U., Sa, K.J., Hong, T.K., Lee, J.K. 2016. Bulk Segregant Analysis (BSA) for Improving Cold Stress Resistance in Maize Using SSR Markers. Genetics and Molecular Research: GMR, 15(4).
- Farsiani, A., Ghobadi, M.E., Jalali-Honarm, S. 2011. The Effect of Water Deficit and Sowing Date on Yield Components and Seed Sugar Contents of Sweet Corn (*Zea mays* L.). African Journal of Agricultural Research, 6(26), 5769-5774.
- Forde, A., Daly, C., Fitzgerald, G.F. 1999. Identification of Four Phage Resistance Plasmids from *Lactococcus lactis* subsp. *Cremoris* HO<sub>2</sub>. Applied and Environmental Microbiology, 65(4), 1540-1547.
- Frankel, J.A. 1997. Regional Trading Blocs in the World Trading System. Washington, DC: Institute of International Economics.
- Frascaroli E., Schrag T.A., Melchinger A.E. 2013. Genetic Diversity Analysis of Elite European Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines Using AFLP, SSR, and SNP Markers Reveals Ascertainment Bias for a Subset of SNPs. Theoretical and Applied Genetics, 126, 133–141. 10.1007/s00122-012-1968-6.
- Frascaroli, E., Canè, M.A., Landi, P., Pea, G., Gianfranceschi, L., Villa, M., Morgante, M., Pè, M.E. 2007. Classical Genetic and Quantitative Trait Loci Analyses of Heterosis in a Maize Hybrid Between Two Elite Inbred Lines. Genetics, 176(1), 625-644.
- Gallarreta, J.R., Alvarez, A. 2001. Morphological Classification of Maize Landraces from Northern Spain. Genetic Resources and Crop Evolution, 48(4), 391-400.
- Galvão, K. S., Ramos, H. C., Santos, P. H., Entringer, G. C., Vettorazzi, J. C., Pereira, M.G. 2015. Functional Molecular Markers (EST-SSR) in the Full-Sib Reciprocal Recurrent Selection Program of Maize (*Zea mays* L.). Genetic Molecular Research, 14(3), 7344-55.

- Garcia, A.A.F., Benchimol, L.L., Barbosa, A.M.M., Geraldi, I.O. 2004. Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and SSR Markers for Diversity Studies in Tropical Maize Inbred Lines. *Genet. Mol. Biol.* 27: 579-588.
- Gardiner, D.M., Cozijnsen, A.J., Wilson, L.M., Pedras, M.S.C., Howlett, B.J. 2004. The Sirodesmin Biosynthetic Gene Cluster of the Plant Pathogenic Fungus *Leptosphaeria Maculans*. *Molecular Microbiology*, 53, 1307–1318.
- Gardiner, J., Schroeder, S., Polacco, M.L., Sanchez-Villeda, H., Fang, Z., Morgante, M., Landewe, T., Fengler, K., Useche, F., Hanafey, M., Tingey, S., Chou, H., Wing, R., Soderlund, C., Coe, E.H. 2004. Anchoring 9,371 Maize Expressed Sequence Tagged Unigenes to the Bacterial Artificial Chromosome Contig Map by Two-Dimensional Overgo Hybridization. *Plant Physiology*, 134(4), 1317-1326.
- Gazal, A. 2016. Studies on Drought Tolerance in Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines Using Morphological and Molecular Approaches. PhD Thesis. SKUAST Kashmir.
- Geren, H. 2000. Ana ve İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Silajlık Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinde Ekim Zamanlarının Hasıl Verimleri ile Silaja İlişkin Tarımsal Özelliklere Etkisi Üzerinde Araştırmalar. E.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.
- Gökçel, F.2008. Çukurova Koşullarında Yarı Islatmalı (PRD) ve Kısıntılı Damla Sulama Programlarının II. Ürün Mısır Verimi ve Su Kullanma Randımanına Etkileri. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Tarımsal Yapılar ve Sulama Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Adana.
- Gökmen, S., Sencar, Ö., Sakin, M.A. 2001. Response of Popcorn (*Zea mays* everta) to Nitrogen Rates and Plant Densities. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 25:15-23.
- Gökmen, V., Açar, Ö.Ç., Köksel, H., Acar, J. 2007. Effects of Dough Formula and Baking Conditions on Acrylamide and Hydroxymethylfurfural Formation in Cookies. *Food Chemistry* [Online], 104(3): 1136– 1142. Available at: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0308814607000829>. [2016-04-24].
- Gökmen, V., Serpen, A., Fogliano, V. 2009. Direct Measurement of the Total Antioxidant Capacity of Foods: The “QUENCHER” Approach. *Trends Food Sci. Technol.* 20:278-288. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2009.03.010>.
- Gönülal, E. 2013. Dane Mısırdaki Farklı Fenolojik Dönemlerdeki Kısıtlı Su Uygulamalarının Verim ve Verim Öğelerine Etkilerinin Belirlenmesi. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Konya.
- Gözübenli, H., Ülger, A.C., Kılınç, M., Şener, O., Karadavut, U.1997. Hatay Koşullarında II. Ürün Tarımına Uygun Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi. Türkiye II. Tarla Bitkileri Kongresi, 22-25 Eylül s.153-156 Samsun.
- Gözübenli, H., Ülger, A.C., Kılınç, M. Şener, O., Karadavut, U. 2007. Hatay Koşullarında İkinci Ürün Tarımına Uygun Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi. Türkiye II. Tarla Bitkileri Kongresi, 22 - 25 Eylül 1997, Samsun. S, 153 - 157.

- Grosbach, J. 2008. The Effect of Row Spacing on the Yield and Plant Growth of Popcorn (*Zea mays*). *Cantaurus*, 16, 9-12.
- Grove, G., Zarlengo, R.P., Timmerman, K.P., Li, N.Q., Tam, M.F., Tu, C.P.D. 1988. Characterization and Heterospecific Expression of cDNA Clones of Genes in the Maize GSH S-Transferase Multigene Family. *Nucleic Acids Research*, 16(2), 425-438.
- Gürel, F. 2007. Kastamonu Ekolojik Sartlarına Uygun Silajlık Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Tokat.
- Gürses, M.A. 2010. Mısır (*Zea mays* indendata Sturt.) Yetiştiriciliğinde Değişik Yeşil Gübre Bitkileri ve Çiftlik Gübresi Uygulamalarının Verim ve Verim Unsurlarına Etkisi. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi, Adana.
- Hafez, E.M., Abdelaal, K.A. 2015. Impact of Nitrogen Fertilization Levels on Morpho-Physiological Characters and Yield Quality of Some Maize Hybrids (*Zea mays* L.). *Egyptian Journal of Agronomy*, 37(1), 35-48.
- Hernandez, F., Amolong, A., Borrás, L. 2014. Genotypic Differences Among Argentinean Maize Hybrids in Yield Response to Stand Density. *Agron. J.* 106:2316–2324. doi:10.2134/agronj14.0183.
- Hildebrand, C.E., Torney, D.C., Wagner, R.P. 1992. Informativeness of Polymorphic DNA Markers. *Los Alamos Science*, 20:100–102.
- Hong, D.C., Both, J.A. 2001. Controlling the Size of Popcorn. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 289(3), 557-560.
- Hongtrakul, V., Huestis, G.M., Knapp, S.J. 1997. Amplified Fragment Length Polymorphisms as a Tool for DNA Fingerprinting Sunflower Germplasm, Genetic Diversity Among Oilseed Inbred Lines, *Theoretical and Applied Genetics*, 95, 400-407.
- Huang S., Peng X., Huang Q., Zhang W. 2010. Soil Aggregation and Organic Carbon Fractions Affected by Long-Term Fertilization in a Red Soil of Subtropical China. *Geoderma*, 154: 364–369.
- Huang, J.T., Dooner, H.K. 2012. The Spectrum and Frequency of Self-Inflicted and Host Gene Mutations Produced by the Transposon Ac in Maize. *Plant Cell* 24: 4149–4162.
- Idikut, L., Dumlupinar, Z., Kara, S.N., Yürürdurmaz, C., Cölkesen, M. 2012. The Effect of Different Temperatures and Salt Concentrations on Some Popcorn Landraces and Hybrid Corn Genotype Germinations. *Pakistan Journal of Botany*, 44: 579-587.
- IGC. 2016. International Geographical Congress. Beijing, China. <http://www.igc2016.org>.
- IGC. 2016. International Grains Council. <http://www.igc.int/en/default.aspx>.
- IGC.2012. International Geographical Congress, Germany. <http://www.igc2012.uni-koeln.de>.

- Ignjatovic-Micic, D., Vancetovic, J., Trbovic, D., Dumanovic, Z., Kostadinovic, M., Bozinovic, S. 2015. Grain Nutrient Composition of Maize (*Zea mays* L.) Drought-Tolerant Populations. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 63(4), 1251-1260.
- Ijaz, A.Z., Jeffries, T.C., Ijaz, U.Z., Hamonts, K., SinghIjaz, B.K. 2017. Extending Seqenv: a Taxa-Centric Approach to Environmental Annotations of 16S rDNA Sequences. *PeerJ*, 5, e3827.
- İdikut, L., Kara, S.N. 2013. Tane Ürünü İçin Yetiştirilen İkinci Ürün Mısır Çeşitlerinin Bazı Verim Ögeleri ile Tane Nişasta Oranlarının Belirlenmesi. *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi*, 16(1), 8-15.
- İdikut, L., Zulkadir, G., Yürürdurmaz, C., Çölkesen, M. 2015. Yerel Cin Mısırı Genotiplerinin Kahramanmaraş Koşullarında Tarımsal Özelliklerinin Araştırılması. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Doğa Bilimleri Dergisi*, 18(3), 1-8.
- İlker, E., Aykut Tonk, F., Çaylak, Ö., Tosun, M., Özmen, İ. 2009. Assessment of Genotype x Environment Interactions for Grain Yield in Maize Hybrids Using AMMI and GGE Biplot Analyses. *Turkish Journal of Field Crops*,14(2): 123 –135.
- Jasemi, M., Darabi, F., Naseri, R., Naserirad, H., Bazdar, S. 2013. Effect of Planting Date and Nitrogen Fertilizer Application on Grain Yield and Yield Components in Maize (SC 704). *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 13.
- Jasim, A.H.,Ghanee, M.M. 2016. Response of Popcorn (*Zea mays*ssp. everta L.)to Urea and Sulfur Fertilizer as well as Foliar Urea Application. *Annales of West University of Timisoara. Series of Biology*, 19(1), 41.
- Jele P., Derera J., Siwela M. 2014. Assessment of Popping Ability of New Tropical Popcorn Hybrids. *Australian Journal of Crop Science*, 8: 831-839.
- Jelena, S., Zorica, P., Milomir, F., Mile, S.2015. The Influence of Moisture Content of Grain on Popping Volume of Popcorn Hybrids (*Zea mays*L. everta). *Journal on Processing and Energy in Agriculture*, 19(1), 24-26.
- Jia, M., Wu, H., Clay, K.L., Jung, R., Larkins, B.A., Gibbon, B.C. 2013. Identification and Characterization of Lysine-rich Proteins and Starch Biosynthesis Genes in the opaque2 Mutant by Transcriptional and Proteomic Analysis. *BMC Plant Biol.* 13:60 10.1186/1471-2229-13-60.
- Kabakçı, S. 2014. Iğdır Ekolojik Şartlarına Uygun Silajlık Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi. *Iğdır Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Iğdır.*
- Kahraman, K., Köksel, H., Ng, P.K.W. 2015. Optimisation of The Reaction Conditions for the Production of Cross-Linked Starch with High Resistant Starch Content. *Food Chemistry*, 174, 173-179.
- Kahraman, Ş., Kılınç, S., Atakul, Ş. 2014. Determination of a Single Hybrid Corn Genotypes Performance in Diyarbakır. *Conditions International Mesopotamia Agriculture Congress / 22-25 September, Diyarbakır. S, 380-386.*

- Kalkan, M., Sade, B. 2009. Farklı Mısır Olum Grupları ve Hasat Tarihlerinde Verim, Tane Nemi ile Besin Değerleri ve Alfatoksin Düzeylerinin Belirlenmesi. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, Cilt 1 s. 267-271.19-22 Ekim, Hatay.
- Kanagarasu, S., Nallathambi, G., Ganesan, K.N., Kannan, S. 2013. Genetic Variability and Association Analysis for Yield and Its Components in Single Cross Hybrids of Maize (*Zea mays* L.). Electronic Journal of Plant Breeding, 4: 1319-1324 (2013).
- Kandianis, C.B., Stevens, R., Liu, W., Palacios, N., Montgomery, K., Pixley, K., White, W.S., Rocheford, T. 2013. Genetic Architecture Controlling Variation in Grain Carotenoid Composition and Concentrations in Two Maize Populations. Theoretical and Applied Genetics, 126(11), 2879-2895.
- Kantety, R.V., Zeng, X.P., Bebbetzen, J.L. and Zehr, B.E. 1995. Assessment of Genetic Diversity in Dent and Popcorn (*Zea mays* L.) Inbred Lines Using Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Amplification. Molecular Breeding, 1: 365-373.
- Kapar H., Öz A., 2006. Bazı Mısır Çeşitlerinin Orta Karadeniz Bölgesi'nde Performanslarının Belirlenmesi. Ondokuzmayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 21(2): 147-153.
- Karen, V., Hidalgo, P., Méndez Marroquín, K.P., Alvarez, E.V., Chavez-Pntiveros, J., Sanchez-Pena, P., Garzon-Tiznado, J.G., Vega-García, M.O., López-Valenzuela, J.A. 2013. Microsatellite-Based Genetic Diversity Among Accessions of Maize Landraces From Sinaloa in México. Hereditas 150:53-59.
- Kavut, Y.T., Soya, H. 2014. Akdeniz İklim Koşullarında Farklı Toprak Yapılarının Mısırdaki Tane Verimi ve Bazı Verim Unsurlarına Etkisi Üzerinde Bir Araştırma. Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 51 (1), 41-47, İzmir.
- Kaya, Y., Palta, C., Taner, S. 2002. Additive MainEffects and Multiplicative Interactions Analysis of Yield Performance in Bread Wheat Genotypes a Cross Environments. Turkish Journal AgricultureForestry, 26: 275-279.
- Keskin, B., Çelebi, Ş., Arvas, Ö., Yılmaz, Ğ.H. 2011. Iğdır İlinde Bazı Mısır Çeşitlerinin Tane ve Silaj Verimlerinin Belirlenmesi. Türkiye 9. Tarla BitkileriKongresi s:513-516, Bursa.
- Khan, R., Dubey, R.B. 2015. Combining Ability Analysis for Nutritional Quality and Yield in Maize (*Zea mays* L.). The Bioscan, 10(2), 785-788.
- Kharazmshahi, H.A., Zahedi, H., Alipour, A. 2015. Effects of Sowing Date on Yield and Yield Components in Sweet Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. In Biological Forum (Vol. 7, No. 2, p. 835). Research Trend.
- Kharb, P. 2016. Identification of Hybrids and Their Parents through SSR Profiling in Maize [*Zea mays* (L.)]. Phd thesis, CCSHAU.
- Khlestkina, E.K., Salina, E.A. 2006. SNP Markers: Methods of Analysis, Ways of Development and Comparison on an Example of Common Wheat. Russian, Genetics, 42: 585-594.



- Khodarahmpour, Z., Hamidi, J. 2012. Study of Yield and Yield Components of Corn (*Zeamays L.*) Inbred Lines to Drought Stress. African Journal of Biotechnology 11 : 3099-3105.doi.10.5897/AJB11.2974.
- Kılınç S. 2016. Mısırdaki (*Zea mays L.*) Bazı Fizyolojik Parametreler ile Verim ve Verim Unsurları Arasındaki İlişkilerin Araştırılması. Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri. Yüksek Lisans Tezi.
- Kırtok, Y. 1998. Mısır: Üretimi ve Kullanımı. Kocaelik Basım ve Yayınevi, İstanbul, 448 s.
- Kim, H.S., Kim, K.R., Yang, J.E., Ok, Y.S., Owens, G., Nehls, T., Wessolek, G., Kim, K.H. 2016. Effect of Biochar on Reclaimed Tidal Land Soil Properties and Maize (*Zea mays L.*) Response. Chemosphere, 142, 153-159.
- Kimura, M., Crow, J.F. 1964. The Number of Alleles that can be Maintained in a Finite Population. Genetics, 49(4), 725.
- Koca, A. 2013. Bazı Mısır Çeşitlerinin Kayseri Koşullarında Yeşil Gübre Uygulamasından Sonra Silaj Amacıyla Yetiştirilebilme Olanakları. Ankara Üniversitesi, FenBilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Koca, Y.O. 2009. Aydın Bölgesinde, Birinci ve İkinci Ürün Mısırdaki (*Zea mays L.*) Verim, Verim Öğeleri, Fizyolojik ve Diğer Bazı Özellikler Arasındaki Farklılıklar. Adnan Menderes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri, Yüksek Lisans Tezi.
- Koca, Y.O., Ereku, O., Ünay, A., Turgut, İ. 2009a. Bazı Melez Mısır (*Zea mays L.*) Çeşitlerinin Aydın İlinde Birinci ve İkinci Ürün Performanslarının Değerlendirilmesi. ADÜ Ziraat Fakültesi Dergisi 2009; 6(1):41 – 52.
- Koca, Y.O., Ereku, O., Turgut, İ. 2009b. Bazı Melez Mısır (*Zea mays L.*) Çeşitlerinin Tane Verimi, Verim Öğeleri ve Kalite Değerlerinin Belirlenmesi. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, Cilt 2 s. 569-572. 19-22 Ekim, Hatay.
- Koca, Y.O., Turgut, İ., Ereku, O. 2010. Tane Üretimi için Yetiştirilen Mısırın Birinci ve İkinci Üründeki Performanslarının Belirlenmesi. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi. 47 (2): 181-190.
- Kongkiatngam, P., Waterway, M.J., Coulman, B.E., Fortin M.G., 1996. Genetic Variation Among Cultivars of Red Clover (*Trifolium pratense L.*) Detected by RAPD Markers Amplified from Bulk Genomic DNA, Euphytica, 89, 355-361.
- Konuşkan Ö., 2000. Hatay Koşullarında İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Bazı Melez Mısır Çeşitlerinde Bitki Sıklığının Verim ve Verimle İlişkili Özelliklere Etkisi. Yüksek Lisans Tezi, MKÜ. Fen Bilimleri Enstitüsü. 71s.
- Konuşkan, Ö. 2006. Researches on Diallel Hybrid Analysis and Heritability of Some Agricultural and Grain Quality Characteristics in Dent Corn (*Zea mays indentata Sturt.*). Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi.
- Korzun, V., Ebmeyer, E. 2003. Molecular Markers and Their Applications in Wheat Breeding. Rome, Italy. p: 140-143.

- Kozhukhova, N.E., Sivolap Y.M. 2004. Identification and Registration of Maize Genotypes with the Use of Molecular Markers Russian Journal of Genetics, Vol. 40, No. 1, 2004, pp. 49–55. Translated from Genetika, Vol. 40, No. 1, , pp. 59–66.
- Köse, A., Turgut, İ. 2011. Kendilenmiş Mısır Hatlarının Diallel Melez Döllerinde Genel ve Özel Uyum Yetenekleri ile Heterosisin Belirlenmesi. Mediterranean Agricultural Sciences, 24(1), 39-46.
- Krishna, V., Mehrotra, M.B., Teufel, N., Bishnoi, D.K. 2012. Characterizing the Cereal Systems and Identifying the Potential of Conservation Agriculture in South Asia. CIMMYT.
- Kuşaksız, T., Kuşaksız, E. 2009. Bazı Melez Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin Manisa Ekolojik Koşullarında Performanslarının Belirlenmesi. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, 19-22 Ekim, Hatay.
- Kuşaksız, T. 2010. Adaptability of Some New Maize (*Zea mays* L.) Cultivars for Silage Production as Main Crop in Mediterranean Environment. Turkish Journal of Field Crops, 15(2), 193-197 p., ISSN 1301-1111.
- Kuşaksız, T. 2011. Manisa Ekolojik Koşullarında Ana Ürün Silajlık Olarak Uygun Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi. Türkiye 9. Tarla Bitkileri Kongresi s:529-532, Bursa.
- Kuşvuran, A., Kaplan, M., Nazlı, R.I., Saruhan, V., Karadağ, Y. 2015. Orta Kızılırmak Havzası Ekolojik Koşullarında Bazı Mısır (*Zea mays* L.) Çeşitlerinin Silajlık Olarak Yetiştirilme Olanaklarının Belirlenmesi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 32(1), 57-67.
- Küçük, B. 2011. Bazı Silajlık Mısır Çeşitlerinde Morfolojik Özelliklerin ve Yem Verimlerinin Belirlenmesi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Laborda, P.R., Oliveira, K.M., Garcia, A.A.F., Paterniani, M.E.A.G.Z., De Souza, A.P. 2005. Tropical Maize Germplasm: What can We Say About Its Genetic Diversity in the Light of Molecular Markers? Theoretical and Applied Genetics, 111(7), 1288-1299.
- Leal, A.A., Mangolin, C.A., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Scapim, C.A., Mott, A.S., Eloi, I.B.O., Cordovés, V., Silva, M.F.P. 2010. Efficiency of RAPD Versus SSR Markers in Determination of Genetic Diversity Among Popcorn Lines. Genetics and Molecular Research 9: 9-18.
- Lewontin, R.C. 1972. The Apportionment of Human Diversity. Evolutionary Biology, 6(381), e398.
- Li, B., Pattenden, S.G., Lee, D., Gutierrez, J., Chen, J., Seidel, C., Gerton, J.L. 2005. Workman Preferential Occupancy of Histone Variant H2AZ at Inactive Promoters Influences Local Histone Modifications and Chromatin Remodeling Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 102 pp. 18385–18390.
- Li, P., Ponnala, L., Gandotra, N., Wang, L., Si, Y., Tausta, S. L., Kebrom, T.H., Provart, N., Patel, R., Myers, C.R., Reidel, E.J., Turgeon, R., Liu, P., Sun, Q., Nelson, T.,

- Brutnell, T.P. 2010. The Developmental Dynamics of the Maize Leaf Transcriptome. *Nature Genetics*, 42(12), 1060-1067.
- Li, Y.L., Lv, D.B., Wang, Y.Z., Chen, S.J. 2004. Study on the Genetic Diversity of Popcorn Inbreds and Their Germplasm Relationship with Normal Corn Inbreds Using SSR Markers. *Maydica* 49: 327-333.
- Lia, V.V., Confalonieri, V.A., Poggio, L. 2007a. B Chromosome Polymorphism in Maize Landraces: Adaptive vs. Demographic Hypothesis of Clinal Variation. *Genetics*, 177:895–904.
- Lia, V.V., Bracco, M., Gottlieb, A.M., Poggio, L., Confalonieri, V.A. 2007b. Complex Mutational Patterns and Size Homoplasmy at Maize Microsatellite Loci. *Theoretical and Applied Genetics* 115: 981- 991.
- Lia, V.V., Poggio, L., Confalonieri, V.A. 2009. Microsatellite Variation in Maize Landraces from Northwestern Argentina: Genetic Diversity, Population Structure and Racial Affiliations. *Theoretical and Applied Genetics*, v.119, p.1053-1067. DOI: 10.1007/s00122-009-1108-0.
- Lima, M.D.L.A., Souza Jr, C.L.D., Souza, A.P.D. 2009. Microsatellite-Dense Genetic Map: Towards Genome Coverage in a Tropical Maize (*Zea mays* L.) Population. *Brazilian Journal of Botany*, 32(3), 499-508.
- Liu, K., Goodman, M., Muse, S., Smith, J.S., Buckler, E., Doebley, J. 2003. Genetic Structure and Diversity Among Maize Inbred Lines as Inferred from DNA Microsatellites. *Genetics*, 165(4), 2117-2128.
- Louise, A.K.A.N.V.O.U., N’da Desire, P.O.K.O.U., Paul, A.K., Konan, K.C., Arsene, Z.B.I. 2016. Genetic Diversity and Population Structure of Maize Landraces from Côte d’Ivoire. *African Journal of Biotechnology*, 15(44), 2507-2516.
- Lubberstedt, T., Melchinger, A.E., Duple, C., Vuylsteke, M., Kuiper, M. 2000. Relationships Among Early European Maize Inbreds: IV. Genetic Diversity Revealed with AFLP Markers and Comparison with RFLP, RAPD and Pedigree Data. *Crop Sci.*, 40, 783-791.
- Luchsinger, A., Camilo, F. 2008. Sweet Corn Cultivars and Their Behavior with Different Sowing Dates in the 6th Region of Chile. *IDESIA (Chile)* 26: 45–52.
- Machado, A.T., Pereira, M.B., Pereira, M.E., Machado, C.T.T., Medice, L.E. 1998. Avaliação de Variedades Locais Melhoradas de Milho em Diferentes Regiões do Brasil, In: Soares A.C., Machado A.T, Silva B.M. 94 and von der Weid J.M. (eds) *Milho Crioulo, Conservação e Uso da Biodiversidade*, AS-PTA, Rio de Janeiro, pp 93-106.
- Maga, T.J., Vange, T., Ogwuche, J.O. 2015. The Influence of Sowing Dates on the Growth and Yield of Two Maize (*Zea mays* L.) Varieties Cultivated under Southern Guinea Savannah Agro-Ecological Zone. *American Journal of Experimental Agriculture*, 5(3), 200.
- Mani, H., Dadari, S.A. 2003. Growth and Yield Analysis of Irrigated Popcorn (*Zea mays* evarta) Grown in Kadawa as Affected by Sowing Date and Intra-Row Spacing,

- Using Correlation Co-Efficient. *Asset: An International Journal (Series A)*, 3(4), 63-70.
- Manifesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suarez, E.Y., Dubcovsky, J. 2001. Quantitative Evaluation of Genetic Diversity in Wheat Germplasm Using Molecular Markers, *Crop Sci.*, 41, 682-690.
- Matsuoka, Y., Vigouroux, Y., Goodman, M.M., Sanchez, J., Buckler, G.E.S., Doebley, J. 2002a. A Single Domestication for Maize Shown by Multilocus Microsatellite Genotyping. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 99, 6080-6084.
- McDermott, J.M., McDonald, B.A. 1993. Gene Flow in Plant Pathosystems. *Annual Review of Phytopathology*, 31(1), 353-373.
- Mienie, C.M.S., Fourie, A.P. 2013. Genetic Diversity in South African Maize (*Zea mays* L.) Genotypes as Determined with Microsatellite Markers. *African Journal of Biotechnology*, 12(2).
- Mishra, I.P., Sabat, G., Mohanty, B.K. 2014. Phytotoxicity of Profenofos 50 % EC (Curacron 50 EC) to *Vigna radiata* L. Seedlings: I. Studies on Morphology and Pigments. *International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research*, 4(3), 265-270.
- Mitrovic, B., Stanisavljevi, D. Treski S., Stojakovic, M., Ivanovic, M., Bekavac, G., Rajkovic, M. 2012. Evaluation of Experimental Maize Hybrids Tested in Multi-Location Trials Using Ammi and GGE Biplot Analyses. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(1): 35-40.
- Molin, D., Coelho, C.J., Máximo, D.S., Ferreira, F. S., Gardingo, J. R., Matiello, R. R. 2013. Genetic Diversity in the Germplasm of Tropical Maize Landraces Determined Using Molecular Markers. *Genetics and Molecular Research*, 12(1), 99-114.
- Morales, E. 2010. *Staurosira construens*. – In: *Diatoms of the United States*. [http://westerndiatoms.colorado.edu/taxa/species/staurosira\\_construens\\_var.\\_venter](http://westerndiatoms.colorado.edu/taxa/species/staurosira_construens_var._venter).
- Moralar, E. 2011. Tekirdağ İlinde Yetiştirilen Bazı Silajlık Mısır Çeşitlerinde Gelişme Sürecinin Belirlenmesi ve Verimliliklerinin Tespiti. Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek lisans Tezi, Tekirdağ.
- Mujahidi, T.A. 2014. Combining Ability and Heterosis of Popcorn (*Zea mays* var. everta). Department of Genetics and Plant Breeding Sher-E-Bangla Agricultural University Dhaka-1207.
- Mülayim, M., Malhatun, S., Acar. R. 2002. İkinci Ürün Silajlık Melez Mısır Çeşitlerinde Farklı Gübre Çeşit ve Dozlarının Verim ve Bazı Verim Unsurları Üzerine Etkisi. *Ziraat Mühendisliği Dergisi*, 338/339:30-39.
- Nei, M. 1972. Genetic Distance Between Populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283-292.
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70(12), 3321-3323.

- Nei, M. 1978. The Theory of Genetic Distance and Evolution of Human Races. Japanese Journal of Human Genetics, 23(4), 341-369.
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Masatoshi Nei. New York: Columbia University Press, p 176-187.
- Neuefeind, T., Huber, R., Prade, L., Knablein, J., Reinemer, P., Mann, K., Bieseler, B. 1997. Cloning, Sequencing, Crystallization and X-Ray Structure of Glutathione S-Transferase-III from *Zea mays* var. Mutin: A Leading Enzyme in Detoxification of Maize Herbicides. Journal of Molecular Biology, 274, pp. 577-587.
- Okay, D. and Yazgan, S. 2016. The Effect of Different Irrigation Levels on Maize Yield. Ziraat Fakültesi Dergisi, Uludağ Üniversitesi, 30(1), 1-12.
- Otinga, A.N., Pypers, P., Okalebo, J.R., Njoroge, R., Emong'ole, M., Six, L., Vanlauwe, B., Merckx, R. 2013. Partial Substitution of Phosphorus Fertiliser by Farmyard Manure and Its Localised Application Increases Agronomic Efficiency and Profitability of Maize Production. Field Crops Research, 140: 32-43.
- Öktem, A. 2003. Harran Ovasında II. Ürün Olarak Yetiştirilebilecek Mısır Çeşitlerinin (*Zea mays* L.) Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Harran Üniversitesince Güneydoğu Anadolu Projesi (GAP) Alanında Yapılan Araştırmalar ve Yayınlar (1992-2002), Şanlıurfa, 303s.
- Öktem, A., Öktem, A.G. 2003. Bazı Mısır (*Zea mays* L.) Genotiplerinin Harran Ovası Koşullarına Adaptasyonu. Türkiye 5. Tarla Bitkileri Kongresi, I. Cilt: 218-222, 13-17 Ekim 2003, Diyarbakır.
- Öktem, A., Öktem, A.G. 2009. Bazı Atdışı Hibrit Mısır (*Zea mays* L. *indentata*) Genotiplerinin Harran Ovası Koşullarında Performanslarının Belirlenmesi. Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 13(2):49-58.
- Öktem, A., Toprak, A. 2013. Çukurova Koşullarında Bazı Atdışı Mısır Genotiplerinin Verim ve Morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi. Harran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 17 (4) 15-24, Şanlıurfa.
- Öner, F., Aydın, İ., Sezer, İ., Gülümser, A., Mut, Z. 2011a. Samsun Koşullarında Bazı Hibrit Mısır Çeşitlerinin Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Türkiye 9. Tarla Bitkileri Kongresi s:559-562, Bursa.
- Öner, F., Aydın, İ., Sezer, İ., Gülümser, A., Özata, E., Algan, D. 2011b. Bazı Silajlık Mısır Çeşitlerinde Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Türkiye 9. Tarla Bitkileri Kongresi s:465-468, Bursa.
- Öner, F., Sezer, İ., Gülümser, A., 2012. Farklı Lokasyonlarda Yetiştirilen Atdışı Mısır (*Zea mays* L. *indentata*) Çeşit ve Hatlarının Agronomik Özellikler Yönünden Karşılaştırılması. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi, 9(2): 1-6.
- Öz, A., Kapar, H. 2003a. Karadeniz Koşullarında Geliştirilen Tek Melez Mısır Çeşit Adaylarının Verim ve Bazı Agronomik Karakterlerinin Belirlenmesi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi, 18: 45-60.

- Öz, A., Kapar, H. 2003b. Samsun Koşullarında Geliştirilen Çeşit Adayı Mısırların Verim Ögelerinin Belirlenmesi ve Stabilitate Analizi. Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarım Bilimleri Dergisi, Cilt:9 (4), 454-459.
- Öz, A., Özata, E., Kapar, H. 2013. Hibrit Mısır (*Zea mays indentata* Sturt) Çeşidi Islahı Üzerine Bir Araştırma. Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi 6(2): 10-14.
- Özata, E., Geçit, H.H., Kincikarakaya, S.Ü. 2016. Orta Karadeniz Ekolojik Koşullarında Şeker Mısırdaki (*Zea mays saccharata* Sturt.) Değişik Ekim Sıklıkları ve Azot Dozlarının Verim Ögelerine Etkisi. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi Arşiv Cilt 25, Sayı Özel Sayı-1.
- Özata, E., Kapar, H. 2011. Atdışi Mısır Yoklama Melezlerinin Verim ve Bazı VerimÖğeleri. Türkiye 9. Tarla Bitkileri Kongresi s:441-444, Bursa.
- Özata, E., Kapar, H. 2013. Bazı Atdışi Hibrit Mısır (*Zea mays indentata* Sturt) Genotiplerinin Samsun. Koşullarında Kalite ve Performanslarının Belirlenmesi Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi Cilt.3 Sayı 6 (2):. 028-031.
- Özata, E., Kapar, H. 2014. Bazı Atdışi Hibrit Mısır (*Zea mays indentata* Sturt) Genotiplerinin Samsun Koşullarında Kalite ve Performanslarının Belirlenmesi. Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi 7 (2): 01-07.
- Özcan, G., Tezel, M., Güneş, A., Işık, Ş., Aksoyak, Ş., Sade, B. 2013. Yeni Geliştirilen Bazı Mısır Genotiplerinin Konya Şartlarına Uygunluğunun Belirlenmesi. Türkiye 10. Tarla Bitkileri Kongresi, 10-13 Eylül 2013, Konya, Türkiye, Cilt 1, s. 654- 659.
- Özerkişi, E. 2016. Tekirdağ Koşullarında Farklı Sıra Üzeri Mesafelerin Bazı Şeker Mısırdaki (*Zea mays L. saccharata* Sturt.) Çeşitlerinde Taze Koçan Verimi ve Kalite Özelliklerine Etkisi. Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi.
- Özgüven, N., Katkat, A.V. 2001. Artan Miktarlarda Uygulanan Çinkonun Mısır Bitkisinin Verim ve Çinko Alımı Üzerine Etkisi, Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi Cilt 15, S : 85 – 97. 90.
- Özkan, A., Ülger, A.C. 2011. Çukurova Ekolojik Koşullarında Değişik Azot Dozu Uygulamalarının İki Cin Mısırdaki (*Zea mays L. everta* Sturt.) Çeşidinde Tane Verimi ve Bazı Tarımsal Özelliklere Etkisi. Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 21(3), 198-208.
- Özkaynak, E., Samancı, B. 2003. Cin Mısırdaki (*Zea mays everta* Sturt.) Hatlarının ve Yoklama Melezlerinin Verim ve Verimle İlgili Özellikler Bakımından Karşılaştırılması. Mediterranean Agricultural Sciences, 16(1), 35-42.
- Özmen, İ. 2008. Bazı Melez Mısırdaki Çeşit ve Genotiplerinin Değişik Ekim Bölgelerindeki Adaptasyon ve Uyum Yeteneklerinin Belirlenmesi Üzerine Araştırmalar. Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Bornova, İzmir.
- Özsisli, B. 2010. Kahramanmaraş Koşullarında Birinci ve İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Farklı Mısırdaki Çeşitlerinde Verim ve Kalite Özelliklerinin İncelenmesi. Sütçü İmam

Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Kahramanmaraş.

- Özsisli, B., İdikut, L., Çölkesen, M., Çokkızgın, A. 2009. Orta Erkenci Mısır Çeşitlerinin Birinci ve İkinci Ürün Sezonundaki Bazı Bitkisel ve Kalite Özelliklerinin Araştırılması. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, 19-22 Ekim, Hatay, s:585-588.
- Öztürk, A., Erdal, Ş., Pamukçu, M., Boyacı, H. F., Bayram, S.A.D.E. 2016. Cin Mısır Hatlarının Bazı Kalite Özellikleri ve Özellikler Arası İlişkilerin Belirlenmesi. Derim, 33(1), 119-130.
- Özyazıcı, M.A., Özyazıcı, G., Özdemir, O. 2009. Yeşil Gübre Uygulamalarının Mısır-Buğday Münavebesinde Bitkilerin Verim ve Bazı Tarımsal Özellikleri Üzerine Etkileri Toprak ve Su Kaynakları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, Samsun Anadolu Tarım Bilim. Dergisi, 24(1): 21-33.
- Pamukçu, M., Erdal, Ş., Savur, O., Toros, A., Özata, E. 2011. Beyaz Hibrit Mısır Aday Çeşitlerinin Antalya ve Samsun Koşullarında Performanslarının Değerlendirilmesi. Türkiye 9. Tarla Bitkileri Kongresi s:513-516, Bursa.
- Pandey, N., Hossain, F., Kumar, K., Vishwakarma, A.K., Muthusamy, V., Manjaiah, K.M., Agrawal, P.K., Guleria, S.K., Reddy, S.S., Thirunavukkarasu, N., Gupta, H.S. 2015. Microsatellite Marker-Based Genetic Diversity Among Quality Protein Maize (QPM) Inbreds Differing for Kernel Iron and Zinc. Molecular Plant Breeding, 6.
- Pandit, M., Chakraborty, M., Haider, Z. A., Pande, A., Sah, R. P., Sourav, K. 2016. Genetic Diversity Assay of Maize (*Zea mays* L.) Inbreds Based on Morphometric Traits and SSR Markers. African Journal of Agricultural Research, 11(24), 2118-2128.
- Parentoni, S.N., Magalhaes, J.V., Pacheco, C.A., Santos, M.X., Abadie, T., Gama, E.E.G., Guimaraes, P.E.O., Meirelles, W.F., Lopes, M.A., Vasconcelos, M.J.V., Paiva E. 2001. Heterotic Groups Based on Yield-Specific Combining Ability Data and Phylogenetic Relationship Determined by RAPD Markers for 28 Tropical Maize Open Pollinated Varieties, Euphytica, 121, 197-208.
- Park, K.J., Sa, K.J., Koh, H.J., Lee, J.K. 2013. QTL Analysis for Eating Quality-Related Traits in an F2: 3 Population Derived from Waxy Corn× Sweet Corn Cross. Breeding science, 63(3), 325-332.
- Pavlov, J., Delić, N., Živanović, T., Ristić, D., Čamdžija, Z., Stevanović, M., Tolimir, M. 2016. Relationship Between Genetic Distance, Specific Combining Abilities and Heterosis in Maize (*Zea mays* L.). Genetika, 48(1), 165-172.
- Pejic, I., Ajmone Marsan, P., Morgante, M., Cozumplick, V., Castiglioni, P., Taramino, G., Motto, M. 1998. Comparative Analysis of Genetic Similarity Among Maize Inbred Lines Detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs, Theor Appl Genet., 97, 1248-1255.
- Peykarestan, B., Seify, M. 2012. Impact of Sowing Date on Growth and Yield Attributes of Pop Corngrown Under Different Densities. International Research Journal of Applied and Basic Sciences, 3(1), 85-91.

- Pineda Hidalgo, K.V., Méndez Marroquín, K.P., Alvarez, E.V., Chávez Ontiveros, J., Sánchez Peña, P., Garzón Tiznado, J.A., Vega-García, M.O., López Valenzuela, J.A. 2013. Microsatellite based Genetic Diversity Among Accessions of Maize Landraces from Sinaloa in México. *Hereditas*, 150(46), 53-59.
- Pirona, R., Hartings, H., Lauria, M., Rossi, V., Motto, M. 2005. Genetic Control of Endosperm Development and of Storage Products Accumulation in Maize Seeds. *Maydica*, 50(3/4), 515.
- Polidoros, A.N., Mylona, P.V., Pasentsis, K., Scandalios, J.G., Tsaftaris, A.S. 2005. The Maize Alternative Oxidase 1a (Aox1a) Gene is Regulated by Signals Related to Oxidative Stress. *Redox Report*, 10(2), 71-78.
- Pophaly, S.D., Tellier, A. 2015. Population Level Purifying Selection and Gene Expression Shape Subgenome Evolution in Maize. *Molecular Biology and Evolution*, 32(12), 3226-3235.
- Prade, L., Huber, R., Bieseler, B. 1998. Structures of Herbicides in Complex with Their Detoxifying Enzyme Glutathione S-Transferase—Explanations for the Selectivity of the Enzyme in Plants. *Structure*, 6(11), 1445-1452.
- Prigge, V., Xu, X., Li, L., Babu, R., Chen, S., Atlin, G.N., Melchinger, A.E. 2012. New Insights into the Genetics of In Vivo Induction of Maternal Haploids, the Backbone of Doubled Haploid Technology in Maize. *Genetics*, 190(2), 781-793.
- Qi-Lun, Y., Ping, F., Ke-Cheng, K., Tang, P.G. 2008. Genetic Diversity Based on SSR Markers in Maize (*Zea mays* L.) Landraces from Wuling Mountain Region in China. *J. Genet.* 87(3): 287-291.
- Qiu, F., Zheng, Y., Zhang, Z., Xu, S. 2007. Mapping of QTL Associated with Waterlogging Tolerance During the Seedling Stage in Maize. *Annals of Botany*, 99(6), 1067-1081.
- Quinn, P.V., Hong, D.C., Both, J.A. 2005. Increasing the Size of a Piece of Popcorn. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 353, 637-648.
- Rafalski, J.A. 2002. Applications of Single Nucleotide Polymorphisms in Crop Genetics. *Curr. Opin. Plant Biol.* 5: 94-100.
- Ranathunga, R.A.A., Gunasekara, G.T.N., Wijewardana, D.C.M.S.I. 2016. Quality Performance, Proximate Composition and Sensory Evaluation of Developed Flavoured Instant Popcorn. *Procedia Food Science*, 6, 143-146.
- Rattalino Edreira, J.I., Otegui M.E. 2012. Heat Stress Intemperate and Tropical Maize Hybrids: Differences in Crop Growth, Biomass Partitioning and Reserves Use. *Field Crops Research*, 130: 87–98.
- Reid, L.M., Xiang, K., Zhu, X., Baum, B.R., Molnar, S.J. 2011. Genetic Diversity Analysis of 119 Canadian Maize Inbred Lines Based on Pedigree and Simple Sequence Repeat Markers. *Can. J. Plant Sci.* 91: 651-661.
- Reif, J.C, Hamrit, S., Heckenberger, M., Schipprack, W., Peter Maurer, H., Bohn, M., Melchinger, A.E. 2005. Genetic Structure and Diversity of European Flint Maize



- Populations Determined with SSR Analyses of Individuals and Bulks. *Theor. Appl. Genet.*, 111:906–913.
- Renny-Byfield, S., Rodgers-Melnick, E., Ross-Ibarra, J. 2017. Gene Fractionation and Function in the Ancient Subgenomes of Maize. *Molecular Biology and Evolution*, msx121.
- Revilla, P., Butrón, A., Rodríguez, V. M., Malvar, R. A., Ordás, A. 2009. Identification of Genes Related to Germination in Aged Maize Seed by Screening Natural Variability. *Journal of Experimental Botany*, 60(14), 4151-4157.
- Reyes-Valdés, M.H., Santacruz-Varela, A., Martínez, O., Simpson, J., Hayano-Kanashiro, C., Cortés-Romero, C. 2013. Analysis and Optimization of Bulk DNA Sampling with Binary Scoring for Germplasm Characterization. *PLOS ONE* 8:e79936. 10.1371/journal.pone.0079936.
- Ribeiro, C.A.G., Pinto, M.D.O., Maciel, T.E.F., Pastina, M.M., Barros, E.G.D., Guimarães, C.T. 2017. Universal Tail Sequence-SSR Applied to Molecular Characterization of Tropical Maize Hybrids. *Scientia Agricola*, 74(2), 163-168.
- Rohlf, F.J. 1992. Program Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 1.70, New York.
- Romay, M.C., Butron, A., Ordas, A., Revilla, P., Ordas, B. 2012. Effect of Recurrent Selection on the Genetic Structure of Two Broad-Based Spanish Maize Populations. *Crop Sci* 52:1493-1502.
- Roxin, A. 2011. The Role of Degree Distribution in Shaping the Dynamics in Networks of Sparsely Connected Spiking Neurons. *Frontiers in Computational Neuroscience*, 5.
- Röder, M.S., Huang, X.O., Ganai, M.W. 2004. Wheat Microsatellites: Potantiel and Implications. *Berling Heidelberg*, p: 255-266.
- Saavedra, J., Silva, T.A., Mora, F., Scapim, C.A. 2013. Bayesian Analysis of the Genetic Structure of a Brazilian Popcorn Germplasm Using Data from Simple Sequence Repeats (SSR). *Chilean J. Agric. Res.*73(2).
- Sabancı, İ. 2013. Mısır-Soya Birlikte Üretiminde Farklı Ekim Sistemlerinin Verim ve Bazı Agronomik Karakterlere Etkisi. Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi.
- Sade, B., Akbudak, M.A., Acar, R., Arat, E.2002. Konya Ekolojik Şartlarında Silajlık Olarak Uygun Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi. *Hayvancılık Araştırma Dergisi*, 12(1): 17-22.
- Sairkar, P.K., Chouhan, S., Sen, A., Sharma, R., Singh, R.K. 2017. Genetic Drift in Six Cultivated Populations of Terminalia Arjuna. *Journal of Applied Biology & Biotechnology* Vol, 5(04), 048-056.
- Saker, M.M., Youssef, S.S., Abdallah, N.A., Bashandy, H.S., El Sharkawy, A.M. 2005. Genetic Analysis of Some Egyptian Rice Genotypes Using RAPD, SSR and AFLP. *African Journal of Biotechnology*, 4(9).

- Sakin, M.A., Gökmen, S., Yıldırım, A., Belen, S., Kandemir, N. 2005. Effects of Cultivar Type on Yield and Quality of Popcorn (*Zea mays everta*). New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science, 33:17-23.
- Salami, H. A., Sina, H., Wallis, N. Z., Padonou, W., Aly, D., Yallou, C., Chabi-Sika, K., Noumavo, P.A, Adjanohoun, A., Baba-Moussa, L. 2017. Agro-Morphological Variability of *Zea mays* (L.) Accessions Collected in Southern Benin. Journal of Plant Breeding and Crop Science, 9(1), 1-9.
- Sangoi, L. 2001. Understanding Plant Density Effects on Maize Growth and Development: an Important Issue to Maximize Grain Yield. *Ciência Rural*, 31(1), 159-168.
- Santacruz-Varela, A., Widrechner, M.P., Ziegler, K.E., Salvador, R. J., Millard, M.J., Bretting, P.K. 2004. Phylogenetic Relationships Among North American Popcorns and Their Evolutionary Links to Mexican and South American Popcorns. *Crop Science*, 44(4), 1456-1467.
- Sárdi, K., Csathó, P. 2002. Studies on the Phosphorus Retention of Different Soil Types in a Pot Experiment with Perennial Ryegrass. 51. 177–184.
- Sarı Kurt, B. 2005. Diyarbakır Koşullarında İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Bazı Mısır Çeşitlerinde Verim ve Bazı Tarımsal Karakterler ile Karakterler Arası İlişkilerin Saptanması. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Yüksek Lisans Tezi, 45 s. Şanlıurfa.
- Saruhan, V., Şireli, H.D., 2005. Mısır (*Zea mays* L.) Bitkisinde Farklı Azot Dozları ve Bitki Sıklığının Koçan, Sap ve Yaprak Verimlerine Etkisi Üzerine Bir Araştırma. Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 9(2), 45-53.
- Sayedzavar, J., Norouzi, M., Aharizad, S. 2015. Relationships of Morphological Characters and Yield Components in Corn Hybrids Under Water Deficit Stress. *Biological Forum – An International Journal*, 7 (1): 1512- 1519.
- Saygı, M. 2016. Çukurova Koşullarında Yetiştirilen Bazı Atıdışı Mısır (*Zea mays indentata* Sturt.) Çeşitlerinin Önemli Bitkisel Karakterler, Verim Komponentleri ve Dane Verimi Yönünden Değerlendirilmesi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 71, Adana.
- Schnable, J.C., Freeling, M. 2011. Genes Identified by Visible Mutant Phenotypes Show Increased Bias Toward One of Two Subgenomes of Maize. *PloS one*, 6(3), e17855.
- Sekulovic, O., Meessen-Pinard, M., Fortier, L.C. 2011. Prophage-Stimulated Toxin Production in *Clostridium Difficile* NAP1/027 Lysogens. *Journal of Bacteriology*, 193(11), 2726-2734.
- Senior, M.L., Murphy, J.P., Goodman, M.M., Stuber, C.W. 1998. Utility of SSRs for Determining Genetic Similarities and Relationships in Maize Using an Agarose Gel System. *Crop Science*, Vol 38, Issue 4 1088-1098.
- Severinia, A.D., Borrásb, L., Westgatec, M.E., Cirilo, A.G. 2011. Kernel Number and Kernel Weight Determination in Dent and Popcorn Maize. *Field Crops Research*, 120: 360–369.

- Seyedzavar, J., Norouzi, M., Aharizad, S. 2015. Relationships of Morphological Characters and Yield Components in Corn Hybrids under Water Deficit Stress. In Biological Forum (Vol. 7, No. 1, p. 1512). Research Trend.
- Sezer, İ., Yanbeyi, S., 1997. Çarşamba Ovasında Yetiştirilen Cin Mısırdaki (*Zea mays* L. everta) Bitki Sıklığı ve Azotlu Gübrenin Tane Verimi, Verim Komponentleri ve Bazı Bitkisel Karakterler Üzerine Etkisi. Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Türkiye II. Tarla Bitkileri Kongresi. 22-25 Eylül, Samsun (s128-133).
- Sezer, İ., Mut, Z., Sırat A., Öner, F., Gülümser, A., 2007. Bafra Ovasında Ana Ürün Olarak Yetiştirilebilecek Mısır Çeşitlerinin (*Zea mays* L. indentata) Belirlenmesi Üzerine Araştırma. VII. Tarla Bitkileri Kongre Kitabı I: 183-187.
- Shah, D.M., Horsch, R.B., Klee, H.J., Kishore, G.M., Winter, J.A., Tumer, N.E., Hironaka, C.M., Sanders, P.R., Gasser, C.S., Aykent, S.A., Siegel, N.R., Rogers, S.G., Fraley, R.T. 1986. Engineering Herbicide Tolerance in Transgenic Plants. *Science* 233:478–481.
- Sharifi, R.S., Namvar, A. 2016. Effects of Time and Rate of Nitrogen Application on Phenology and Some Agronomical Traits of Maize (*Zea mays* L.). *Biologija*, 62(1).
- Sharma, L., Prasanna, B.M., Ramesh, B. 2010. Analysis of Phenotypic and Microsatellite-Based Diversity of Maize Landraces in India, Especially from the North East Himalayan Region. *Genetica*, 138(6), 619-631.
- Sharopova, N., McMullen, M.D., Schultz, L., Schroeder, S., Sanchez-Villeda, H., Gardiner, J., Bergstrom, D., Houchins, K., Melia-Hancock, S., Musket, T., Duru, N., Polacco, M., Edwards, K., Ruff, T., Register, J.C., Brouwer, C., Thompson, R., Velasco, R., Chin, E., Lee, M., Woodman-Clikeman, W., Long, M.J., Liscum, E., Cone, K., Davis, G. Coe, E.H. 2002. Development and Mapping of SSR Markers for Maize. *Plant Molecular Biology* 48:463-481.
- Shehata, A.I., Al-Ghethar, H.A., Al-Homaidan, A.A. 2009. Application of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers for Molecular Diversity and Heterozygosity Analysis in Maize Inbred Lines. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 16, 57–62.
- Shiri, M. 2011. Identification of Informative Simple Sequence Repeat (SSR) Markers for Drought Tolerance in Maize. *African Journal of Biotechnology*, 10(73), 16414-16420.
- Sicker, D., Frey, M., Schulz, M., Gierl, A. 2000. Role of Natural Benzoxazinones in the Survival Strategy of Plants. *International Review of Cytology, A Survey of Cell Biology*, Vol 198. Academic Press, San Diego, pp 319–346.
- Silva, P.S.L., Damasceno, A.P.A.B., Silva, K.M.B., Oliveira, O.F., Queiroga, R.C.F. 2009. Growth and Yield of Corn Grain and Green Ear in Competition with Weeds. *Planta Daninha*, 27(SPE), 947-955.
- Silva, T.A., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Mangolin, C.A., da Silva, M.D.F.P., Carvalho, M.S. 2009. Genetic Divergence in Popcorn Genotypes Using Microsatellites in Bulk Genomic DNA. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1), 31-36.

- Silva, V.Q.R., Amaral Junior, A.T., Gonalves, L.S.A., Freitas, J.S.P., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Moterle, L.M., Vieira, R.A., Scapim, C.A. 2010. Combining Ability of Tropical and Temperate Inbred Lines of Popcorn. *Genetics and Molecular Research*. 9(3):1742-1750.
- Singh, S.K., Ram, U.S., Singh, M.K., Deshmukh, R. 2017. Effect of Planting Time, Fertility Level and Plant Population on Development, Yield, Nutrient Uptake and Quality of Winter Popcorn (*Zea mays everta* Sturt) under Late Sown Condition. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(2), 1187-1193.
- Soderlund, C., Descour, A., Kudrna, D., Bomhoff, M., Boyd, L., Currie, J., Angelova, A., Collura, K., Wissotski, M., Ashley, E., Morrow, D., Fernandes, J., Walbot, V., Yu, Y. 2009. Sequencing, Mapping, and Analysis of 27,455 Maize Full-Length cDNAs. *PLoS genetics*, 5(11), e1000740.
- Souza, S.G.H.D., Carpentieri-Pípolo, V., Ruas, C.D.F., Carvalho, V.D.P., Ruas, P.M., Gerage, A.C. 2008. Comparative Analysis of Genetic Diversity Among the Maize Inbred Lines (*Zea mays* L.) Obtained by RAPD and SSR Markers. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 51(1), 183-192.
- Soya, H., Avciođlu, R., Geren, H., Cevheri, A.C. 2001. Bazı Silajlık Mısır (*Zea mays* L.) eřitlerinde Hasıl Verimi ve Diđer Bazı Verim zellikleri zerine Arařtırmalar. Ege niversitesi Bilimsel Arařtırma Projesi No:1999-ZRF-007, Kesin Sonu Raporu, 65s.
- Soyer, . 2011. Bilecik İli Deđiřik Yrelerinde Ormandan Aılan Arazilerin Bazı Toprak zelliklerinde Meydana Gelen Deđiřimlerin Arařtırılması. Artvin oruh niversitesi, Fen Bilimleri Enstits, Orman Mhendisliđi, Yksek Lisans Tezi, Syf. 71.
- Soylu, S., Akman, H., Grbz, B. 2008. Konya Sarayn Kořullarında Tane Mısır Yetiřtiriciliđi zerine Bir Arařtırma. lkesel Tahıl Sempozyumu. 2-5 Haziran2008. Konya. s. 776-781.
- Snmez K., Alan ., Kınacı E., Kınacı G., Kutlu İ., Budak Bařcifti Z., Evrenosođlu, Y. 2013. Bazı Őeker Mısır eřitlerinin (*Zea mays saccharata*Sturt) Bitki Koan ve Verim zellikleri. Sleyman Demirel niversitesi Ziraat Fakltesi Dergisi,4(1): 28-40.
- Snmez, K., Kınacı, E. 2014. İ Anadolu Kořullarında Buđday ve Kanolayı Takiben Yetiřtirilen At Diři Mısır eřitlerinin Verim ve Verim Unsurlarının Belirlenmesi. *Trk Tarım ve Dođa Bilimleri*, 1(4).
- Spitk, T., Nagy, Z., Tthn Zsubori, Z., Halmos, G., Bnyai, J., Marton, L.C. 2014. Effect of Drought on Yield Components of Maize Hybrids: *Zea mays* L. *Maydica: A Journal Devoted to Maize and Allied Species*, 59(2), 161-169.
- Srichomporn, S., Pothisoong, T., Boonsri, N., Srichomporn, K., Malumpong, C. 2013. Effects of Pericarp Thickness of Popcorn Kernel on Popping Quality in Cooked-Oil Popper. In *Proceedings of the 51st Kasetsart University Annual Conference*, Bangkok, Thailand, 5-7 February 2013. Kasetsart University.

- Storck, L., Lopes, S.J., Cargnelutti Filho, A., Martini, L.F.D., Carvalho, M.P.D. 2007. Sample Size for Single, Double and Three-Way Hybrid Corn Ear Traits. *Scientia Agricola*, 64(1), 30-35.
- Subirana, J.A., Messeguer, X. 2008. Structural Families of Genomic Microsatellites. *Gene*. 408:124–132.
- Sun, Y., Dilkes, B. P., Zhang, C., Dante, R. A., Carneiro, N. P., Lowe, K. S., Jung, R., Gordon-Kamm, W.J., Larkins, B.A. 1999. Characterization of Maize (*Zea mays* L.) Wee1 and Its Activity in Developing Endosperm. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(7), 4180-4185.
- Sweley, J.C., Rose, D.J., Jackson, D.S. 2012. Hybrid and Environment Effects on Popcorn Kernel Physicochemical Properties and Their Relationship to Microwave Popping Performance. *Journal of Cereal Science*, 55(2), 188-194.
- Şekeroğlu, N., Dede, Ö., Deveci, M., Kara, Ş.M. 2000. Melez Mısır Populasyonlarında Verim ve Verim Unsurları Arasındaki İlişkilerin Path Analizi ile Belirlenmesi. *GOÜ, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 2000 17 (1): 79-82.
- Şener, O., Gözübenli, H., Konuşkan, O., Kılınc, M. 2004. The Effect of Intra-Row Spacings on the Grain Yield and Some Agronomic Characteristics of Maize (*Zea mays* L.) Hybrids. *Asian Journal of Plant Sciences* 3 (4):429- 432.
- Şirikçi, M. 2006. Kahramanmaraş Koşullarında Üç Mısır Çeşidinde Farklı Bitki Sıklığının Verim ve Bazı Özelliklere Etkisi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Doktora Tezi.
- Tahir, N.A., Maeruf, M.S. 2016. Assessment of Salinity Tolerance and SSR Profile Differentiation in Nine Maize Genotypes (*Zea mays* L). *Maydica*, 61, M18.
- Tekkanat, A., Soylu, S. 2005. Cin Mısıra Çeşitlerinin Önemli Tarımsal Özelliklerinin Belirlenmesi. *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19 (37): 41-50.
- Tezel, M., Özcan, G., Aksoyak, Ş., Işık, Ş. 2012. Konya Şartlarına Uygun Mısır Çeşitlerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. *Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi*. 5 (1): 47-50.
- Todorovic, G., Secanski M., Zivanovic, T., Protic, R., Kostic, M., Jovanovic, S., Bozovic, D. 2012. Inbred Lines of Different Cycles of Selection - Donors of Favourable Alleles for The Improvement of The Kernel Row Number of F1 Maize Hybrids. *Turkish Journal of Field Crops*, 17(2):198-202.
- Topal, B. 2016. Mısırdaki (*Zea mays* L. indentata sturt.) Koçan Yaprığı Klorofil Miktarı ile Tane Verimi ve Verim Ögeleri Arasındaki İlişkilerin Path Analizi İle Saptanması. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Yüksek Lisans Tezi Adana.
- Trindade, I., Capitaio, C., Dalmay, T., Fevereiro, M.P., Santos, D.M. 2010. miR398 and miR408 are Up-Regulated in Response to Water Deficit in *Medicago truncatula*. *Planta* 231: 705-716.
- Tsimba, R., Edmeades, G.O., Millner, J.P., Kemp, P.D. 2013a. The Effect of Planting Date on Maize: Grain Yields and Yield Components. *Field Crops Research*, 150: 135–144.

- Tsimba, R., Edmeades, G.O., Millner, J.P., Kemp, P.D. 2013b. The Effect of Planting Date on Maize: Phenology, Thermal Time Durations and Growth Rates in a Cool Temperate Climate. *Field Crops Research* 50:145-155.
- Turgut, İ. 2000. Bursa Koşullarında Yetiştirilen Şeker Mısırında (*Zea mays saccharata* Sturt.) Bitki Sıklığının ve Azot Dozlarının Taze Koçan Verimi ile Verim Öğeleri Üzerine Etkisi. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 24,(3): 341-347.
- Turgut, İ., Duman, A. 2004. Mısırdaki (*Zea mays indentata* Sturt.) Kombinasyon Yeteneği ve Melez Gücü Üzerine Araştırmalar. *Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi*, 18 (1), 129–143.
- Turhal, K. 2015. Eskişehir Koşullarında Değişik Tohum Sıklıklarının Bazı Melez Mısır (*Zeamays* L.) Çeşitlerinin Tarımsal Özelliklerine Etkileri. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 16(2).
- Turkay, M.A., Cerit, İ., Sarıhan, H., Şen, H.M., Çınar, S., Ülger A.C. 2007. Farklı Azot Dozlarının Atdışı Melez Mısır Çeşitlerinde Tane Verimi ve Bazı Tarımsal Özelliklere Etkisi. VII. Tarla Bitkileri Kongre kitabı. I: 84-87.
- TÜİK. 2011. Bitkisel Üretim Verileri. <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK. 2016. Bitkisel Üretim Verileri. <http://www.tuik.gov.tr>.
- TÜİK. 2016. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı. <https://biruni.tuik.gov.tr>.
- Uçak, A.B., Cerit, İ., Türkay, M.A., Uçan, K., Aykanat. S. 2009. Adana İlinde 1997- 1998 Yılları Arasındaki İklim Değişiklerinin II. Ürün Mısır Verimi Üzerine Etkileri, 1. Ulusal Kuraklık ve Çölleşme Sempozyumu, 16-18 Haziran 2009-Konya. S, 646-651.
- UHK. 2012. Ulusal Hububat Konseyi. <http://www.uhk.org.tr>.
- Ulloa, S.M., Datta, A., Cavalieri, S.D., Lesnik, M., Knezevic, S.Z. 2010. Popcorn (*Zea mays* L. var. everta) Yield and Yield Components as Influenced by The Timing of Broadcast Flaming. *Crop Protection*, 29(12), 1496-1501.
- Uwah, D.F., Undie, U.L., John, N.M. 2014. Comparative Evaluation of Animal Manures on Soil Properties, Growth and Yield of Sweet Maize (*Zea mays* L. *saccharata* Strut.). *J Agric. Environ. Sci.*, 3, 315-331.
- Valdemar P.C., Ruas C.F, Ferreira J.M., Moreira R.M.P. Ruas P.M. 2004. Genetic Diversity Among Maize (*Zea mays* L.) Landraces Assessed by RAPD Markers, *Genetics and Molecular Biology*, 27, 2, 228-236.
- Van Heerwaarden, C.C., Vilà Guerau de Arellano, J., Moene, A.F., Holtslag, A.A. 2009. Interactions Between Dry Air Entrainment, Surface Evaporation and Convective Boundary Layer Development. *Quarterly Journal of the Royal Meteorological Society*, 135(642), 1277-1291.
- Van Inghelandt, D., Melchinger, A.E., Lebreton, C., Stich, B. 2010. Population Structure and Genetic Diversity in a Commercial Maize Breeding Program Assessed with SSR and SNP Markers. *Theor. Appl. Genet.* 120:1289-1299.

- Vartanlı, S. 2006. Ankara Koşullarında Hibrit Mısır Çeşitlerinin Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Ankara.
- Vartanlı, S., Emeklier, H.Y. 2007. Ankara Koşullarında Hibrit Mısır Çeşitlerinin Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Tarım Bilimleri Dergisi. 13 (3): 195-202.
- Vetyukov, Y., Kuzin, A., Krommer, M. 2011. Asymptotic Splitting in the Three-Dimensional Problem of Elasticity for Non-Homogeneous Piezoelectric Plates. International Journal of Solids and Structures, 48(1), 12-23.
- Videnovic, Z., Jovanovic Z., Duvanovic, Z., Simic, M., Srdic, J., Dragicevic, V., Spasojevic, I. 2013. Effect of Long Term Crop Rotation and Fertiliser Application on Maize Productivity. Turkish Journal of Field Crops, 18(2), 233-237.
- Vijay, J., Tuse, B.P., Jawale, S.M., Shaikh, A.A., Dalavi, N.D. 2009. Effect of Fertilizer Levels and Dates of Sowing on Growth and Yield of Sweet Corn (*Zea mays saccharata* S.). Journal of Maharashtra Agricultural Universities, 34(1): 108-109.
- Vilela, F.O., Amaral Júnior, A.T.D., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Júnior, F., de Paiva, S. 2008. Effect of Recurrent Selection on the Genetic Variability of the UNB-2U Popcorn Population Using RAPD Markers. Acta Scientiarum. Agronomy, 30(1), 25-30.
- Vivodík, M., Gálová, Z., Balážová, Ž., Petrovičová, L. 2016. Start Codon Targeted (SCoT) Polymorphism Reveals Genetic Diversity in European Old Maize (*Zea mays* L.) Genotypes. Potravinárstvo, vol. 10, no. 1, p. 563-569.
- Vivodík, M., Gálová, Z., Balážová, Ž., Petrovičová, L. 2017. Genetic Variation of European Maize Genotypes (*Zea mays* L.) Detected Using SSR Markers. Potravinárstvo Slovak Journal of Food Sciences, 11(1), 126-131.
- Wang, C., Yang, J., Zhang, Q. 2006. Soil Respiration in Six Temperate Forests in China. Global Change Biology, 12(11), 2103-2114.
- Wang, P., Kelly, S., Fouracre, J.P., Langdale, J.A. 2013. Genome-Wide Transcript Analysis of Early Maize Leaf Development Reveals Gene Cohorts Associated with the Differentiation of C4 Kranz Anatomy. The Plant Journal, 75: 656–670.
- Warburton, M.L., Xia, X.C., Crossa, J., Franco, J., Melchinger, A.E., Frisch, M., Bohn, M., Hoisington, D. 2002. Genetic Characterization of CIMMYT Maize Inbred Lines and Open-Pollinated Populations Using Large Scale Fingerprinting Methods. Crop Sci 42:1832-1840.
- Warburton, M.L., Ribaut, J.M., Franco, J., Crossa, J., Dubreuil, P., Betrán, F.J. 2005. Genetic Characterization of 218 Elite CIMMYT Inbred Maize Lines Using RFLP Markers. Euphytica 142:97–106.
- Wisser, R.J., Murray, S.C., Kolkman, J.M., Ceballos, H., Nelson, R.J. 2008. Selection Mapping of Loci for Quantitative Disease Resistance in a Diverse Maize Population. Genetics, 180(1), 583-599.

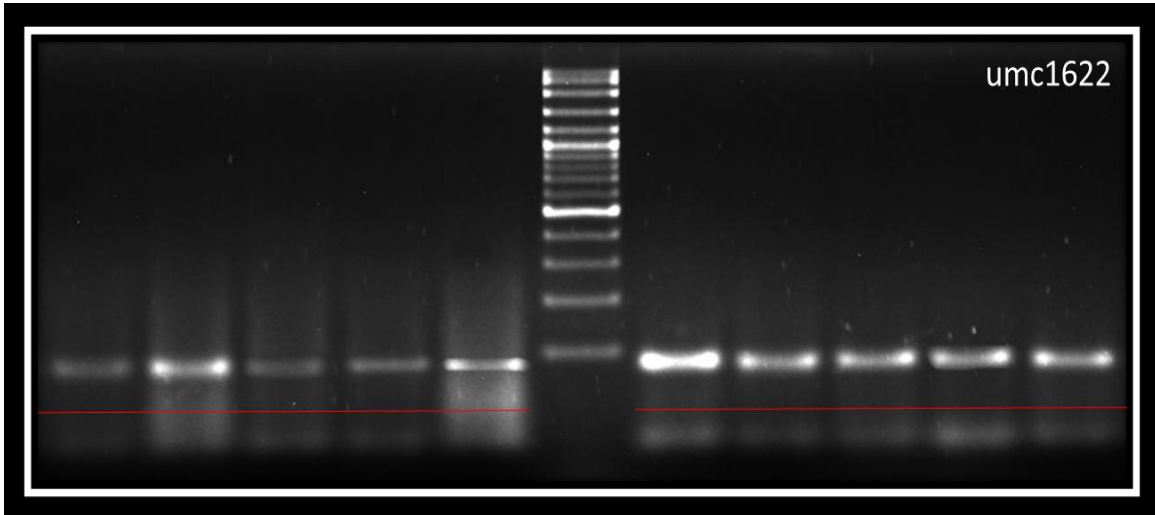
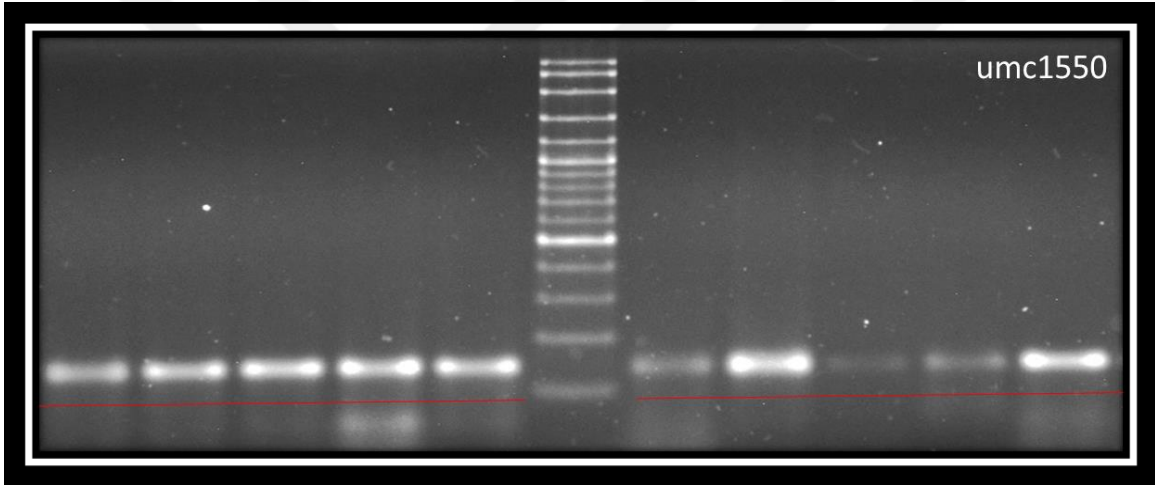
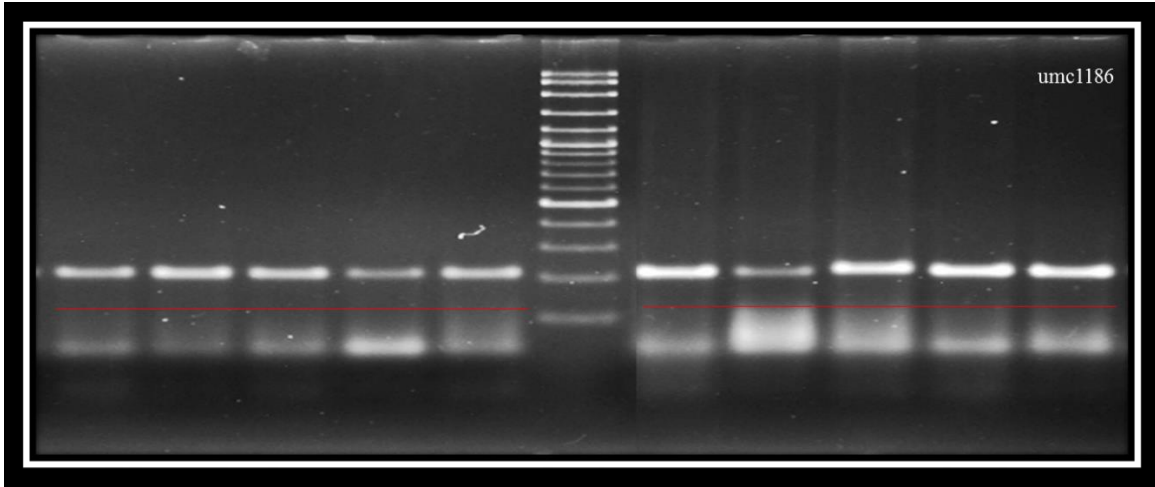
- Wu, Y.S., Zheng, Y.L., Sun, R., Wu, S.Y., Gu, H.B., Bi, Y.H. 2004 Genetic Diversity of Waxy Corn and Popcorn Land-Races in Yunnan by SSR Markers. *Acta Agrono. Sinica* 30, 36–42.
- Xu, J., Liu, L., Xu, Y., Chen, C., Rong, T., Ali, F., Zhou, S., Wu, F., Liu, Y., Wang, J., Cao, M., Lu, Y. 2013. Development and Characterization of Simple Sequence Repeat Markers Providing Genome-Wide Coverage and High Resolution in Maize. *DNA research*, 20(5), 497-509.
- Yang, Q., Li, Z., Li, W., Ku, L., Wang, C., Ye, J., Li, K., Yang, N., Li, Y., Zhong, T., Li, J., Chen, Y., Yan, J., Yang, X., Xu, M. 2013. CACTA-Like Transposable Element in ZmCCT Attenuated Photoperiod Sensitivity and Accelerated the Postdomestication Spread of Maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(42), 16969-16974.
- Yao, Q.L., Yang, K.C., Pan, G.T., Rong, T.Z. 2007. Genetic Diversity of Maize (*Zea mays* L.) Landraces from Southwest China Based on SSR Data. *J. Genet. Genomics* 34: 851-860.
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T.B.J., Ye, Z.H. Mao, J.X. 1997. POPGENE, version 1.2, Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Edmonton.
- Yıldırım, A. 2007. Moleküler Genetik Ders Notları.
- Yılmaz, Y., Öner, Y. 2006. Ülkesel Mısır Entegre Ürün Yönetimi Mısır Verim Denemesi Diyarbakır Lokasyonu. Tagem Program Değerlendirme Toplantıları, 1-10 Mart, 2006. (basılmamış) Antalya.
- Yılmaz, N., Han, E. 2016. Giresun Ekolojik Koşullarında Bazı Mısır Çeşitlerinin Tane Verimi ve Verim Ögelerinin Belirlenmesi. *İğdır Üni. Fen Bilimleri Enst. Der.* 6(3): 171-176.
- Yim, Y.S., Moak, P., Sanchez-Villeda, H., Musket, T.A., Close, P. 2007. A BAC Pooling Strategy Combined with PCR-Based Screenings in a Large, Highly Repetitive Genome Enables Integration of the Maize Genetic and Physical Maps, *B.M.C. Genomics*, vol. 8, p. 47–55. DOI: 10.1186/1471-2164-8-47.
- Yu, K.F., Pauls, K.P. 1993. Rapid Estimation of Genetic Relatedness Among Heterogeneous Populations of Alfalfa by Random Amplification of Bulked DNA Samples. *Theoretical and Applied Genetic*, 86, 788-794.
- Yu, R.H., Shan, X.H., Wang, S., Li, X.H., Jiang, Y., Tan, H., Li, Y.D. 2011. A screening Method for Detecting Simple Sequence Repeat (SSR) Polymorphism of *Zea mays* Using Highresolution Melting-Curve Analysis. *African Journal of Biotechnology*, 10(73), 16443-16447.
- Yürürdurmaz, C. 2007. Kahramanmaraş Koşullarında Farklı Gübre Dozlarının Değişik Mısır Çeşitlerine Etkisinin Saptanması ve Ceres-Maize Bitki Büyüme Modelinin Değerlendirilmesi. Çukurova Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Doktora Tezi, Adana.

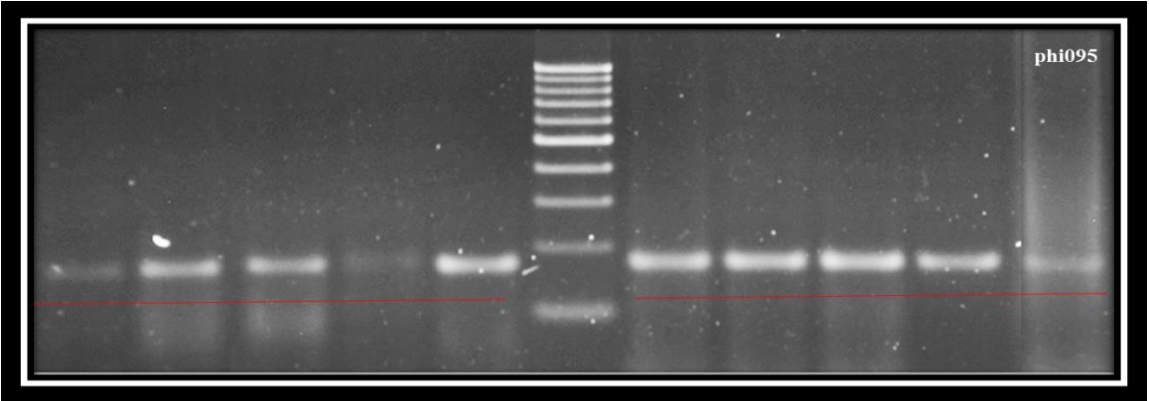
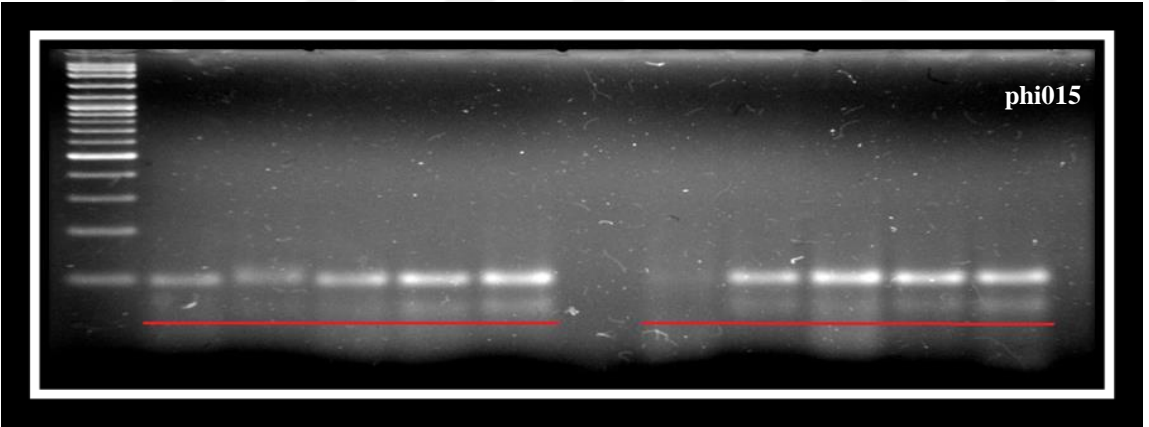
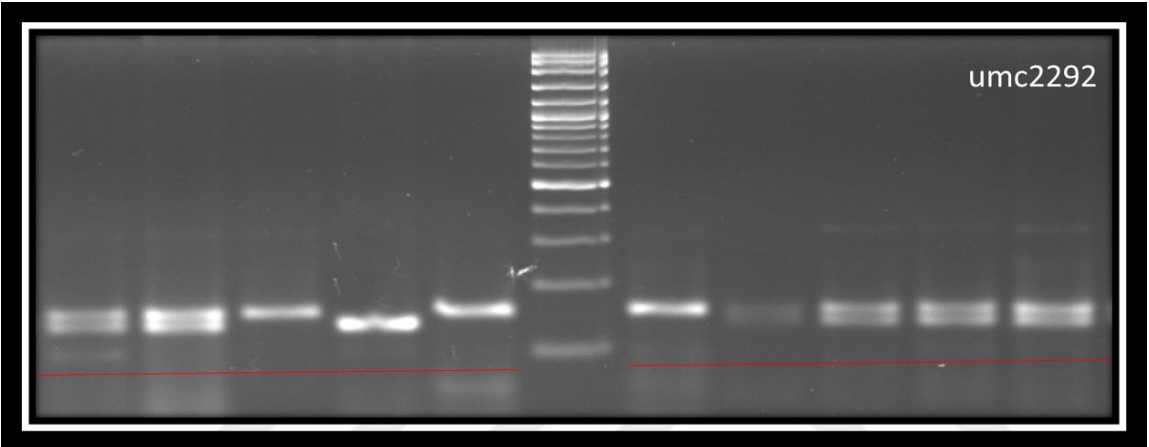
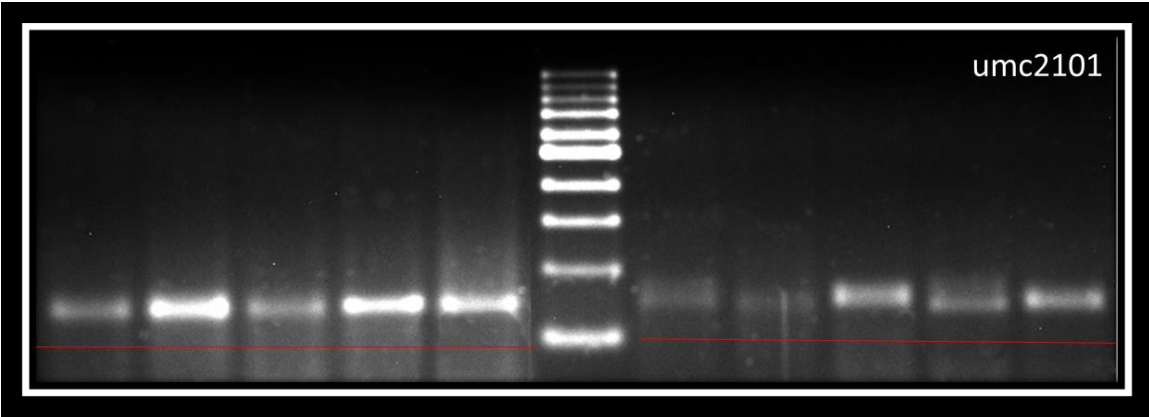


- Zamaninejad, M., Khorasani, S.K., Moeini, M.J., Heidarian, A.R. 2013. Effect of Salicylic Acid on Morphological Characteristics, Yield and Yield Components of Corn (*Zea mays* L.) Under Drought Condition. *Eur. J. Ex. Biol.*, 3(2):153- 161.
- Zhang, J., Guo, J., Liu, Y., Zhang, D., Zhao, Y., Zhu, L., Huang, Y., Zhang, Z., Chen, J. 2016. Genome-Wide Association Study Identifies Genetic Factors for Grain Filling Rate and Grain Drying Rate in Maize. *Euphytica*, 212(2), 201-212.
- Zhang, W., Yang, W., Wang, M., Wang, W., Zeng, G., Chen, Z., Cai, Y. 2013. Increasing Lysine Content of Waxy Maize Through Introgression of opaque-2 and opaque-16 Genes Using Molecular Assisted and Biochemical Development. *PloS one*, 8(2), e56227.
- Zhang, Z., Fu, F., Gou, L., Wang, H., Li, W. 2010. RNA Interference-Based Transgenic Maize Resistant to Maize Dwarf Mosaic Virus. *Journal of Plant Biology*, 53: 297–305.
- Zheng, H., Wang, H., Yang, H., Wu, J., Shi, B., Cai, R., Xu, Y., Wu, A., Luo, L. 2013. Genetic Diversity and Molecular Evolution of Chinese Waxy Maize Germplasm *PLoS ONE* 8 (6): e66606.
- Ziegler, K.E., Ashman, B. 1994. Popcorn. In: *Specialty Corns* (Hallauer AR, ed.). CRC Press, Iowa, 189-223.

## EKLER

EK-1: Bazı SSR primerleri ile taranan bazı yerel cin mısır genotiplerine ait jel görüntüleri





EK-2: Nei 1972' ye göre genetik tanımlama ve genetik mesafe matrisi

Genotip	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	2.1	2.2	2.3	2.4	2.5	3.1	3.2	3.3	3.4	3.5	4.1	4.2	4.3	4.4	4.5	
1.1																					
1.2	0.4055																				
1.3	0.3610	0.4055																			
1.4	0.3830	0.5261	0.3395																		
1.5	0.4055	0.4055	0.3610	0.2194																	
2.1	0.3185	0.4520	0.4055	0.4761	0.4055																
2.2	0.2978	0.4285	0.4285	0.3610	0.4761	0.5261															
2.3	0.5521	0.2776	0.4055	0.3830	0.3610	0.3610	0.3830														
2.4	0.3395	0.4285	0.3395	0.5008	0.5261	0.2978	0.3610	0.3395													
2.5	0.4055	0.6061	0.5008	0.2978	0.5521	0.4520	0.2194	0.4520	0.2978												
3.1	0.3610	0.5008	0.3610	0.4761	0.4055	0.4520	0.3830	0.3610	0.2194	0.3185											
3.2	0.3395	0.3830	0.4285	0.2776	0.3830	0.4285	0.3185	0.2978	0.4520	0.3395	0.4761										
3.3	0.4285	0.4761	0.5261	0.6061	0.5787	0.4285	0.4055	0.3395	0.2384	0.3830	0.2194	0.4055									
3.4	0.4520	0.4520	0.4520	0.4285	0.4520	0.4520	0.4761	0.4055	0.2978	0.4055	0.2776	0.4285	0.3395								
3.5	0.2978	0.5261	0.2194	0.3185	0.4285	0.5261	0.4055	0.4761	0.3610	0.2978	0.2578	0.2776	0.3610	0.3830							
4.1	0.3830	0.5787	0.4761	0.5521	0.5261	0.4285	0.5008	0.5787	0.3610	0.3830	0.3830	0.4520	0.4055	0.4761	0.3610						
4.2	0.2776	0.6061	0.3185	0.4285	0.4520	0.4520	0.4761	0.5521	0.3395	0.4055	0.2776	0.3830	0.3830	0.5008	0.2578	0.2578					
4.3	0.4055	0.5008	0.3610	0.2978	0.4055	0.6633	0.3395	0.5008	0.4761	0.3610	0.4055	0.4285	0.6931	0.3610	0.3395	0.4761	0.3610				
4.4	0.4761	0.3395	0.3830	0.5008	0.4761	0.4761	0.4055	0.2978	0.2776	0.4761	0.3830	0.3610	0.3185	0.3830	0.3610	0.2776	0.3395	0.3830			
4.5	0.5261	0.5261	0.3830	0.4520	0.4285	0.5787	0.4520	0.3830	0.4055	0.4285	0.3395	0.3610	0.4055	0.4285	0.4055	0.3185	0.2578	0.3395	0.3610		
5.1	0.5261	0.4761	0.4761	0.4520	0.4285	0.3830	0.3610	0.2578	0.4520	0.2578	0.4761	0.4055	0.5008	0.5787	0.5521	0.4520	0.5261	0.3830	0.4520	0.3185	
5.2	0.4285	0.5261	0.4761	0.4520	0.4761	0.5261	0.4055	0.3830	0.6061	0.3830	0.3830	0.5008	0.5008	0.6343	0.5008	0.5008	0.5787	0.4761	0.5008	0.5521	
5.3	0.4761	0.3830	0.3395	0.3610	0.3395	0.2978	0.5008	0.3830	0.4055	0.5261	0.5261	0.4520	0.5521	0.6343	0.5008	0.6061	0.5261	0.5787	0.3610	0.5008	
5.4	0.3610	0.4520	0.5008	0.4285	0.5008	0.4055	0.3830	0.3610	0.5261	0.3610	0.5008	0.3830	0.6343	0.6061	0.4761	0.2978	0.4520	0.4520	0.3395	0.4285	
5.5	0.5521	0.6633	0.6633	0.6343	0.6633	0.5008	0.3830	0.5521	0.5261	0.4055	0.5008	0.5787	0.5261	0.4055	0.6343	0.4285	0.5521	0.4520	0.3830	0.3830	
6.1	0.4055	0.5521	0.4055	0.4761	0.3610	0.3610	0.4285	0.3610	0.3395	0.5008	0.2776	0.3395	0.2978	0.2776	0.4285	0.4761	0.4055	0.4520	0.4761	0.2978	
6.2	0.4055	0.4055	0.3610	0.5261	0.5008	0.3610	0.4285	0.5008	0.3395	0.4055	0.3610	0.4285	0.3395	0.3610	0.3830	0.3830	0.5008	0.4055	0.4285	0.3830	
6.3	0.3830	0.4285	0.3395	0.2776	0.3395	0.2978	0.4055	0.3395	0.4520	0.3395	0.5261	0.3185	0.6061	0.5787	0.4520	0.4520	0.4761	0.4285	0.5521	0.2384	
6.4	0.3610	0.5008	0.4055	0.5261	0.4520	0.4520	0.4761	0.5521	0.5261	0.4520	0.3610	0.3395	0.3830	0.4520	0.2194	0.2578	0.2007	0.4520	0.3395	0.2978	
6.5	0.4055	0.5008	0.3610	0.4285	0.4055	0.4520	0.4285	0.4055	0.4761	0.2776	0.4055	0.4285	0.5787	0.5008	0.3830	0.4285	0.3610	0.3610	0.5261	0.2578	
7.1	0.4761	0.3830	0.4761	0.4055	0.3830	0.3395	0.4520	0.4285	0.5521	0.5261	0.5787	0.5008	0.6061	0.2578	0.7885	0.6061	0.6343	0.4285	0.4520	0.4520	
7.2	0.3830	0.5261	0.6343	0.4520	0.5787	0.4761	0.4055	0.5787	0.5008	0.2978	0.4761	0.4055	0.4520	0.4761	0.5008	0.3185	0.3830	0.4761	0.4520	0.4055	
7.3	0.3395	0.4761	0.3395	0.3610	0.4285	0.4761	0.3610	0.4285	0.3610	0.3395	0.4285	0.3610	0.5521	0.3395	0.3185	0.2776	0.3395	0.3395	0.2384	0.3185	
7.4	0.4055	0.6633	0.4520	0.5261	0.5521	0.5008	0.4285	0.4055	0.3830	0.3610	0.3610	0.3830	0.3830	0.5521	0.3830	0.2194	0.3610	0.5008	0.3395	0.3830	
7.5	0.4761	0.5261	0.3830	0.4055	0.4285	0.4761	0.5008	0.3830	0.5008	0.5787	0.5261	0.4055	0.4520	0.4285	0.5521	0.4055	0.3830	0.5787	0.4520	0.4055	

EK-2 Devami

Genotip	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	2.1	2.2	2.3	2.4	2.5	3.1	3.2	3.3	3.4	3.5	4.1	4.2	4.3	4.4	4.5
8.1	0.4055	0.5521	0.5008	0.2978	0.4520	0.5008	0.3395	0.4055	0.5261	0.4055	0.5521	0.3830	0.5261	0.5008	0.5787	0.3830	0.4055	0.4055	0.3395	0.3830
8.2	0.5787	0.4285	0.3830	0.3610	0.4285	0.5261	0.4055	0.2194	0.4520	0.4285	0.4761	0.3610	0.4520	0.3830	0.5521	0.5008	0.4761	0.3830	0.3185	0.2384
8.3	0.5261	0.3830	0.5261	0.3610	0.3830	0.4285	0.4520	0.3395	0.5008	0.4285	0.5787	0.2776	0.6061	0.4761	0.5521	0.6633	0.4761	0.5787	0.5008	0.3610
8.4	0.4285	0.3830	0.4285	0.4520	0.3830	0.3395	0.5521	0.4761	0.5521	0.5261	0.6931	0.3610	0.5008	0.5261	0.5521	0.5521	0.4285	0.5787	0.4520	0.5008
8.5	0.4520	0.6061	0.4520	0.3395	0.4055	0.5008	0.4285	0.6061	0.4285	0.5008	0.5521	0.3830	0.6343	0.5008	0.5261	0.4761	0.3185	0.4055	0.3395	0.4285
9.1	0.5787	0.3395	0.4285	0.3610	0.4285	0.5261	0.4055	0.3395	0.5008	0.3830	0.4285	0.4520	0.5521	0.5787	0.6061	0.5521	0.4761	0.4761	0.5008	0.2776
9.2	0.4285	0.4285	0.5261	0.5008	0.4761	0.3830	0.6061	0.3395	0.5008	0.4285	0.5261	0.3185	0.3610	0.5261	0.4520	0.5521	0.4285	0.6343	0.4055	0.4055
9.3	0.5008	0.4055	0.5008	0.2578	0.2776	0.4055	0.4761	0.3610	0.5261	0.3610	0.6061	0.2978	0.5261	0.4520	0.4761	0.5787	0.4520	0.5008	0.5261	0.2978
9.4	0.3395	0.4285	0.3830	0.5008	0.4761	0.3395	0.4520	0.5261	0.3610	0.3830	0.4285	0.3185	0.3610	0.3395	0.4055	0.4520	0.3830	0.5261	0.5008	0.3185
9.5	0.4520	0.4055	0.5521	0.5261	0.4520	0.3185	0.4761	0.4055	0.4285	0.4520	0.6061	0.2978	0.4285	0.6061	0.6343	0.5787	0.5521	0.5008	0.4761	0.4285
10.1	0.4520	0.5521	0.5521	0.3395	0.5521	0.5521	0.4761	0.6633	0.3830	0.3610	0.5521	0.4285	0.4285	0.4055	0.5261	0.4761	0.4520	0.5008	0.4761	0.4761
10.2	0.6343	0.3830	0.5787	0.5521	0.5261	0.3830	0.5521	0.3830	0.5521	0.4761	0.5261	0.4055	0.5008	0.5787	0.6633	0.6061	0.5261	0.7557	0.6061	0.5008
10.3	0.5261	0.4285	0.4761	0.5008	0.4761	0.3395	0.6061	0.2978	0.5008	0.5787	0.6343	0.4055	0.4520	0.5787	0.6061	0.6061	0.5261	0.6343	0.4055	0.5521
10.4	0.3830	0.3395	0.4761	0.4055	0.3830	0.4285	0.4520	0.4285	0.5521	0.5261	0.5787	0.2007	0.5008	0.5261	0.5521	0.4520	0.3830	0.4761	0.4520	0.4520
10.5	0.3610	0.4055	0.4055	0.5261	0.3185	0.4055	0.3830	0.4055	0.3395	0.4520	0.3610	0.2194	0.3395	0.3610	0.3830	0.3830	0.4520	0.5521	0.3830	0.2978
11.1	0.4055	0.3610	0.4520	0.3395	0.3610	0.2776	0.3395	0.2007	0.4285	0.3610	0.3610	0.2578	0.4285	0.4055	0.4761	0.4761	0.5008	0.5521	0.3395	0.3395
11.2	0.4520	0.4520	0.4520	0.3395	0.3185	0.4520	0.4285	0.5008	0.5261	0.5008	0.6061	0.4285	0.5261	0.4055	0.5787	0.5261	0.5521	0.6061	0.4285	0.4761
11.3	0.5261	0.3830	0.6343	0.5521	0.4285	0.4285	0.4055	0.3830	0.5008	0.4761	0.4285	0.3610	0.4520	0.4285	0.6061	0.4520	0.6343	0.5261	0.4055	0.5008
11.4	0.4055	0.4055	0.6633	0.5261	0.4055	0.3610	0.3395	0.4055	0.3830	0.5008	0.5008	0.5261	0.4285	0.4520	0.6931	0.5261	0.5521	0.6061	0.3830	0.4285
11.5	0.7557	0.4761	0.5261	0.6061	0.5787	0.3830	0.5521	0.3395	0.4520	0.4761	0.5261	0.5521	0.4055	0.4761	0.7239	0.7239	0.7557	0.6931	0.5008	0.6633
12.1	0.4520	0.3610	0.5521	0.4761	0.4055	0.4520	0.4285	0.4055	0.4285	0.4055	0.4520	0.2978	0.4285	0.5008	0.5787	0.3830	0.6061	0.5521	0.4285	0.3395
12.2	0.4761	0.5261	0.5261	0.6633	0.5261	0.4761	0.2776	0.3395	0.3185	0.4285	0.3830	0.5008	0.2007	0.4285	0.5008	0.5008	0.5787	0.6343	0.4055	0.5008
12.3	0.2578	0.3830	0.5787	0.4520	0.4285	0.4285	0.4055	0.4285	0.2776	0.4285	0.4285	0.2776	0.2776	0.3830	0.3610	0.3610	0.4285	0.6343	0.3185	0.5008
12.4	0.2776	0.5008	0.4520	0.3830	0.4055	0.4520	0.5261	0.4520	0.3830	0.5008	0.5008	0.3395	0.4761	0.4055	0.4761	0.4761	0.4520	0.5521	0.5261	0.4285
12.5	0.2578	0.3830	0.4761	0.4520	0.5261	0.4761	0.4055	0.3830	0.3610	0.3830	0.3830	0.2776	0.3610	0.4761	0.3185	0.5008	0.3830	0.4761	0.5008	0.5008
13.1	0.4520	0.6633	0.5008	0.2578	0.4520	0.5521	0.4285	0.5008	0.5261	0.3185	0.5521	0.4761	0.6343	0.5008	0.4285	0.4761	0.4055	0.5008	0.5261	0.4761
13.2	0.4055	0.5008	0.6061	0.3395	0.3610	0.5521	0.4761	0.5521	0.4761	0.5521	0.5008	0.4285	0.3395	0.2776	0.5261	0.6343	0.5521	0.4520	0.4761	0.4761
13.3	0.2978	0.5261	0.3830	0.4520	0.4761	0.5261	0.2384	0.5261	0.4055	0.3830	0.4761	0.3185	0.4055	0.4285	0.3610	0.4520	0.3395	0.3395	0.4520	0.3610
13.4	0.5521	0.4520	0.4055	0.4285	0.5008	0.4055	0.4761	0.2776	0.4285	0.3610	0.4055	0.3395	0.3830	0.3185	0.5261	0.4761	0.4055	0.4520	0.4285	0.2578
13.5	0.4055	0.4520	0.3610	0.3830	0.3185	0.4055	0.4285	0.3185	0.4285	0.5521	0.4055	0.3395	0.3395	0.3185	0.3830	0.3830	0.3185	0.5521	0.3830	0.2578
14.1	0.4055	0.4520	0.4055	0.4285	0.4520	0.5008	0.4761	0.5521	0.3395	0.3610	0.3185	0.3830	0.3395	0.2384	0.3395	0.3830	0.3610	0.4055	0.3395	0.3830
14.2	0.4520	0.6061	0.6061	0.6343	0.5521	0.6061	0.3395	0.6061	0.4761	0.4055	0.3610	0.4761	0.3395	0.4520	0.4761	0.2978	0.4055	0.5008	0.4285	0.5261
14.3	0.5008	0.4520	0.4520	0.4761	0.5008	0.4055	0.4761	0.3610	0.4285	0.4055	0.4055	0.4761	0.3395	0.3185	0.4761	0.3395	0.4520	0.5008	0.2978	0.4761
14.4	0.4520	0.2776	0.4055	0.4761	0.3185	0.3610	0.4285	0.2384	0.5261	0.5521	0.4055	0.3830	0.5261	0.5521	0.6343	0.4761	0.5008	0.5521	0.4285	0.3395
14.5	0.4285	0.4285	0.5261	0.6061	0.3830	0.3395	0.4520	0.4285	0.3610	0.5261	0.3395	0.3610	0.3185	0.3830	0.4520	0.3185	0.4285	0.5787	0.3185	0.3610

EK-2 Devami

Genotip	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	2.1	2.2	2.3	2.4	2.5	3.1	3.2	3.3	3.4	3.5	4.1	4.2	4.3	4.4	4.5
15.1	0.5787	0.5787	0.5261	0.4520	0.5787	0.5787	0.5008	0.6343	0.6061	0.4761	0.4285	0.4520	0.4055	0.4285	0.3185	0.5521	0.5261	0.6343	0.5521	0.5521
15.2	0.5261	0.5261	0.5261	0.5008	0.4761	0.7557	0.7885	0.6343	0.6633	0.5787	0.4761	0.5521	0.5521	0.5787	0.3610	0.6061	0.3830	0.4285	0.5521	0.5521
15.3	0.5261	0.7557	0.4761	0.6061	0.5261	0.6343	0.6061	0.6931	0.6061	0.6343	0.3830	0.5008	0.5008	0.6343	0.4055	0.3610	0.2578	0.5261	0.4520	0.3610
15.4	0.6931	0.5787	0.5261	0.5521	0.6343	0.6343	0.6061	0.4761	0.6633	0.4761	0.4761	0.5521	0.4520	0.7557	0.4520	0.5521	0.5787	0.7557	0.6633	0.5521
15.5	0.6343	0.5787	0.3830	0.6061	0.5261	0.4761	0.4520	0.4761	0.5521	0.4761	0.4761	0.5008	0.4520	0.5787	0.4520	0.5008	0.5787	0.7557	0.4520	0.5008
16.1	0.3830	0.4761	0.4761	0.4520	0.3830	0.4285	0.6061	0.3830	0.4055	0.4761	0.3830	0.2776	0.4055	0.3830	0.4055	0.3610	0.4285	0.5787	0.5521	0.3185
16.2	0.4055	0.5521	0.4520	0.4761	0.6061	0.4520	0.4285	0.5521	0.2578	0.4520	0.3610	0.4285	0.2578	0.3185	0.4761	0.5261	0.5008	0.5521	0.5261	0.3830
16.3	0.3830	0.4761	0.4285	0.5521	0.4761	0.6343	0.3610	0.3830	0.4055	0.4285	0.2578	0.4055	0.3610	0.2578	0.3185	0.4055	0.4285	0.3395	0.4055	0.3185
16.4	0.4055	0.5008	0.5521	0.3830	0.4520	0.4055	0.3395	0.3610	0.2978	0.3610	0.3610	0.2194	0.2978	0.2776	0.3830	0.3830	0.4055	0.5521	0.3830	0.3395
16.5	0.5261	0.4761	0.5261	0.5521	0.4761	0.4761	0.3185	0.2578	0.4055	0.4761	0.4761	0.5008	0.4055	0.4285	0.6061	0.5008	0.7557	0.5787	0.4520	0.4520
17.1	0.4761	0.3830	0.3830	0.4520	0.3395	0.3830	0.5008	0.3395	0.4055	0.6931	0.5261	0.4520	0.5008	0.4761	0.6061	0.6633	0.5787	0.5787	0.4520	0.6633
17.2	0.4285	0.5261	0.4761	0.3610	0.3830	0.3830	0.4520	0.4761	0.5521	0.4285	0.5787	0.3185	0.3610	0.5261	0.4520	0.5521	0.5261	0.6931	0.4520	0.5008
17.3	0.2978	0.3830	0.2978	0.2776	0.3830	0.4761	0.3185	0.3395	0.5008	0.4285	0.4285	0.2384	0.4055	0.5787	0.2776	0.5521	0.3830	0.6343	0.4055	0.4055
17.4	0.4520	0.5008	0.5008	0.5261	0.4055	0.5008	0.5787	0.5008	0.4285	0.6633	0.4520	0.4761	0.4761	0.4055	0.5787	0.4285	0.4520	0.5008	0.4761	0.4761
17.5	0.3395	0.3830	0.5261	0.4055	0.3830	0.4761	0.3610	0.3830	0.4055	0.4285	0.4285	0.3610	0.2776	0.6343	0.4055	0.3610	0.3830	0.6931	0.4055	0.4520
18.1	0.4055	0.5008	0.5008	0.4285	0.3610	0.4055	0.3395	0.4055	0.4761	0.4055	0.5008	0.4285	0.4285	0.5008	0.5787	0.4285	0.5521	0.6633	0.4285	0.4761
18.2	0.3610	0.4520	0.5008	0.2978	0.3610	0.5008	0.3395	0.4520	0.3395	0.2384	0.2384	0.3830	0.3395	0.3185	0.2578	0.2978	0.4055	0.4055	0.3395	0.5261
18.3	0.2194	0.5261	0.4761	0.4520	0.5261	0.3395	0.3185	0.4761	0.5008	0.4761	0.5261	0.4055	0.5521	0.6343	0.5008	0.4520	0.3830	0.6343	0.6633	0.4055
18.4	0.2978	0.2978	0.3395	0.4055	0.3395	0.3830	0.5008	0.3395	0.6061	0.6343	0.5787	0.3185	0.5521	0.5787	0.5521	0.6633	0.4285	0.5261	0.5008	0.4520
18.5	0.1823	0.4285	0.3395	0.3185	0.4761	0.4285	0.3610	0.4285	0.3610	0.4761	0.3830	0.2776	0.3610	0.3830	0.3610	0.5008	0.3395	0.5261	0.4520	0.4520
19.1	0.2384	0.4520	0.3610	0.4285	0.2776	0.4055	0.3830	0.3610	0.2978	0.4520	0.2776	0.3395	0.4285	0.2776	0.3830	0.3395	0.2776	0.2384	0.3395	0.2978
19.2	0.3610	0.4520	0.6061	0.3830	0.4055	0.5008	0.3830	0.4520	0.3395	0.3185	0.4520	0.3830	0.5787	0.4055	0.5261	0.3830	0.4055	0.4055	0.5261	0.2978
19.3	0.4520	0.5008	0.4520	0.5787	0.5521	0.4520	0.4761	0.4055	0.3830	0.4055	0.5008	0.3395	0.4761	0.5008	0.4285	0.3830	0.3610	0.4055	0.4761	0.3395
19.4	0.2776	0.4055	0.3610	0.4761	0.4520	0.3610	0.3830	0.3610	0.3830	0.4520	0.4520	0.3830	0.3830	0.2776	0.4285	0.2978	0.3610	0.4055	0.2578	0.3830
19.5	0.3610	0.4520	0.5521	0.5261	0.3610	0.6061	0.2978	0.4520	0.3395	0.4055	0.2776	0.4761	0.3830	0.4520	0.4761	0.3830	0.4055	0.4055	0.3395	0.3830
20.1	0.4055	0.4055	0.6633	0.4761	0.4055	0.5521	0.3830	0.4520	0.4761	0.3610	0.2776	0.4285	0.2978	0.3185	0.4761	0.5261	0.6061	0.5521	0.5261	0.4285
20.2	0.3610	0.4055	0.5008	0.3395	0.3610	0.4520	0.4761	0.4520	0.3395	0.2776	0.3185	0.2578	0.3830	0.3610	0.3395	0.4761	0.4055	0.3185	0.3830	0.4761
20.3	0.4285	0.4285	0.6343	0.4055	0.3395	0.5787	0.4520	0.4285	0.4520	0.3395	0.3395	0.4055	0.3610	0.4761	0.4520	0.5521	0.5261	0.4285	0.5008	0.4055
20.4	0.4055	0.5521	0.6061	0.2978	0.4055	0.5521	0.3395	0.5008	0.3395	0.3185	0.3185	0.3830	0.3830	0.2384	0.4761	0.3830	0.4520	0.3610	0.3830	0.3830
20.5	0.5261	0.4285	0.5787	0.6061	0.3830	0.3395	0.5521	0.3830	0.3610	0.4761	0.3830	0.4055	0.3610	0.5261	0.5521	0.5521	0.4761	0.6343	0.4055	0.4055
21.1	0.3395	0.5261	0.5787	0.4055	0.4761	0.4285	0.4055	0.4285	0.3610	0.4285	0.4285	0.2776	0.3610	0.3395	0.4520	0.4055	0.4761	0.5261	0.5521	0.4055
21.2	0.3395	0.5261	0.6343	0.4055	0.3830	0.4285	0.4520	0.4761	0.3610	0.4285	0.4761	0.3185	0.4055	0.3830	0.4520	0.4520	0.5261	0.5787	0.4520	0.5008
21.3	0.2578	0.4761	0.6343	0.5521	0.4761	0.4761	0.3610	0.5261	0.3185	0.3395	0.2578	0.3610	0.3610	0.3830	0.4055	0.3610	0.3830	0.5261	0.5008	0.3610
21.4	0.3610	0.4520	0.5521	0.4761	0.5008	0.4055	0.4285	0.5008	0.4285	0.4055	0.5008	0.2978	0.4761	0.3185	0.4285	0.4761	0.4055	0.5008	0.4285	0.3395
21.5	0.3830	0.4285	0.4285	0.4520	0.4761	0.4285	0.4055	0.3830	0.2776	0.4285	0.4761	0.3185	0.4055	0.4285	0.4055	0.4520	0.5787	0.5261	0.4055	0.5008

EK-2 Devami

Genotip	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	2.1	2.2	2.3	2.4	2.5	3.1	3.2	3.3	3.4	3.5	4.1	4.2	4.3	4.4	4.5
22.1	0.3610	0.3610	0.3185	0.3830	0.5008	0.4520	0.2978	0.2776	0.2578	0.3185	0.4520	0.3395	0.4285	0.3610	0.3395	0.4761	0.5008	0.5008	0.3395	0.5261
22.2	0.4055	0.4520	0.3610	0.5261	0.6061	0.5521	0.4285	0.5008	0.3395	0.4055	0.5008	0.3830	0.4761	0.4055	0.2978	0.5787	0.3610	0.3610	0.2978	0.4761
22.3	0.3185	0.6061	0.4055	0.4285	0.4520	0.5008	0.5261	0.5521	0.3830	0.4520	0.3610	0.5261	0.4285	0.3185	0.4285	0.5261	0.3610	0.5008	0.5261	0.4285
22.4	0.3610	0.4520	0.4520	0.5261	0.5008	0.4520	0.2978	0.2384	0.4285	0.4055	0.3610	0.4285	0.4285	0.4520	0.5261	0.6343	0.4055	0.4055	0.4761	0.3395
22.5	0.3185	0.4520	0.4520	0.3395	0.4520	0.5008	0.3395	0.3185	0.4761	0.4520	0.4520	0.2978	0.4761	0.4055	0.4285	0.6343	0.4055	0.5008	0.4761	0.3395
23.1	0.5261	0.5261	0.6343	0.6633	0.5787	0.5261	0.4055	0.4761	0.3185	0.3830	0.4285	0.5008	0.5521	0.4761	0.5521	0.4055	0.4285	0.4761	0.3610	0.4055
23.2	0.3610	0.4520	0.4520	0.4285	0.5008	0.4520	0.2978	0.4520	0.3395	0.3610	0.4055	0.3395	0.4285	0.3610	0.4285	0.6343	0.4520	0.4520	0.3830	0.4285
23.3	0.4285	0.5787	0.6343	0.4520	0.6343	0.5787	0.5521	0.5787	0.4520	0.4761	0.4285	0.5008	0.5008	0.3830	0.5521	0.6061	0.5261	0.5261	0.5521	0.4055
23.4	0.2776	0.4520	0.4055	0.4761	0.4055	0.2776	0.4761	0.4055	0.3395	0.4520	0.4055	0.5261	0.5787	0.4055	0.5261	0.4761	0.5008	0.5008	0.5261	0.4285
23.5	0.3395	0.4761	0.4761	0.4055	0.6343	0.5787	0.3185	0.5261	0.4055	0.4285	0.5261	0.3610	0.4055	0.4761	0.4055	0.6061	0.4761	0.5261	0.4055	0.4055
24.1	0.3185	0.5008	0.5521	0.3830	0.4055	0.4055	0.4761	0.4055	0.2578	0.3610	0.3185	0.3830	0.3830	0.2776	0.3830	0.4285	0.5521	0.5008	0.5261	0.4761
24.2	0.3610	0.5521	0.5521	0.3830	0.4520	0.4520	0.3830	0.4055	0.3395	0.3610	0.3610	0.3395	0.4761	0.4055	0.4761	0.4285	0.4055	0.5008	0.4285	0.3830
24.3	0.2978	0.4285	0.5261	0.4520	0.5261	0.4285	0.4520	0.3830	0.2776	0.4285	0.3395	0.3610	0.3185	0.3395	0.5008	0.4520	0.4285	0.5787	0.4055	0.4055
24.4	0.3610	0.5521	0.6061	0.5787	0.5008	0.4055	0.4285	0.5008	0.4761	0.5008	0.4520	0.4285	0.4285	0.4520	0.6343	0.5787	0.4055	0.6633	0.6343	0.3830
24.5	0.4055	0.4520	0.4520	0.4761	0.4520	0.5008	0.4761	0.4055	0.4761	0.5521	0.4055	0.2578	0.4761	0.5008	0.3830	0.4761	0.4055	0.5521	0.3830	0.4285
25.1	0.4761	0.5261	0.5787	0.5521	0.4761	0.6343	0.5008	0.4761	0.6061	0.7557	0.6343	0.5008	0.5521	0.5787	0.7239	0.5521	0.5261	0.6343	0.4520	0.4520
25.2	0.4520	0.5521	0.6633	0.4761	0.5521	0.5521	0.4761	0.5521	0.4761	0.5008	0.6061	0.3830	0.5787	0.4055	0.6343	0.6343	0.5521	0.5521	0.7239	0.6343
25.3	0.2776	0.6061	0.5521	0.5261	0.5521	0.4055	0.4285	0.5521	0.3830	0.4520	0.4055	0.4285	0.4285	0.4520	0.4761	0.5261	0.4520	0.6633	0.5261	0.5787
25.4	0.5261	0.5261	0.5261	0.4055	0.5261	0.6931	0.4520	0.4285	0.4520	0.5787	0.5787	0.4520	0.6633	0.4761	0.6061	0.5521	0.6931	0.6343	0.5521	0.5008
25.5	0.4761	0.4761	0.6931	0.6633	0.7557	0.6343	0.4055	0.6343	0.5521	0.5261	0.6343	0.5008	0.5521	0.4761	0.6061	0.7885	0.6343	0.6343	0.5521	0.6061
26.1	0.4055	0.4055	0.4520	0.4761	0.5521	0.6061	0.4285	0.4055	0.2194	0.3185	0.2776	0.4761	0.3830	0.2007	0.3395	0.4761	0.4520	0.4055	0.4761	0.3830
26.2	0.4055	0.5521	0.4055	0.3830	0.5008	0.6061	0.5261	0.4520	0.2978	0.4055	0.4055	0.3830	0.4761	0.2384	0.4285	0.5787	0.4055	0.4055	0.4285	0.3830
26.3	0.4761	0.5261	0.4761	0.5521	0.6931	0.6931	0.4055	0.4761	0.2776	0.3830	0.3830	0.5008	0.4055	0.3830	0.3610	0.5008	0.4285	0.5261	0.5521	0.4520
26.4	0.3185	0.5521	0.6633	0.4761	0.5521	0.5008	0.4761	0.4520	0.3395	0.4055	0.3610	0.4761	0.4285	0.4055	0.4761	0.4761	0.5008	0.5521	0.5261	0.5261
26.5	0.4761	0.5787	0.4761	0.4055	0.5261	0.5261	0.5521	0.4761	0.5008	0.5261	0.5787	0.5008	0.6633	0.4285	0.5521	0.7885	0.6343	0.6343	0.7239	0.5521
27.1	0.2776	0.5521	0.4055	0.6343	0.6061	0.4055	0.3395	0.5008	0.3395	0.4520	0.4055	0.5261	0.4285	0.4055	0.4761	0.4761	0.4520	0.6061	0.6343	0.3830
27.2	0.5008	0.5008	0.5521	0.5787	0.6633	0.6061	0.5787	0.4520	0.4285	0.5008	0.5521	0.5787	0.4285	0.5008	0.5787	0.4761	0.5521	0.6633	0.3830	0.5787
27.3	0.2978	0.6343	0.3830	0.4520	0.5787	0.5261	0.5008	0.5787	0.2776	0.3830	0.3830	0.4520	0.4520	0.3395	0.2776	0.3610	0.3830	0.5787	0.5008	0.5521
27.4	0.3395	0.5261	0.4761	0.6061	0.6343	0.5787	0.4055	0.3830	0.3610	0.5261	0.3830	0.3610	0.2007	0.3830	0.4055	0.3610	0.3830	0.5787	0.3610	0.4520
27.5	0.2578	0.5261	0.5787	0.4055	0.4761	0.4285	0.5008	0.4761	0.4520	0.5261	0.4761	0.2384	0.4055	0.2978	0.4520	0.4055	0.3830	0.5261	0.4520	0.5521
28.1	0.3395	0.4761	0.3830	0.3610	0.4761	0.4761	0.4055	0.4761	0.3185	0.3395	0.3395	0.5008	0.4520	0.2578	0.3610	0.4520	0.4285	0.4285	0.5008	0.4055
28.2	0.4055	0.6633	0.4520	0.4761	0.6633	0.4520	0.5261	0.5521	0.3830	0.4055	0.6061	0.5261	0.4761	0.4520	0.5261	0.4761	0.5008	0.7885	0.5787	0.4761
28.3	0.3610	0.7239	0.4055	0.4285	0.5008	0.5521	0.4285	0.5008	0.3830	0.4055	0.4055	0.4761	0.4761	0.4520	0.3830	0.3830	0.3185	0.5521	0.5261	0.3830
28.4	0.3830	0.7557	0.5787	0.4055	0.5787	0.5261	0.4520	0.5261	0.5521	0.3830	0.4761	0.4520	0.6061	0.5787	0.4520	0.5521	0.4285	0.5261	0.6633	0.4520
28.5	0.5521	0.5521	0.5521	0.6931	0.5521	0.4055	0.4761	0.5008	0.2978	0.4520	0.5521	0.4761	0.5787	0.4055	0.5787	0.5261	0.4520	0.5521	0.4761	0.4761

EK-2 Devami

Genotip	1.1	1.2	1.3	1.4	1.5	2.1	2.2	2.3	2.4	2.5	3.1	3.2	3.3	3.4	3.5	4.1	4.2	4.3	4.4	4.5
29.1	0.2978	0.5261	0.3830	0.3185	0.3830	0.3830	0.4520	0.3830	0.3610	0.3830	0.4761	0.4055	0.5521	0.2978	0.4520	0.4520	0.4285	0.4761	0.6633	0.4055
29.2	0.4761	0.4285	0.4285	0.5008	0.5787	0.4761	0.6633	0.3830	0.3610	0.3830	0.4285	0.3610	0.4055	0.3395	0.3610	0.6061	0.5261	0.5787	0.5521	0.4520
29.3	0.4761	0.5261	0.4285	0.4055	0.5261	0.5261	0.5008	0.4761	0.4055	0.4285	0.4285	0.5008	0.3610	0.3830	0.4520	0.5521	0.4761	0.5261	0.5008	0.4055
29.4	0.3830	0.5261	0.5261	0.5521	0.4285	0.5261	0.6061	0.5261	0.2776	0.4761	0.3830	0.5008	0.3610	0.3395	0.4520	0.4055	0.4285	0.4761	0.3185	0.5008
29.5	0.4285	0.5787	0.3395	0.5521	0.4285	0.3830	0.5008	0.3830	0.3185	0.5261	0.4285	0.4055	0.5008	0.3395	0.4520	0.5521	0.5261	0.5261	0.5008	0.4520
30.1	0.2978	0.4761	0.3830	0.4520	0.5261	0.5261	0.4055	0.6343	0.3610	0.4761	0.4285	0.4055	0.3610	0.3395	0.3185	0.5521	0.4285	0.4761	0.5008	0.5008
30.2	0.3395	0.5261	0.6343	0.6633	0.6931	0.5261	0.4055	0.5261	0.3610	0.3395	0.4761	0.4520	0.4055	0.3830	0.5008	0.4520	0.4285	0.4761	0.4055	0.4055
30.3	0.3830	0.5787	0.6343	0.4520	0.5261	0.5261	0.4520	0.3830	0.3185	0.2578	0.3395	0.4055	0.3185	0.2978	0.4055	0.3610	0.4285	0.4761	0.4055	0.3185
30.4	0.3185	0.4520	0.5008	0.5787	0.5008	0.3610	0.4285	0.2776	0.2978	0.4520	0.4520	0.4285	0.2978	0.4520	0.4761	0.5261	0.4055	0.6061	0.3830	0.5787
30.5	0.3830	0.4761	0.4761	0.5008	0.4285	0.4285	0.5008	0.3830	0.4520	0.5261	0.4761	0.5521	0.4520	0.4761	0.5521	0.3610	0.4285	0.5261	0.4055	0.4520
31.1	0.4285	0.4761	0.4761	0.6061	0.5787	0.4285	0.5521	0.5261	0.3185	0.6343	0.5261	0.3610	0.5008	0.4285	0.5521	0.4520	0.3830	0.5261	0.3610	0.4520
31.2	0.2776	0.6061	0.4520	0.6343	0.6061	0.4520	0.5261	0.5008	0.2978	0.4520	0.3185	0.4761	0.2978	0.2776	0.3395	0.4761	0.3185	0.5008	0.4285	0.3830
31.3	0.4055	0.6633	0.5008	0.5787	0.6633	0.4520	0.5261	0.5521	0.2578	0.4520	0.4055	0.3830	0.3395	0.2384	0.4761	0.3830	0.4055	0.6061	0.5261	0.3395
31.4	0.4285	0.5261	0.5261	0.5008	0.5261	0.5787	0.4520	0.4285	0.3610	0.4761	0.3395	0.4520	0.3185	0.2194	0.4055	0.4055	0.4761	0.5261	0.5521	0.3610
31.5	0.2578	0.5261	0.4761	0.5008	0.3830	0.4285	0.4520	0.3830	0.4055	0.5261	0.4285	0.3610	0.5008	0.2978	0.4055	0.3610	0.3830	0.3395	0.3610	0.4055
32.1	0.3395	0.5787	0.5261	0.3185	0.3830	0.5261	0.4520	0.4761	0.6061	0.4761	0.5261	0.3610	0.6061	0.4761	0.4055	0.4520	0.3395	0.4285	0.5521	0.2776
32.2	0.4761	0.5261	0.4761	0.4055	0.4285	0.4285	0.4055	0.3395	0.2776	0.2978	0.4285	0.5008	0.5521	0.3830	0.4520	0.5521	0.5261	0.3830	0.4520	0.4520
32.3	0.3610	0.5008	0.4520	0.4761	0.5008	0.6061	0.4761	0.5008	0.2978	0.3610	0.3610	0.5261	0.3830	0.2776	0.4285	0.4285	0.4520	0.4055	0.4285	0.3830
32.4	0.3830	0.5261	0.4761	0.5008	0.4285	0.3395	0.4055	0.2978	0.3185	0.4285	0.4285	0.4520	0.4520	0.4285	0.6061	0.3610	0.4285	0.5261	0.5008	0.3610
32.5	0.4055	0.7239	0.4520	0.4285	0.5521	0.3610	0.4285	0.4520	0.2978	0.2776	0.4055	0.3395	0.4761	0.5008	0.3830	0.2978	0.2384	0.5521	0.4285	0.2978
33.1	0.3610	0.5008	0.4055	0.3830	0.4055	0.4520	0.4285	0.4055	0.3395	0.3610	0.2776	0.4285	0.5261	0.4520	0.4285	0.2978	0.3185	0.3610	0.2578	0.4285
33.2	0.2578	0.5261	0.3830	0.5008	0.5787	0.5261	0.3610	0.4285	0.4520	0.5787	0.5261	0.4520	0.5008	0.5787	0.5521	0.4520	0.4285	0.4761	0.5008	0.4520
33.3	0.3830	0.5261	0.6343	0.4055	0.4285	0.5787	0.3610	0.3830	0.4520	0.3830	0.4285	0.4055	0.4520	0.3830	0.5521	0.4055	0.4761	0.4761	0.5008	0.4055
33.4	0.3610	0.5008	0.6633	0.4761	0.5008	0.5008	0.3395	0.4520	0.4285	0.4520	0.5521	0.4285	0.5261	0.5521	0.6343	0.4285	0.6061	0.5008	0.3830	0.5787
33.5	0.3610	0.6061	0.5008	0.5261	0.5008	0.4520	0.4285	0.5521	0.3395	0.4520	0.4055	0.4761	0.4285	0.5008	0.4761	0.4761	0.4520	0.6633	0.5261	0.6931
34.1	0.5008	0.5008	0.5008	0.5787	0.5521	0.7239	0.5261	0.5521	0.3830	0.4055	0.4055	0.5261	0.4761	0.4055	0.4285	0.3830	0.4055	0.3610	0.3395	0.4285
34.2	0.4055	0.5521	0.4055	0.4761	0.4055	0.4520	0.5261	0.5008	0.3830	0.5008	0.4055	0.2978	0.4761	0.5521	0.4285	0.4761	0.3610	0.6061	0.4285	0.3395
34.3	0.4055	0.5521	0.7885	0.4761	0.5008	0.5521	0.3830	0.5008	0.4285	0.4055	0.3610	0.3395	0.3830	0.3610	0.5787	0.4761	0.4055	0.4520	0.4285	0.5261
34.4	0.4055	0.5521	0.4520	0.4761	0.4520	0.5521	0.4285	0.4520	0.2978	0.3610	0.2776	0.5787	0.4285	0.3185	0.4761	0.4761	0.4055	0.4055	0.4761	0.4285
34.5	0.4055	0.5008	0.4520	0.5261	0.4520	0.4055	0.5787	0.4520	0.3830	0.6633	0.4055	0.3395	0.4285	0.4520	0.4285	0.5261	0.3610	0.5521	0.3830	0.5261
35.1	0.4761	0.5787	0.5261	0.5521	0.5261	0.5787	0.4520	0.4761	0.4055	0.4761	0.3830	0.4520	0.4055	0.4285	0.5008	0.3610	0.2978	0.4761	0.4055	0.3185
35.2	0.4520	0.4055	0.4520	0.4285	0.5521	0.4520	0.4761	0.5008	0.5261	0.5008	0.5008	0.5261	0.4761	0.6633	0.4285	0.5261	0.5008	0.6061	0.4285	0.6343
35.3	0.4761	0.5787	0.4285	0.5008	0.4285	0.5261	0.6061	0.5261	0.3185	0.5787	0.3395	0.5008	0.4520	0.4761	0.4055	0.4055	0.2578	0.4761	0.2776	0.4520
35.4	0.4285	0.5261	0.4761	0.4520	0.5261	0.6343	0.4520	0.4761	0.5521	0.5787	0.5787	0.4520	0.5521	0.3395	0.6061	0.5521	0.4285	0.4285	0.5008	0.4520
35.5	0.4055	0.4520	0.4055	0.5261	0.5008	0.4520	0.4285	0.5008	0.4761	0.5008	0.6061	0.5261	0.4761	0.5008	0.4761	0.4285	0.5008	0.4520	0.4285	0.5787



EK-2 Devamı

Genotip	5.1	5.2	5.3	5.4	5.5	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	7.1	7.2	7.3	7.4	7.5	8.1	8.2	8.3	8.4	8.5
5.2	0.3185																			
5.3	0.4520	0.4055																		
5.4	0.2978	0.2578	0.4761																	
5.5	0.3830	0.3395	0.4761	0.3185																
6.1	0.4285	0.4285	0.4761	0.6061	0.4520															
6.2	0.3830	0.4761	0.4285	0.4520	0.5008	0.3610														
6.3	0.2007	0.4055	0.2384	0.3395	0.4761	0.3830	0.3830													
6.4	0.4761	0.4761	0.5261	0.3610	0.3610	0.4520	0.4055	0.4285												
6.5	0.2194	0.4285	0.4285	0.3185	0.4520	0.5521	0.4055	0.1823	0.3610											
7.1	0.3610	0.4520	0.4520	0.4285	0.2978	0.3395	0.4761	0.3610	0.5787	0.3830										
7.2	0.3610	0.3610	0.6061	0.2578	0.2194	0.6343	0.4285	0.4055	0.2578	0.3830	0.4055									
7.3	0.4055	0.4055	0.4520	0.2194	0.2978	0.3830	0.3830	0.4055	0.2978	0.3395	0.3185	0.3610								
7.4	0.3830	0.2978	0.5261	0.2007	0.4520	0.3610	0.3610	0.4285	0.3610	0.4055	0.6343	0.3830	0.2578							
7.5	0.5008	0.4055	0.4520	0.3830	0.4761	0.3395	0.4285	0.4520	0.3830	0.4285	0.3610	0.4520	0.3185	0.2194						
8.1	0.2978	0.4285	0.4285	0.3185	0.4055	0.5008	0.5008	0.3395	0.4520	0.5008	0.3395	0.2978	0.3830	0.4055	0.4761					
8.2	0.2776	0.4520	0.4055	0.4285	0.4285	0.4285	0.5787	0.2776	0.5261	0.2978	0.2776	0.4520	0.4055	0.4285	0.3185	0.2978				
8.3	0.3610	0.5008	0.3610	0.3395	0.4761	0.4285	0.5787	0.2776	0.4761	0.2978	0.3185	0.4520	0.3610	0.4285	0.2776	0.4761	0.2776			
8.4	0.3610	0.5521	0.3185	0.5261	0.5787	0.5787	0.3830	0.3610	0.3830	0.3395	0.3610	0.4055	0.4520	0.5787	0.4055	0.3395	0.4520	0.3610		
8.5	0.5261	0.5787	0.3830	0.5521	0.4055	0.4055	0.5521	0.4761	0.4520	0.6061	0.3830	0.4285	0.2978	0.5521	0.4761	0.2776	0.4285	0.3830	0.3395	
9.1	0.2776	0.3610	0.4520	0.3830	0.4761	0.4285	0.5787	0.2776	0.5261	0.3830	0.3185	0.4055	0.4520	0.5261	0.5008	0.2978	0.2384	0.2776	0.4055	0.3830
9.2	0.3185	0.4520	0.4055	0.4285	0.5787	0.4761	0.5261	0.4055	0.4285	0.3395	0.4055	0.4055	0.4055	0.4761	0.4520	0.3830	0.3185	0.3185	0.2776	0.5787
9.3	0.2978	0.5787	0.3830	0.4520	0.5521	0.4055	0.6061	0.2194	0.4055	0.3185	0.2978	0.4285	0.3830	0.5521	0.3830	0.3610	0.2194	0.1466	0.2978	0.3610
9.4	0.4055	0.4520	0.4055	0.5261	0.4285	0.2978	0.2978	0.2776	0.2578	0.4285	0.4055	0.3610	0.4055	0.4285	0.3610	0.5261	0.4520	0.3610	0.3185	0.4285
9.5	0.2978	0.4761	0.3830	0.5521	0.5008	0.4055	0.3185	0.2978	0.5008	0.4520	0.4285	0.4761	0.5787	0.5008	0.4761	0.5008	0.4285	0.3830	0.3395	0.4520
10.1	0.5261	0.5787	0.3830	0.6633	0.4520	0.4055	0.4520	0.4285	0.6061	0.7239	0.4285	0.3830	0.4285	0.5521	0.5261	0.2776	0.4761	0.4761	0.4761	0.2776
10.2	0.4055	0.5008	0.3610	0.5261	0.4761	0.5261	0.6343	0.4055	0.4761	0.3830	0.4055	0.4055	0.5521	0.6343	0.4520	0.5261	0.4055	0.2776	0.3185	0.5261
10.3	0.4055	0.4055	0.2384	0.5787	0.5787	0.4285	0.5787	0.4055	0.6343	0.5261	0.4520	0.6633	0.5008	0.5261	0.4055	0.5261	0.3610	0.3610	0.4055	0.5261
10.4	0.4520	0.4520	0.4055	0.5261	0.5787	0.3395	0.4285	0.3610	0.4285	0.5787	0.4055	0.4520	0.4520	0.4285	0.3610	0.3830	0.4055	0.3610	0.4055	0.3395
10.5	0.4285	0.5787	0.4761	0.5521	0.5008	0.2384	0.4520	0.3830	0.4055	0.4285	0.5261	0.3830	0.3830	0.4520	0.4285	0.6061	0.3830	0.3395	0.5261	0.5008
11.1	0.2978	0.3830	0.2578	0.2776	0.3610	0.3185	0.5008	0.2194	0.4520	0.3185	0.2578	0.3830	0.3395	0.4055	0.3830	0.3185	0.2194	0.2194	0.4761	0.4520
11.2	0.4285	0.6343	0.4285	0.5008	0.4520	0.5008	0.5521	0.3830	0.4520	0.5008	0.2978	0.3830	0.3395	0.6061	0.4285	0.3610	0.4285	0.3395	0.3395	0.3610
11.3	0.4055	0.4055	0.5008	0.4285	0.3830	0.3830	0.4761	0.4520	0.4761	0.5261	0.3610	0.3610	0.4520	0.4761	0.5521	0.4761	0.5521	0.4055	0.5008	0.4761
11.4	0.4761	0.6343	0.3395	0.4520	0.3610	0.4520	0.5008	0.4285	0.5008	0.4055	0.2978	0.4285	0.3395	0.5521	0.4285	0.4520	0.4285	0.3395	0.4761	0.4520
11.5	0.3610	0.5008	0.3610	0.6343	0.5787	0.5261	0.4761	0.4520	0.7557	0.4761	0.4055	0.5521	0.6633	0.6343	0.6061	0.5261	0.4520	0.5008	0.3610	0.5787
12.1	0.2978	0.4285	0.4761	0.4520	0.4520	0.4055	0.4055	0.2578	0.5008	0.4520	0.3830	0.3830	0.4761	0.4520	0.5787	0.4055	0.3830	0.4285	0.5787	0.5008

EK-2 Devamı

Genotip	5.1	5.2	5.3	5.4	5.5	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	7.1	7.2	7.3	7.4	7.5	8.1	8.2	8.3	8.4	8.5
12.2	0.4055	0.5008	0.6061	0.5787	0.5261	0.3395	0.4285	0.5521	0.5787	0.4761	0.5008	0.6061	0.5008	0.4761	0.5521	0.5787	0.5008	0.6061	0.6061	0.6931
12.3	0.5521	0.5521	0.5521	0.4761	0.5787	0.4285	0.4761	0.5008	0.3830	0.5787	0.5008	0.3610	0.3610	0.4761	0.5521	0.4285	0.6061	0.5521	0.4520	0.4761
12.4	0.4761	0.4761	0.5261	0.4055	0.4520	0.3185	0.5008	0.3395	0.5521	0.4520	0.3830	0.4761	0.3395	0.4055	0.3830	0.5008	0.4761	0.3395	0.5261	0.4520
12.5	0.4520	0.5008	0.6633	0.4285	0.6343	0.4761	0.5261	0.4520	0.4285	0.4285	0.5521	0.3610	0.4520	0.5261	0.6633	0.4285	0.5521	0.5008	0.4520	0.4761
13.1	0.4285	0.4761	0.5261	0.3185	0.4520	0.6633	0.6633	0.4285	0.4520	0.4055	0.4761	0.2978	0.3395	0.4055	0.3830	0.3185	0.3395	0.2978	0.3830	0.3185
13.2	0.6931	0.5787	0.5261	0.7885	0.5521	0.3610	0.3610	0.5787	0.5521	0.6061	0.3395	0.5261	0.5261	0.7239	0.4761	0.4520	0.4761	0.5787	0.4285	0.4520
13.3	0.4520	0.5008	0.5521	0.6343	0.3830	0.3830	0.4285	0.4055	0.3395	0.3830	0.5008	0.4520	0.3610	0.5787	0.5008	0.5261	0.5008	0.5008	0.3610	0.3395
13.4	0.2978	0.4761	0.4761	0.4055	0.4520	0.3610	0.4520	0.3395	0.4520	0.3610	0.3395	0.3395	0.4285	0.4055	0.3830	0.2776	0.1823	0.3395	0.3395	0.4520
13.5	0.4761	0.6343	0.6343	0.4520	0.6061	0.3610	0.5521	0.4285	0.3185	0.4520	0.3830	0.4285	0.3830	0.5008	0.3830	0.3610	0.2978	0.3830	0.3830	0.4520
14.1	0.4285	0.5261	0.5787	0.4520	0.4055	0.4055	0.3185	0.5261	0.2776	0.4055	0.3395	0.2978	0.2578	0.4055	0.3395	0.4520	0.3830	0.4285	0.3830	0.4055
14.2	0.5261	0.4761	0.7557	0.6061	0.3610	0.4520	0.5521	0.7557	0.3610	0.6633	0.5787	0.3395	0.4761	0.5008	0.5787	0.4520	0.6343	0.8938	0.5787	0.5008
14.3	0.3830	0.3830	0.6343	0.2384	0.4055	0.4520	0.4520	0.5261	0.3185	0.5008	0.3395	0.2578	0.3395	0.2776	0.2978	0.3185	0.3830	0.4285	0.4761	0.5521
14.4	0.2978	0.3395	0.4285	0.3185	0.5008	0.3185	0.5521	0.2978	0.4520	0.3610	0.2578	0.4761	0.3830	0.4520	0.3830	0.4055	0.3395	0.3395	0.4285	0.5008
14.5	0.5008	0.6061	0.6061	0.3395	0.3395	0.3830	0.3830	0.5008	0.2978	0.5261	0.4520	0.2776	0.4055	0.3395	0.4520	0.4761	0.5008	0.4055	0.4520	0.4761
15.1	0.7239	0.5008	0.4520	0.6931	0.4761	0.4285	0.4285	0.5521	0.3830	0.5787	0.6061	0.4520	0.5521	0.5261	0.5008	0.6343	0.7239	0.5008	0.4520	0.5261
15.2	0.6633	0.5008	0.6061	0.6343	0.7557	0.4761	0.6343	0.6061	0.4285	0.5787	0.7239	0.5521	0.5521	0.4285	0.5521	0.6343	0.6061	0.5008	0.5521	0.5787
15.3	0.6061	0.5008	0.5521	0.5261	0.4761	0.3830	0.5261	0.5521	0.2978	0.5787	0.7239	0.4055	0.5008	0.2978	0.4520	0.4285	0.5521	0.5008	0.6061	0.4285
15.4	0.5008	0.3610	0.5521	0.5787	0.6931	0.5787	0.6931	0.5008	0.5787	0.5261	0.7885	0.5521	0.7239	0.5261	0.7239	0.5261	0.6061	0.5521	0.5521	0.7557
15.5	0.5008	0.4520	0.4055	0.4761	0.3830	0.3830	0.5787	0.4520	0.5261	0.4761	0.5008	0.5521	0.5008	0.4285	0.5008	0.5261	0.4520	0.4055	0.6061	0.5787
16.1	0.5008	0.6061	0.7239	0.5261	0.6931	0.3395	0.4761	0.4055	0.4761	0.4761	0.5521	0.5008	0.4520	0.4285	0.5008	0.5787	0.4520	0.4520	0.6061	0.6343
16.2	0.5787	0.7557	0.6343	0.7239	0.6061	0.3185	0.3185	0.5261	0.6061	0.6633	0.4761	0.4761	0.5261	0.6061	0.5787	0.4520	0.5261	0.6343	0.5261	0.4520
16.3	0.4520	0.5008	0.7885	0.4761	0.4285	0.3395	0.3395	0.5008	0.3830	0.4285	0.5008	0.4520	0.3610	0.4285	0.6061	0.4761	0.4520	0.6061	0.7239	0.5787
16.4	0.5261	0.5787	0.5261	0.5008	0.4520	0.2384	0.5008	0.4285	0.4520	0.6061	0.4285	0.3830	0.3830	0.4520	0.5261	0.3185	0.4285	0.3830	0.4761	0.3185
16.5	0.4055	0.3185	0.4520	0.3830	0.3395	0.3395	0.5261	0.4055	0.5787	0.4761	0.4055	0.4520	0.4055	0.2978	0.3185	0.4761	0.3610	0.4055	0.5521	0.6343
17.1	0.6061	0.6061	0.3610	0.6931	0.7557	0.4285	0.5261	0.5521	0.7557	0.6931	0.4520	0.7239	0.6061	0.6931	0.5521	0.4285	0.5008	0.6061	0.3610	0.4285
17.2	0.4055	0.5008	0.3185	0.5261	0.5787	0.4285	0.4761	0.4055	0.4761	0.5261	0.4055	0.4520	0.5008	0.5261	0.4520	0.2978	0.3610	0.4055	0.2776	0.4285
17.3	0.5008	0.4055	0.3185	0.4285	0.5787	0.4285	0.5787	0.3185	0.3830	0.4285	0.5008	0.5008	0.3610	0.4761	0.4520	0.3395	0.3610	0.3185	0.4055	0.4285
17.4	0.6931	0.5787	0.5261	0.7239	0.6061	0.2776	0.5521	0.5787	0.5521	0.7239	0.4761	0.6343	0.4761	0.5008	0.4285	0.5008	0.5261	0.6343	0.5261	0.3610
17.5	0.5008	0.5521	0.4520	0.4285	0.6931	0.5261	0.5787	0.4055	0.3830	0.4285	0.6061	0.4520	0.4520	0.3830	0.4055	0.3830	0.4520	0.4055	0.4055	0.5787
18.1	0.3830	0.3395	0.4285	0.3185	0.3185	0.4055	0.5521	0.3830	0.4520	0.4520	0.3395	0.2978	0.3830	0.3610	0.3395	0.3610	0.3830	0.3395	0.5261	0.5008
18.2	0.5261	0.4285	0.5261	0.4520	0.4520	0.4520	0.5008	0.5261	0.3610	0.5008	0.5261	0.3830	0.3830	0.4520	0.5787	0.4055	0.5261	0.5787	0.6343	0.5008
18.3	0.4520	0.4055	0.5521	0.3395	0.4285	0.3830	0.5261	0.3185	0.3830	0.5261	0.5008	0.3610	0.4055	0.4285	0.4055	0.3395	0.5521	0.4055	0.5008	0.4761
18.4	0.4055	0.3185	0.4055	0.3395	0.5787	0.3830	0.5261	0.3185	0.4285	0.4285	0.3185	0.4520	0.4055	0.4285	0.2776	0.4285	0.3610	0.2384	0.3185	0.4285
18.5	0.5521	0.5008	0.4520	0.4761	0.5787	0.3395	0.4285	0.4055	0.4285	0.5261	0.4055	0.4520	0.4055	0.4761	0.3610	0.2978	0.3610	0.4520	0.5008	0.4285
19.1	0.4285	0.4285	0.5261	0.4055	0.4520	0.2384	0.3610	0.4285	0.3610	0.4055	0.4285	0.4761	0.2978	0.3610	0.3830	0.4520	0.4285	0.5261	0.5261	0.4055

EK-2 Devamı

Genotip	5.1	5.2	5.3	5.4	5.5	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	7.1	7.2	7.3	7.4	7.5	8.1	8.2	8.3	8.4	8.5
19.2	0.3830	0.5261	0.6343	0.3610	0.4520	0.4055	0.4520	0.3395	0.5008	0.4055	0.4285	0.3830	0.3395	0.4055	0.4761	0.3610	0.4761	0.3395	0.4761	0.3610
19.3	0.2978	0.6343	0.6343	0.4520	0.5521	0.4055	0.4055	0.3830	0.4055	0.2776	0.5261	0.4285	0.3395	0.3185	0.3830	0.6633	0.4285	0.3830	0.4285	0.5521
19.4	0.3830	0.5261	0.5261	0.2776	0.3610	0.4520	0.4520	0.4285	0.2776	0.4055	0.2978	0.2978	0.2578	0.3610	0.3395	0.2384	0.2978	0.5261	0.3830	0.5008
19.5	0.4285	0.3395	0.6931	0.3610	0.3610	0.4055	0.4520	0.5787	0.4055	0.4520	0.4285	0.3395	0.2978	0.4055	0.5787	0.4520	0.5261	0.5261	0.5787	0.4055
20.1	0.4761	0.3395	0.5787	0.4520	0.3185	0.4055	0.5008	0.4761	0.4055	0.4520	0.3830	0.2578	0.5261	0.5008	0.5261	0.5008	0.4285	0.4285	0.5261	0.6061
20.2	0.2978	0.4761	0.4761	0.4520	0.6061	0.4520	0.3610	0.4285	0.4520	0.3610	0.4285	0.3395	0.4285	0.4520	0.5787	0.4055	0.3830	0.3830	0.3395	0.4055
20.3	0.3185	0.3610	0.6633	0.3830	0.4761	0.4285	0.4285	0.4055	0.4285	0.3830	0.4520	0.3185	0.5008	0.4285	0.5521	0.4761	0.4520	0.3610	0.5521	0.5787
20.4	0.4761	0.5787	0.5261	0.4520	0.3185	0.3610	0.4520	0.4761	0.5008	0.4520	0.2978	0.2978	0.2978	0.4520	0.4761	0.3185	0.3830	0.4285	0.5787	0.3610
20.5	0.3610	0.5008	0.4520	0.4761	0.4285	0.3395	0.4285	0.4055	0.4285	0.3830	0.4055	0.4055	0.4520	0.4761	0.5521	0.6343	0.5008	0.3185	0.4055	0.4285
21.1	0.4520	0.5008	0.6633	0.4285	0.4285	0.3395	0.3830	0.3610	0.3830	0.5787	0.5008	0.2776	0.4520	0.3830	0.4520	0.3395	0.5521	0.4520	0.4520	0.4761
21.2	0.5008	0.4520	0.5521	0.3830	0.4761	0.3395	0.3830	0.4520	0.4285	0.5261	0.4520	0.3610	0.3185	0.3830	0.4520	0.4761	0.6633	0.4055	0.4520	0.4285
21.3	0.5008	0.5008	0.7239	0.3830	0.4761	0.3830	0.4761	0.4520	0.3395	0.4285	0.5521	0.3610	0.4055	0.4285	0.6633	0.4761	0.6061	0.5008	0.6061	0.5261
21.4	0.4285	0.6343	0.4761	0.5521	0.4055	0.3185	0.5008	0.3395	0.3610	0.5521	0.3830	0.4285	0.3830	0.6061	0.6343	0.3610	0.4761	0.3830	0.4285	0.3610
21.5	0.3610	0.5008	0.5008	0.4761	0.5261	0.3830	0.3830	0.3610	0.4761	0.5261	0.5008	0.4520	0.4055	0.4285	0.5521	0.4285	0.6061	0.5008	0.4520	0.4761
22.1	0.4285	0.4285	0.3830	0.4055	0.5008	0.4520	0.6061	0.3830	0.5008	0.4520	0.4761	0.4761	0.2978	0.4055	0.4761	0.4055	0.3830	0.4285	0.4285	0.4520
22.2	0.5261	0.4761	0.4285	0.5008	0.4520	0.4520	0.4055	0.5787	0.4055	0.5008	0.5261	0.5261	0.2578	0.5521	0.5787	0.5521	0.5787	0.5261	0.4285	0.3610
22.3	0.6343	0.4761	0.5787	0.6061	0.5521	0.4520	0.6061	0.5787	0.5008	0.4520	0.4285	0.5261	0.3395	0.6061	0.4761	0.5521	0.4761	0.5261	0.4761	0.4520
22.4	0.2978	0.3395	0.3830	0.4055	0.4055	0.3185	0.5521	0.3395	0.5008	0.3610	0.4285	0.6343	0.4761	0.4520	0.4285	0.3610	0.2978	0.3830	0.5261	0.5521
22.5	0.3830	0.4761	0.4761	0.3610	0.4520	0.3610	0.6061	0.3395	0.4520	0.4055	0.3395	0.4761	0.3395	0.5521	0.4761	0.2776	0.2978	0.2978	0.4761	0.4520
23.1	0.3610	0.4520	0.5008	0.4285	0.2978	0.4285	0.6931	0.5008	0.4285	0.5261	0.5008	0.4520	0.3610	0.4761	0.6061	0.4761	0.4520	0.4055	0.6061	0.3395
23.2	0.4761	0.4761	0.3395	0.5521	0.4055	0.3610	0.5008	0.3395	0.4520	0.4520	0.3830	0.4761	0.3395	0.5521	0.5787	0.4055	0.3830	0.3395	0.4285	0.2776
23.3	0.6633	0.5008	0.5008	0.4761	0.4285	0.3830	0.4761	0.5008	0.5261	0.6343	0.4520	0.5008	0.3610	0.5261	0.5008	0.4761	0.5521	0.5008	0.6061	0.4285
23.4	0.3395	0.4285	0.3830	0.4055	0.5008	0.3185	0.4520	0.2578	0.6061	0.4055	0.3395	0.5261	0.3395	0.4520	0.5787	0.3610	0.4285	0.4285	0.4285	0.4055
23.5	0.6633	0.6633	0.4055	0.6343	0.4285	0.4761	0.6343	0.4055	0.5261	0.5261	0.5008	0.5008	0.4520	0.6931	0.6633	0.4285	0.4055	0.4520	0.5521	0.3395
24.1	0.4761	0.5787	0.5787	0.5008	0.6061	0.3185	0.4520	0.3830	0.5521	0.5008	0.4761	0.5261	0.4285	0.4520	0.5787	0.5008	0.5787	0.5261	0.6343	0.5521
24.2	0.4761	0.5787	0.5261	0.4055	0.6633	0.4520	0.6061	0.3830	0.5521	0.4520	0.5261	0.5787	0.4285	0.4520	0.6343	0.2776	0.3830	0.4285	0.4761	0.4055
24.3	0.4520	0.5521	0.5521	0.3830	0.4761	0.3830	0.4761	0.4055	0.4285	0.5261	0.4055	0.3610	0.4055	0.4285	0.4520	0.2978	0.4055	0.4520	0.5008	0.4285
24.4	0.5261	0.5787	0.6343	0.5008	0.5521	0.3610	0.5521	0.4285	0.4055	0.5008	0.4285	0.4761	0.5261	0.5521	0.4761	0.4055	0.4761	0.4285	0.4761	0.5008
24.5	0.5261	0.5787	0.4285	0.3185	0.4520	0.5008	0.5008	0.4285	0.2776	0.4520	0.5787	0.3395	0.4285	0.3610	0.4761	0.4055	0.4761	0.4285	0.4761	0.4520
25.1	0.6061	0.4520	0.5521	0.3830	0.5787	0.4761	0.6343	0.5008	0.5261	0.6343	0.4520	0.5521	0.5008	0.4761	0.4055	0.3395	0.4520	0.4520	0.5521	0.4761
25.2	0.6343	0.6931	0.5787	0.4520	0.5008	0.6061	0.7239	0.4761	0.5521	0.5521	0.4761	0.4285	0.4761	0.6061	0.5261	0.4520	0.4761	0.2978	0.5261	0.5521
25.3	0.5787	0.4761	0.5261	0.3185	0.4520	0.5008	0.5008	0.4761	0.4055	0.5008	0.5261	0.3395	0.4285	0.3610	0.4761	0.4055	0.5787	0.4761	0.5261	0.5521
25.4	0.6633	0.5008	0.6061	0.3830	0.6343	0.5261	0.5787	0.5008	0.8224	0.6343	0.5521	0.6061	0.4520	0.4285	0.4520	0.4285	0.5008	0.4055	0.7239	0.5261
25.5	0.6633	0.6061	0.5008	0.5787	0.5787	0.5787	0.5787	0.6061	0.5787	0.5787	0.5008	0.5521	0.5521	0.6931	0.6061	0.5261	0.5521	0.4520	0.5008	0.5787
26.1	0.4761	0.6343	0.6931	0.5521	0.6061	0.4055	0.4055	0.4761	0.5008	0.4055	0.5261	0.5261	0.3830	0.5008	0.5787	0.5521	0.4761	0.4761	0.6343	0.5521

EK-2 Devamı

Genotip	5.1	5.2	5.3	5.4	5.5	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	7.1	7.2	7.3	7.4	7.5	8.1	8.2	8.3	8.4	8.5
26.2	0.5261	0.5787	0.5261	0.5521	0.5008	0.4055	0.5008	0.4761	0.5521	0.4520	0.4285	0.5787	0.2978	0.5521	0.4761	0.5008	0.3830	0.4285	0.5261	0.3610
26.3	0.6061	0.6061	0.7239	0.6343	0.6343	0.3830	0.5787	0.5521	0.5787	0.5787	0.7239	0.6061	0.5008	0.5261	0.6061	0.6343	0.6061	0.6061	0.7885	0.5787
26.4	0.5261	0.5787	0.5787	0.4055	0.5008	0.5521	0.6061	0.5261	0.5521	0.5008	0.5787	0.4761	0.4285	0.5521	0.6343	0.5008	0.5787	0.5787	0.6343	0.5521
26.5	0.6633	0.5008	0.5008	0.5787	0.5261	0.4285	0.8224	0.5008	0.6931	0.6343	0.5008	0.7239	0.5008	0.6931	0.5008	0.6343	0.5008	0.4055	0.6061	0.5261
27.1	0.5261	0.4761	0.6931	0.4520	0.4055	0.4055	0.5521	0.4285	0.4520	0.4055	0.4761	0.3830	0.4285	0.4520	0.4761	0.6061	0.4761	0.4761	0.6343	0.7239
27.2	0.5261	0.4761	0.5787	0.3185	0.5521	0.8575	0.5008	0.6931	0.5521	0.4520	0.5787	0.3830	0.4285	0.4055	0.3830	0.4520	0.4761	0.5261	0.3830	0.7239
27.3	0.7239	0.5521	0.6633	0.4761	0.4761	0.5261	0.5787	0.6061	0.4285	0.5261	0.6633	0.3185	0.3610	0.3830	0.4520	0.5787	0.5521	0.5521	0.6633	0.5261
27.4	0.6061	0.4520	0.6633	0.5261	0.5261	0.3395	0.5261	0.6061	0.4285	0.5787	0.5521	0.4520	0.4520	0.3395	0.4055	0.4285	0.4055	0.6633	0.6061	0.5787
27.5	0.7239	0.5521	0.5008	0.4761	0.5261	0.3830	0.5787	0.5521	0.4761	0.6343	0.4520	0.4520	0.4520	0.4761	0.4520	0.3830	0.5008	0.5521	0.4520	0.4761
28.1	0.5521	0.6061	0.5521	0.5787	0.5787	0.4285	0.4285	0.4520	0.5261	0.4285	0.4520	0.5521	0.3610	0.5261	0.4055	0.6343	0.4520	0.4520	0.6633	0.6343
28.2	0.5261	0.5787	0.4761	0.5008	0.4520	0.5521	0.6633	0.4285	0.5521	0.4520	0.4285	0.4761	0.3395	0.5521	0.4285	0.5008	0.4285	0.4761	0.4761	0.5521
28.3	0.5787	0.5787	0.6931	0.5521	0.6061	0.4055	0.5521	0.5261	0.5008	0.5008	0.5787	0.5787	0.3395	0.4520	0.4285	0.5008	0.4761	0.5261	0.7557	0.4520
28.4	0.5521	0.5521	0.5521	0.5261	0.5787	0.4285	0.5787	0.4520	0.5787	0.5261	0.6633	0.7239	0.4520	0.4761	0.5008	0.5787	0.5521	0.5008	0.7885	0.5787
28.5	0.4285	0.7557	0.5787	0.5521	0.4520	0.5521	0.5008	0.5261	0.4520	0.4055	0.5261	0.4761	0.4285	0.5521	0.4761	0.6633	0.5261	0.3395	0.3830	0.4520
29.1	0.4520	0.5521	0.6061	0.4761	0.5787	0.4285	0.5261	0.3610	0.5261	0.3395	0.4055	0.5008	0.3610	0.5261	0.3610	0.4761	0.4520	0.4520	0.4055	0.5787
29.2	0.4055	0.6061	0.6061	0.5787	0.6343	0.5261	0.4285	0.4520	0.5261	0.2978	0.5008	0.5008	0.4055	0.5787	0.5521	0.7557	0.4520	0.4055	0.3610	0.5787
29.3	0.5521	0.5521	0.4520	0.6343	0.4285	0.4285	0.5261	0.4520	0.4761	0.5261	0.5008	0.5008	0.5008	0.6931	0.5008	0.5787	0.4520	0.6061	0.5008	0.5261
29.4	0.5521	0.5521	0.6061	0.5787	0.5787	0.4761	0.4761	0.6633	0.5261	0.5787	0.5521	0.4520	0.3610	0.5261	0.6633	0.5261	0.6061	0.7239	0.4520	0.4285
29.5	0.4520	0.5008	0.5521	0.5261	0.3830	0.2578	0.5261	0.4520	0.5261	0.4761	0.4055	0.5521	0.4055	0.4761	0.4055	0.6931	0.5008	0.4520	0.6061	0.5261
30.1	0.7239	0.6633	0.5008	0.6343	0.5787	0.4285	0.3830	0.5008	0.4285	0.5261	0.5008	0.4520	0.5008	0.5787	0.5008	0.5261	0.6061	0.6061	0.5008	0.5261
30.2	0.4520	0.5008	0.5008	0.4285	0.3395	0.4761	0.5787	0.4520	0.4285	0.4285	0.5008	0.3610	0.4055	0.4761	0.6061	0.4285	0.4520	0.5521	0.5008	0.4761
30.3	0.3185	0.4520	0.6061	0.3830	0.3830	0.3830	0.5261	0.4055	0.4761	0.3830	0.4520	0.3610	0.3185	0.4285	0.6061	0.3395	0.4055	0.4520	0.5008	0.4761
30.4	0.4285	0.4285	0.5261	0.3610	0.5008	0.5521	0.5521	0.5261	0.4055	0.4520	0.5787	0.3830	0.4761	0.3610	0.4285	0.4055	0.4761	0.4761	0.3395	0.6061
30.5	0.4520	0.5008	0.5521	0.4285	0.4761	0.5787	0.5787	0.5521	0.4285	0.5261	0.5008	0.4520	0.4055	0.5261	0.5008	0.3395	0.5008	0.6633	0.4055	0.5261
31.1	0.6061	0.6633	0.5521	0.5261	0.4761	0.5261	0.4285	0.6061	0.4761	0.6343	0.5008	0.3610	0.4055	0.4761	0.5008	0.4285	0.5521	0.4520	0.3185	0.3395
31.2	0.4761	0.5261	0.6343	0.5008	0.4055	0.3610	0.5521	0.5261	0.3610	0.4055	0.4285	0.3830	0.3830	0.5008	0.5787	0.5008	0.4285	0.5261	0.5261	0.5521
31.3	0.6343	0.6343	0.7557	0.5521	0.4520	0.3610	0.4520	0.5261	0.4520	0.5008	0.4761	0.3830	0.4285	0.3610	0.3395	0.5521	0.4285	0.4285	0.5261	0.5521
31.4	0.7239	0.6061	0.7885	0.6931	0.5261	0.3395	0.4761	0.6061	0.4761	0.5261	0.5008	0.5008	0.4520	0.5261	0.4055	0.6343	0.4520	0.6061	0.6633	0.6343
31.5	0.4520	0.5521	0.6061	0.3830	0.3830	0.3830	0.5261	0.5008	0.3830	0.3830	0.4055	0.4055	0.2776	0.3830	0.4520	0.4761	0.4520	0.5008	0.5008	0.4761
32.1	0.4520	0.5008	0.6061	0.2978	0.5261	0.4285	0.5787	0.3185	0.2978	0.3830	0.4520	0.4055	0.3185	0.3830	0.4055	0.2978	0.4520	0.3185	0.4055	0.4761
32.2	0.3185	0.5521	0.4520	0.4761	0.4761	0.5261	0.5787	0.4520	0.6343	0.3395	0.4520	0.5008	0.3610	0.5787	0.6061	0.4761	0.3610	0.4520	0.4520	0.5261
32.3	0.4761	0.4285	0.6343	0.4055	0.5008	0.4520	0.4520	0.4761	0.4520	0.4520	0.4761	0.3830	0.3395	0.3610	0.4285	0.4520	0.4285	0.4761	0.5787	0.6061
32.4	0.3185	0.5521	0.5521	0.4285	0.4761	0.3830	0.6343	0.3610	0.5261	0.3830	0.4055	0.5521	0.4520	0.4285	0.3610	0.4285	0.3185	0.4520	0.5008	0.5787
32.5	0.3830	0.5787	0.5261	0.3610	0.4520	0.4055	0.5521	0.3830	0.3610	0.4055	0.5787	0.4285	0.2978	0.2776	0.3395	0.4520	0.3830	0.2978	0.5261	0.4055
33.1	0.3830	0.3395	0.3830	0.2776	0.4055	0.4055	0.4520	0.4761	0.5008	0.4520	0.4285	0.3830	0.2578	0.2776	0.4285	0.3185	0.4285	0.4761	0.4761	0.2776

EK-2 Devamı

Genotip	5.1	5.2	5.3	5.4	5.5	6.1	6.2	6.3	6.4	6.5	7.1	7.2	7.3	7.4	7.5	8.1	8.2	8.3	8.4	8.5
33.2	0.5008	0.4055	0.6061	0.3395	0.5261	0.4761	0.4761	0.4520	0.4761	0.5261	0.5521	0.4520	0.4055	0.2978	0.2776	0.3830	0.4055	0.5521	0.6061	0.6343
33.3	0.3610	0.4520	0.7885	0.2578	0.4761	0.5261	0.5261	0.4520	0.4285	0.4285	0.4520	0.3185	0.3610	0.3395	0.4055	0.2978	0.4520	0.4055	0.4520	0.5787
33.4	0.4761	0.3830	0.4761	0.3185	0.5521	0.5008	0.4520	0.4761	0.6633	0.6061	0.5261	0.4761	0.4285	0.2776	0.4761	0.3185	0.5261	0.4761	0.5261	0.5521
33.5	0.6931	0.5261	0.5787	0.5008	0.6061	0.5008	0.5521	0.6343	0.5008	0.6633	0.6931	0.4285	0.5261	0.3610	0.4761	0.4520	0.6343	0.5787	0.5787	0.6061
34.1	0.4285	0.5261	0.6343	0.5521	0.6061	0.4520	0.5008	0.6931	0.5521	0.6061	0.5787	0.5261	0.3830	0.4520	0.6343	0.4055	0.5261	0.6343	0.5261	0.4520
34.2	0.4285	0.5787	0.5261	0.4055	0.4520	0.4055	0.5008	0.4285	0.4055	0.4055	0.4761	0.4285	0.3395	0.4055	0.3830	0.5521	0.4761	0.2578	0.4285	0.3610
34.3	0.5261	0.5787	0.6343	0.5521	0.4520	0.4520	0.6061	0.6343	0.4520	0.6061	0.4285	0.3830	0.5261	0.5008	0.5261	0.3185	0.4285	0.5261	0.4761	0.4055
34.4	0.3830	0.4285	0.6931	0.4055	0.5521	0.4055	0.5521	0.5261	0.5008	0.4520	0.4761	0.4761	0.4285	0.4055	0.4761	0.4055	0.4285	0.4285	0.5787	0.5521
34.5	0.6343	0.7557	0.5261	0.6061	0.6633	0.4520	0.5521	0.6931	0.4520	0.6633	0.5787	0.5261	0.5261	0.5008	0.4285	0.5521	0.5261	0.4285	0.4285	0.4055
35.1	0.5008	0.6633	0.7885	0.4761	0.4285	0.4761	0.5787	0.6061	0.3830	0.5787	0.6061	0.3610	0.5008	0.4285	0.4055	0.4761	0.4055	0.4520	0.6061	0.4285
35.2	0.5787	0.4761	0.4761	0.4055	0.5521	0.7239	0.6061	0.4761	0.4055	0.5008	0.5261	0.3830	0.5261	0.5521	0.5787	0.5008	0.5261	0.5261	0.4761	0.6633
35.3	0.6061	0.6061	0.5521	0.4761	0.5787	0.5261	0.5261	0.6633	0.3395	0.5787	0.6633	0.4055	0.4055	0.4285	0.4520	0.5261	0.5521	0.5521	0.5008	0.3830
35.4	0.5521	0.6061	0.6061	0.4761	0.4761	0.5787	0.6931	0.5521	0.4285	0.5261	0.4055	0.4055	0.4520	0.5261	0.3610	0.3395	0.3185	0.5008	0.4055	0.5261
35.5	0.3830	0.5261	0.5261	0.4520	0.6633	0.5008	0.4520	0.4761	0.4520	0.5008	0.4285	0.5261	0.4761	0.5008	0.4761	0.3610	0.4761	0.6343	0.3395	0.5521
Genotip	9.1	9.2	9.3	9.4	9.5	10.1	10.2	10.3	10.4	10.5	11.1	11.2	11.3	11.4	11.5	12.1	12.2	12.3	12.4	12.5
9.2	0.4055																			
9.3	0.2194	0.2578																		
9.4	0.4055	0.5008	0.2978																	
9.5	0.4285	0.4285	0.3610	0.2194																
10.1	0.4285	0.4761	0.3610	0.3395	0.4055															
10.2	0.2776	0.2776	0.2978	0.4055	0.3830	0.4761														
10.3	0.5521	0.2776	0.4285	0.4520	0.3395	0.3830	0.3610													
10.4	0.4520	0.4520	0.3395	0.2776	0.1823	0.2978	0.4055	0.2776												
10.5	0.5261	0.3395	0.3610	0.3395	0.3185	0.5008	0.4285	0.3830	0.2978											
11.1	0.2978	0.2978	0.2776	0.4285	0.4055	0.4520	0.2978	0.2978	0.3830	0.2776										
11.2	0.4761	0.4761	0.2776	0.3395	0.5008	0.3610	0.4285	0.5261	0.4285	0.3610	0.3610									
11.3	0.4520	0.5008	0.4761	0.4055	0.2978	0.4761	0.3610	0.4520	0.3185	0.2578	0.2978	0.3395								
11.4	0.5261	0.3395	0.3610	0.5261	0.4520	0.5008	0.3395	0.4285	0.5261	0.3185	0.2384	0.3185	0.3395							
11.5	0.5008	0.4520	0.5261	0.4520	0.4285	0.5261	0.3185	0.3185	0.5521	0.5787	0.3395	0.4285	0.3610	0.4285						
12.1	0.3830	0.4761	0.3610	0.2978	0.2384	0.3610	0.4761	0.4761	0.2194	0.2384	0.3185	0.3610	0.2578	0.4520	0.5261					
12.2	0.6061	0.4520	0.6343	0.5521	0.5261	0.6343	0.5521	0.5008	0.6633	0.3395	0.4285	0.5261	0.4055	0.3395	0.4055	0.4285				
12.3	0.6061	0.3185	0.4761	0.4055	0.4761	0.4285	0.5521	0.5521	0.4520	0.2978	0.4285	0.4285	0.4055	0.3395	0.6061	0.2978	0.2776			
12.4	0.4285	0.5261	0.4055	0.2978	0.3185	0.3610	0.4761	0.4761	0.3395	0.3185	0.4055	0.4055	0.4285	0.5008	0.6343	0.3185	0.4761	0.3395		
12.5	0.4520	0.3610	0.4285	0.4520	0.4761	0.4761	0.4520	0.6633	0.5008	0.4285	0.4285	0.5261	0.3610	0.5261	0.5521	0.3830	0.3610	0.2007	0.3395	
13.1	0.2978	0.4761	0.2776	0.4761	0.6633	0.4520	0.4761	0.6343	0.6343	0.6633	0.4055	0.4055	0.6343	0.5521	0.6343	0.6633	0.6931	0.5261	0.4055	0.4761

EK-2 Devamı

Genotip	9.1	9.2	9.3	9.4	9.5	10.1	10.2	10.3	10.4	10.5	11.1	11.2	11.3	11.4	11.5	12.1	12.2	12.3	12.4	12.5
13.2	0.5787	0.4761	0.4520	0.4285	0.4520	0.4055	0.6343	0.5787	0.4761	0.4520	0.5521	0.5008	0.5787	0.4055	0.6343	0.5008	0.4285	0.2978	0.4055	0.4761
13.3	0.5521	0.6061	0.4761	0.2776	0.3395	0.4761	0.5521	0.5008	0.3610	0.2978	0.5787	0.3830	0.3610	0.4761	0.6061	0.4285	0.3610	0.4055	0.3395	0.3610
13.4	0.2578	0.2578	0.2776	0.3830	0.5008	0.4055	0.3395	0.3830	0.4285	0.4520	0.2776	0.4520	0.5261	0.5008	0.3830	0.5008	0.5261	0.5787	0.6061	0.4761
13.5	0.3395	0.3830	0.2384	0.3395	0.5521	0.5521	0.4285	0.5787	0.4761	0.3185	0.3610	0.2776	0.4285	0.4055	0.5787	0.4520	0.3830	0.3395	0.4055	0.3395
14.1	0.4761	0.3830	0.3610	0.3395	0.5521	0.4055	0.5787	0.6343	0.4761	0.3610	0.4520	0.4055	0.5787	0.5008	0.6343	0.4520	0.5787	0.3830	0.5008	0.4761
14.2	0.6343	0.6343	0.7239	0.4761	0.6061	0.4520	0.5261	0.6931	0.5261	0.4520	0.5521	0.5008	0.3830	0.5521	0.5787	0.4520	0.3830	0.3830	0.6061	0.3830
14.3	0.4285	0.3830	0.4055	0.4285	0.5521	0.5008	0.5261	0.5787	0.5261	0.5008	0.3610	0.3610	0.3395	0.4520	0.4761	0.5008	0.4285	0.4285	0.5521	0.4285
14.4	0.2194	0.4285	0.3185	0.3830	0.4055	0.6633	0.2978	0.4761	0.3830	0.3610	0.2007	0.3610	0.2978	0.3610	0.4285	0.3185	0.4761	0.4761	0.4055	0.3830
14.5	0.4520	0.5008	0.4761	0.4055	0.4285	0.5787	0.5008	0.7239	0.5008	0.2978	0.3395	0.3830	0.3185	0.3830	0.6061	0.3830	0.4520	0.3610	0.4285	0.4520
15.1	0.5521	0.6061	0.5787	0.4055	0.5787	0.4761	0.4055	0.6061	0.5521	0.5261	0.4761	0.5261	0.4055	0.5787	0.5008	0.6343	0.5521	0.5008	0.5261	0.6061
15.2	0.5008	0.4520	0.4761	0.5008	0.5787	0.5261	0.6061	0.5521	0.4520	0.6343	0.6931	0.6343	0.5521	0.7557	0.7239	0.6931	0.7885	0.6061	0.5261	0.5521
15.3	0.5521	0.5008	0.6343	0.5521	0.6931	0.5261	0.6061	0.6061	0.4520	0.4761	0.5261	0.5787	0.5008	0.6343	0.7885	0.5787	0.6633	0.6061	0.6343	0.6633
15.4	0.3610	0.4055	0.5787	0.6633	0.6343	0.5787	0.3185	0.5008	0.6061	0.5787	0.5261	0.6931	0.4520	0.7557	0.5008	0.5787	0.5008	0.6061	0.5787	0.5008
15.5	0.4055	0.4520	0.5261	0.6061	0.5787	0.5261	0.3610	0.4520	0.5521	0.3395	0.2978	0.5261	0.4055	0.4761	0.5008	0.5261	0.4055	0.6633	0.4761	0.6633
16.1	0.5008	0.4055	0.3830	0.4055	0.4285	0.4761	0.5521	0.5008	0.3185	0.2194	0.4285	0.4761	0.4055	0.5787	0.7885	0.2578	0.5521	0.3610	0.3395	0.4055
16.2	0.4761	0.4761	0.5008	0.3830	0.4520	0.3185	0.5261	0.7557	0.5787	0.3610	0.5008	0.4520	0.4761	0.4520	0.5261	0.4055	0.3395	0.2978	0.4055	0.2978
16.3	0.5521	0.6061	0.6343	0.4520	0.5787	0.5787	0.7239	0.7239	0.5008	0.3830	0.4285	0.5261	0.4520	0.5261	0.6633	0.3395	0.3185	0.3610	0.4285	0.3610
16.4	0.3830	0.4285	0.3610	0.3830	0.4520	0.2776	0.4285	0.5261	0.3830	0.2776	0.2776	0.4055	0.2978	0.4055	0.5261	0.4055	0.3830	0.2578	0.3610	0.2978
16.5	0.4520	0.5008	0.5261	0.5008	0.5261	0.6343	0.5521	0.4055	0.6061	0.3830	0.2978	0.5261	0.3185	0.3395	0.4055	0.5261	0.3185	0.4520	0.4761	0.5521
17.1	0.4520	0.4520	0.5261	0.6061	0.4761	0.4761	0.4055	0.4520	0.4520	0.4761	0.4761	0.5261	0.4520	0.4761	0.4520	0.5261	0.4055	0.4055	0.4761	0.4055
17.2	0.4055	0.2007	0.2578	0.4520	0.4285	0.3395	0.4055	0.3610	0.4055	0.3395	0.2978	0.4285	0.5008	0.4285	0.4520	0.4761	0.5008	0.4055	0.5261	0.5008
17.3	0.3185	0.3185	0.2978	0.4055	0.5261	0.4285	0.3610	0.4055	0.3610	0.3395	0.2578	0.3395	0.5008	0.4285	0.6061	0.3830	0.5008	0.3610	0.3395	0.3610
17.4	0.5261	0.5787	0.5008	0.4761	0.4520	0.4055	0.5787	0.5261	0.3395	0.3610	0.5521	0.5521	0.3395	0.5008	0.7557	0.4520	0.5261	0.4285	0.4520	0.4285
17.5	0.4055	0.3185	0.2978	0.5008	0.4761	0.4761	0.3610	0.5008	0.4055	0.3395	0.3830	0.3830	0.4520	0.2978	0.6061	0.3830	0.4055	0.2776	0.4285	0.3610
18.1	0.4285	0.4285	0.4055	0.4761	0.4520	0.4520	0.4761	0.4761	0.4285	0.2776	0.2384	0.3185	0.2978	0.3185	0.5261	0.3610	0.3830	0.4285	0.3610	0.5261
18.2	0.4761	0.5261	0.4520	0.5261	0.6061	0.4055	0.5261	0.6931	0.4761	0.3610	0.4055	0.4520	0.3830	0.4520	0.6931	0.3610	0.4761	0.2978	0.4520	0.3830
18.3	0.3610	0.4520	0.4285	0.3610	0.4285	0.4761	0.4520	0.5521	0.4055	0.4285	0.3830	0.4761	0.5008	0.4285	0.8575	0.4761	0.5521	0.4055	0.2978	0.4055
18.4	0.3185	0.3610	0.2978	0.2776	0.2578	0.5261	0.4055	0.3185	0.2384	0.3830	0.2978	0.3830	0.3610	0.4761	0.5008	0.4285	0.6061	0.5008	0.2578	0.3610
18.5	0.4520	0.3610	0.4285	0.3610	0.4761	0.3395	0.5008	0.5008	0.3610	0.3830	0.3395	0.4285	0.6061	0.4285	0.6633	0.4285	0.4520	0.2776	0.2578	0.2776
19.1	0.5787	0.5787	0.5008	0.2978	0.4055	0.5008	0.6343	0.5261	0.3830	0.3185	0.4055	0.4520	0.4285	0.4520	0.6343	0.4055	0.4285	0.3830	0.3185	0.3395
19.2	0.2978	0.5787	0.3185	0.3395	0.3610	0.3610	0.5261	0.7557	0.4285	0.4520	0.4520	0.5008	0.4285	0.5008	0.7557	0.3610	0.6343	0.3830	0.2776	0.3395
19.3	0.5787	0.4285	0.4055	0.3830	0.3610	0.6633	0.4761	0.4761	0.3830	0.3185	0.4520	0.5008	0.3830	0.4520	0.4761	0.4520	0.4285	0.4761	0.4520	0.4285
19.4	0.5261	0.3395	0.4055	0.3830	0.5521	0.4520	0.5261	0.5261	0.4761	0.4055	0.3185	0.3185	0.5261	0.3610	0.5787	0.4520	0.4285	0.3395	0.4520	0.3830
19.5	0.3395	0.5787	0.5521	0.4285	0.4520	0.5521	0.5261	0.7557	0.5261	0.4055	0.5008	0.4520	0.3395	0.4055	0.6343	0.3610	0.3395	0.2978	0.3185	0.3395
20.1	0.3395	0.4761	0.4055	0.3395	0.5008	0.5008	0.3830	0.6931	0.5787	0.3610	0.3185	0.4520	0.3395	0.4055	0.4761	0.3610	0.4285	0.3395	0.3610	0.3395

EK-2 Devamı

Genotip	9.1	9.2	9.3	9.4	9.5	10.1	10.2	10.3	10.4	10.5	11.1	11.2	11.3	11.4	11.5	12.1	12.2	12.3	12.4	12.5
20.2	0.3830	0.2978	0.3185	0.3830	0.3185	0.3610	0.3830	0.5261	0.3830	0.3610	0.3610	0.4520	0.4285	0.5008	0.4285	0.3610	0.5261	0.3395	0.4055	0.2978
20.3	0.3185	0.4520	0.3395	0.3610	0.3395	0.5261	0.5008	0.7239	0.5008	0.4285	0.4285	0.4285	0.4055	0.4761	0.5521	0.2978	0.4520	0.3610	0.2978	0.3185
20.4	0.4285	0.5261	0.4055	0.4761	0.5521	0.2776	0.4285	0.6343	0.4761	0.3610	0.2776	0.3185	0.3830	0.2776	0.4761	0.3610	0.4285	0.3395	0.3185	0.4285
20.5	0.3610	0.4055	0.3830	0.3610	0.2578	0.5787	0.3185	0.5008	0.4520	0.3395	0.3395	0.4285	0.2776	0.3395	0.4055	0.3830	0.3610	0.4055	0.3830	0.4055
21.1	0.4520	0.5521	0.4285	0.2776	0.3395	0.3395	0.5008	0.7239	0.3610	0.3830	0.4761	0.3830	0.3185	0.5261	0.6633	0.2978	0.4520	0.2776	0.2194	0.2776
21.2	0.5521	0.4520	0.4761	0.3610	0.3830	0.4761	0.5521	0.6061	0.4520	0.3395	0.4285	0.4285	0.3610	0.3830	0.6061	0.3830	0.3610	0.1643	0.2194	0.3610
21.3	0.4055	0.5008	0.4761	0.3185	0.4761	0.5261	0.4520	0.8575	0.5521	0.3395	0.4285	0.5261	0.4055	0.4285	0.7239	0.2978	0.3610	0.2007	0.2978	0.2007
21.4	0.4285	0.4761	0.3185	0.1823	0.3610	0.2776	0.4761	0.4761	0.3395	0.3610	0.3185	0.2776	0.3830	0.4520	0.5261	0.3185	0.5261	0.3395	0.3185	0.3830
21.5	0.5008	0.5521	0.4761	0.2776	0.2578	0.3830	0.4520	0.6061	0.4055	0.3395	0.4761	0.3395	0.2384	0.4761	0.4520	0.2578	0.3610	0.2384	0.2194	0.2384
22.1	0.4285	0.4761	0.4055	0.3830	0.6061	0.4055	0.4761	0.4285	0.5261	0.4520	0.3610	0.3610	0.4761	0.5008	0.4285	0.5008	0.3830	0.3395	0.4055	0.2978
22.2	0.6343	0.3830	0.5521	0.3830	0.5008	0.4520	0.5787	0.4761	0.5261	0.5008	0.5521	0.5521	0.5787	0.4520	0.4761	0.6633	0.4761	0.3395	0.5008	0.3830
22.3	0.5261	0.3830	0.4520	0.3830	0.6633	0.4520	0.4761	0.4761	0.6343	0.4520	0.5008	0.4055	0.6343	0.4055	0.5261	0.6061	0.4761	0.3830	0.4055	0.3830
22.4	0.3830	0.4285	0.4055	0.3830	0.4055	0.5521	0.4761	0.3395	0.4285	0.4520	0.2776	0.6061	0.5261	0.4055	0.4761	0.5008	0.4285	0.5787	0.4520	0.4285
22.5	0.2978	0.2978	0.2776	0.4285	0.5521	0.4520	0.3830	0.5261	0.4761	0.4055	0.2776	0.3610	0.5787	0.3610	0.6343	0.4520	0.4285	0.3395	0.2776	0.2978
23.1	0.3610	0.6061	0.4285	0.3610	0.3830	0.4285	0.4520	0.5008	0.4520	0.3830	0.4285	0.5261	0.3610	0.4761	0.6061	0.4285	0.5521	0.5008	0.4285	0.5008
23.2	0.4285	0.4761	0.3610	0.2578	0.4055	0.3185	0.3830	0.4761	0.4285	0.4055	0.3185	0.3185	0.4285	0.3185	0.3830	0.4055	0.4285	0.3830	0.3610	0.3395
23.3	0.4055	0.5521	0.4285	0.3185	0.4761	0.3395	0.5008	0.7239	0.5521	0.5787	0.4285	0.5261	0.5008	0.4285	0.6633	0.5261	0.7239	0.5008	0.3395	0.4520
23.4	0.3395	0.4285	0.3610	0.3395	0.3610	0.3610	0.4285	0.4285	0.4285	0.4055	0.3185	0.4055	0.3830	0.4055	0.4761	0.4055	0.5261	0.4761	0.2776	0.3830
23.5	0.4520	0.5521	0.4285	0.4055	0.4761	0.3395	0.5008	0.5008	0.5008	0.3830	0.3395	0.3830	0.5008	0.3395	0.5521	0.4761	0.5008	0.4055	0.3395	0.3610
24.1	0.5261	0.5787	0.4055	0.3395	0.4520	0.4055	0.5787	0.6931	0.5261	0.3610	0.4055	0.4520	0.3830	0.4055	0.5261	0.3185	0.4285	0.2578	0.2384	0.2578
24.2	0.3395	0.4285	0.3610	0.4761	0.5521	0.4520	0.4761	0.6343	0.5261	0.4520	0.3610	0.5521	0.5787	0.4520	0.5787	0.4520	0.5261	0.3830	0.4055	0.3830
24.3	0.3610	0.4055	0.3830	0.3185	0.3830	0.3395	0.4520	0.6633	0.4520	0.3830	0.3395	0.4285	0.4055	0.3830	0.5521	0.3395	0.5008	0.2776	0.2194	0.2384
24.4	0.3830	0.4285	0.3610	0.2978	0.4055	0.5008	0.3830	0.6931	0.4761	0.4520	0.4055	0.5008	0.5261	0.3610	0.6343	0.5008	0.4285	0.4285	0.4055	0.3830
24.5	0.5261	0.5261	0.5008	0.4285	0.5008	0.6061	0.4761	0.6931	0.4285	0.4055	0.3185	0.4520	0.4285	0.4520	0.5787	0.4520	0.6343	0.4285	0.4520	0.3830
25.1	0.4520	0.5521	0.4761	0.5008	0.5261	0.5787	0.6633	0.6633	0.5008	0.5261	0.4285	0.5261	0.4520	0.4285	0.6633	0.5261	0.4520	0.4520	0.4285	0.4520
25.2	0.4761	0.4285	0.3610	0.4285	0.6061	0.4520	0.4285	0.6343	0.5261	0.4055	0.4055	0.4055	0.5261	0.3610	0.6343	0.4520	0.5787	0.3830	0.3610	0.4761
25.3	0.5787	0.4285	0.5008	0.4285	0.5521	0.5008	0.5261	0.7557	0.5787	0.5008	0.4055	0.5008	0.5261	0.3610	0.6343	0.5008	0.4761	0.3395	0.4055	0.3395
25.4	0.4520	0.6633	0.5787	0.6633	0.6931	0.5261	0.6633	0.7239	0.6061	0.5261	0.4761	0.5787	0.5521	0.5261	0.7239	0.5261	0.5521	0.4520	0.3830	0.5008
25.5	0.5521	0.4055	0.5261	0.5008	0.5787	0.5261	0.4520	0.6061	0.6633	0.5261	0.4285	0.5787	0.5521	0.3395	0.5521	0.7557	0.5008	0.4520	0.6931	0.5008
26.1	0.4761	0.6343	0.4520	0.3395	0.6061	0.4520	0.6343	0.7557	0.6343	0.4520	0.5008	0.4520	0.5261	0.5008	0.5261	0.4520	0.4285	0.3830	0.3610	0.2978
26.2	0.5261	0.5261	0.4055	0.2978	0.4520	0.3610	0.5787	0.5261	0.4285	0.4055	0.5008	0.4055	0.5787	0.5008	0.5261	0.4520	0.5787	0.4285	0.2384	0.4285
26.3	0.5521	0.7239	0.5787	0.4520	0.7557	0.4761	0.6633	0.7885	0.6633	0.5261	0.6343	0.6343	0.6633	0.6343	0.6633	0.5787	0.4520	0.4055	0.4761	0.3610
26.4	0.5787	0.5787	0.5008	0.4761	0.5521	0.5008	0.5787	0.6343	0.6343	0.4520	0.4055	0.5521	0.4761	0.4055	0.5787	0.5008	0.5787	0.3830	0.3185	0.2978
26.5	0.4055	0.6061	0.4285	0.4055	0.6343	0.5261	0.4520	0.5521	0.6633	0.5261	0.4761	0.4761	0.7239	0.5787	0.6633	0.6931	0.6633	0.6061	0.2978	0.5521
27.1	0.4761	0.4761	0.5521	0.3830	0.6061	0.6061	0.5261	0.5261	0.6343	0.3185	0.4520	0.5521	0.5261	0.4055	0.6931	0.5008	0.3395	0.3830	0.3610	0.4285

EK-2 Devamı

Genotip	9.1	9.2	9.3	9.4	9.5	10.1	10.2	10.3	10.4	10.5	11.1	11.2	11.3	11.4	11.5	12.1	12.2	12.3	12.4	12.5
27.2	0.5787	0.3395	0.6061	0.6343	0.6633	0.6061	0.5261	0.5787	0.8224	0.6061	0.5521	0.5521	0.6343	0.5008	0.5787	0.7239	0.5261	0.4285	0.5521	0.4761
27.3	0.6633	0.5521	0.6343	0.4520	0.7557	0.4761	0.6061	0.6633	0.6633	0.4285	0.5261	0.4761	0.6061	0.5787	0.7239	0.6343	0.5521	0.3185	0.3395	0.3610
27.4	0.6633	0.4520	0.6343	0.4520	0.5787	0.4761	0.6061	0.5008	0.4520	0.3830	0.4761	0.5787	0.4520	0.5261	0.5521	0.4761	0.2776	0.2776	0.3830	0.2384
27.5	0.6633	0.4520	0.5261	0.4055	0.5261	0.3830	0.5008	0.4520	0.3185	0.3830	0.3830	0.5261	0.5008	0.5261	0.6061	0.4761	0.5521	0.2776	0.2978	0.3610
28.1	0.5521	0.6061	0.4761	0.3610	0.5787	0.4761	0.6633	0.5008	0.5521	0.3395	0.3830	0.3830	0.5521	0.4285	0.6633	0.4761	0.5008	0.4520	0.3830	0.5521
28.2	0.5261	0.4285	0.4055	0.3830	0.6061	0.4055	0.5261	0.4761	0.6343	0.4520	0.4055	0.3610	0.6343	0.4520	0.5787	0.5521	0.4761	0.4285	0.3610	0.4761
28.3	0.5787	0.5787	0.5521	0.4761	0.6061	0.5008	0.6931	0.5787	0.5261	0.4055	0.4520	0.4520	0.6343	0.4520	0.7557	0.5521	0.4285	0.4285	0.3610	0.4761
28.4	0.6061	0.6061	0.5261	0.5008	0.5261	0.5787	0.7239	0.5521	0.5008	0.4761	0.4285	0.6343	0.6633	0.4761	0.8575	0.5787	0.6061	0.6061	0.4285	0.6061
28.5	0.5787	0.5261	0.5008	0.3830	0.4520	0.6633	0.4285	0.5787	0.6343	0.4055	0.5521	0.5008	0.5787	0.4055	0.5261	0.6061	0.4761	0.4761	0.4520	0.5787
29.1	0.5008	0.5008	0.3830	0.3610	0.5787	0.5261	0.5008	0.5521	0.5521	0.4285	0.4761	0.4285	0.6633	0.5261	0.6633	0.5261	0.5008	0.4055	0.2978	0.4055
29.2	0.5008	0.3610	0.3830	0.3610	0.4285	0.5787	0.4055	0.5008	0.5521	0.3830	0.4761	0.5261	0.5008	0.6343	0.4520	0.4285	0.5008	0.4055	0.3395	0.2776
29.3	0.4520	0.6633	0.4285	0.3185	0.5261	0.4285	0.5521	0.6061	0.6061	0.4761	0.4761	0.3830	0.5521	0.5787	0.5521	0.5261	0.5008	0.5521	0.3830	0.4520
29.4	0.6633	0.4520	0.6343	0.4520	0.5261	0.4285	0.6633	0.5521	0.6061	0.4285	0.5787	0.4285	0.5008	0.4761	0.4520	0.5261	0.4520	0.2776	0.4285	0.4055
29.5	0.5521	0.6061	0.5261	0.3185	0.3830	0.5787	0.5008	0.5008	0.5008	0.2578	0.4285	0.4285	0.3610	0.5261	0.5008	0.4285	0.4055	0.4520	0.1823	0.4055
30.1	0.7239	0.5521	0.5261	0.3610	0.5261	0.3830	0.6633	0.7885	0.5521	0.4285	0.5261	0.3830	0.5008	0.4761	0.6633	0.5261	0.4520	0.3185	0.4761	0.2776
33.1	0.3830	0.5261	0.5521	0.4761	0.5521	0.4055	0.5261	0.4761	0.4761	0.5008	0.3185	0.4520	0.3830	0.5008	0.4761	0.5008	0.6343	0.4761	0.4055	0.4285
33.2	0.5521	0.5521	0.6343	0.4520	0.4761	0.5787	0.7239	0.5521	0.4520	0.4761	0.4761	0.5787	0.6061	0.5261	0.7885	0.5261	0.5008	0.5008	0.3395	0.4520
33.3	0.3610	0.5008	0.3830	0.4055	0.5261	0.5261	0.5008	0.7885	0.5521	0.5261	0.4761	0.3830	0.4520	0.4761	0.6061	0.4285	0.4520	0.3610	0.2978	0.3610
33.4	0.5261	0.4761	0.6633	0.5787	0.4520	0.5008	0.6931	0.4761	0.4761	0.5008	0.4055	0.6061	0.4285	0.4055	0.5787	0.5008	0.4285	0.3395	0.4520	0.5787
33.5	0.6343	0.4761	0.6633	0.5787	0.6633	0.5008	0.5787	0.6931	0.5787	0.5008	0.5521	0.5521	0.5787	0.5008	0.6931	0.6061	0.4761	0.3830	0.5521	0.4761
34.1	0.4761	0.4285	0.5521	0.4761	0.6061	0.3610	0.5787	0.5787	0.5787	0.5008	0.6061	0.4520	0.4761	0.6061	0.5787	0.5521	0.5261	0.4285	0.5521	0.4285
34.2	0.3830	0.4285	0.3610	0.3395	0.3185	0.5008	0.3830	0.5787	0.4285	0.2384	0.3610	0.3610	0.3830	0.4520	0.5787	0.3610	0.5787	0.4285	0.2007	0.3830
34.3	0.4761	0.4761	0.4520	0.4761	0.5008	0.4055	0.4761	0.6931	0.4285	0.5008	0.4520	0.5521	0.4761	0.4520	0.6343	0.4520	0.4761	0.3395	0.5008	0.3395
34.4	0.3395	0.5261	0.4520	0.3830	0.6061	0.5008	0.5261	0.6931	0.6931	0.5008	0.5008	0.4520	0.5787	0.5521	0.5261	0.5521	0.4285	0.4761	0.3610	0.4285
34.5	0.5787	0.4285	0.5008	0.4761	0.4055	0.5521	0.4285	0.4761	0.4285	0.3185	0.4055	0.4520	0.3830	0.4520	0.5787	0.6061	0.5787	0.4285	0.5008	0.4285
35.1	0.4520	0.6633	0.5261	0.4055	0.5261	0.5261	0.6061	0.7239	0.5521	0.4285	0.4761	0.3830	0.5008	0.5261	0.7239	0.5261	0.5521	0.5521	0.4285	0.5008
35.2	0.3830	0.4761	0.5521	0.5787	0.6061	0.6633	0.4285	0.6931	0.6931	0.6633	0.4520	0.5008	0.5787	0.5008	0.6343	0.6061	0.5261	0.4285	0.5008	0.4761
35.3	0.5521	0.5008	0.6343	0.5521	0.6343	0.6343	0.6633	0.6633	0.6061	0.4761	0.5787	0.5787	0.6061	0.5261	0.7239	0.6931	0.6061	0.4055	0.5261	0.6061
35.4	0.5008	0.4520	0.4761	0.4520	0.6343	0.5261	0.5521	0.5521	0.5008	0.5261	0.5261	0.4285	0.6061	0.5261	0.6633	0.6931	0.6061	0.5008	0.5261	0.5521
35.5	0.4761	0.4761	0.4520	0.4285	0.5521	0.5521	0.5787	0.6343	0.6343	0.6061	0.5521	0.5008	0.5787	0.5521	0.4761	0.6633	0.4285	0.4285	0.5521	0.3830



EK-2 Devamı

Genotip	13.1	13.2	13.3	13.4	13.5	14.1	14.2	14.3	14.4	14.5	15.1	15.2	15.3	15.4	15.5	16.1	16.2	16.3	16.4	16.5	
13.2	0.6061																				
13.3	0.5261	0.3830																			
13.4	0.4055	0.5521	0.5787																		
13.5	0.3610	0.4055	0.3830	0.2776																	
14.1	0.4055	0.4055	0.4761	0.3610	0.4055																
14.2	0.6633	0.5008	0.3395	0.5521	0.4520	0.4055															
14.3	0.4055	0.6061	0.6343	0.2384	0.2776	0.3185	0.4520														
14.4	0.5521	0.6061	0.5261	0.3610	0.2776	0.5008	0.4520	0.3610													
14.5	0.4761	0.5787	0.5008	0.3830	0.2978	0.3395	0.4285	0.2578	0.3830												
15.1	0.4761	0.4285	0.4520	0.6343	0.5261	0.5787	0.4761	0.5787	0.6343	0.4520											
15.2	0.4761	0.6343	0.6061	0.5261	0.5787	0.5787	0.6931	0.4761	0.6343	0.5521	0.4055										
15.3	0.5261	0.6931	0.5521	0.4761	0.5261	0.5261	0.4761	0.4761	0.6343	0.3610	0.3610	0.2384									
15.4	0.5261	0.7557	0.6061	0.4761	0.5261	0.8938	0.5787	0.5261	0.5261	0.6061	0.2776	0.3610	0.3610								
15.5	0.5261	0.7557	0.5521	0.4285	0.5261	0.6343	0.5787	0.4285	0.4761	0.3610	0.3610	0.5008	0.3185	0.2384							
16.1	0.6343	0.4761	0.4520	0.3830	0.2978	0.4761	0.5787	0.4761	0.4285	0.3185	0.6061	0.5521	0.5008	0.5008	0.5521						
16.2	0.5521	0.3185	0.4285	0.4055	0.3185	0.4055	0.4520	0.4520	0.5521	0.3830	0.4761	0.7557	0.6343	0.5787	0.5787	0.3830					
16.3	0.5787	0.4285	0.3610	0.4285	0.3830	0.4285	0.4285	0.4285	0.4761	0.3185	0.5521	0.5521	0.4520	0.6061	0.5008	0.2776	0.3830				
16.4	0.4055	0.4055	0.3830	0.2776	0.2384	0.4520	0.4055	0.3610	0.4055	0.2578	0.3830	0.5787	0.4761	0.4285	0.3830	0.2978	0.2384	0.3395			
16.5	0.4285	0.5787	0.4520	0.3830	0.4761	0.5787	0.5261	0.3395	0.3830	0.3610	0.5008	0.6061	0.5521	0.5008	0.3610	0.5521	0.5787	0.4520	0.3395		
17.1	0.5787	0.4285	0.5008	0.4285	0.3830	0.6931	0.5787	0.5261	0.4285	0.5008	0.6061	0.6633	0.7239	0.5008	0.4520	0.5008	0.2978	0.5521	0.3395	0.5008	
17.2	0.3830	0.3830	0.5521	0.3395	0.3830	0.3830	0.5787	0.4285	0.5261	0.5008	0.4520	0.6633	0.5521	0.4520	0.3610	0.5008	0.3395	0.7239	0.3395	0.5008	
17.3	0.3395	0.4761	0.3610	0.4761	0.2978	0.4761	0.5787	0.5787	0.3395	0.5008	0.4055	0.5008	0.4520	0.3610	0.3185	0.4055	0.4761	0.4520	0.3395	0.5008	
17.4	0.6061	0.4520	0.3830	0.4520	0.4055	0.5521	0.4520	0.4520	0.4520	0.4761	0.6343	0.4285	0.4761	0.5787	0.4761	0.3830	0.3610	0.4761	0.2776	0.4285	
17.5	0.4285	0.5261	0.4520	0.5261	0.2978	0.4285	0.5261	0.4285	0.3830	0.3610	0.5521	0.5008	0.5521	0.4520	0.4520	0.4055	0.4761	0.5521	0.3830	0.4520	
18.1	0.3610	0.5521	0.4761	0.4520	0.4055	0.4520	0.5008	0.2776	0.3610	0.2978	0.5261	0.6931	0.4761	0.4761	0.2578	0.4285	0.4520	0.4761	0.3185	0.2578	
18.2	0.4055	0.4055	0.4285	0.6061	0.4520	0.3185	0.3610	0.4055	0.5008	0.3830	0.4285	0.5261	0.5261	0.4761	0.4285	0.3830	0.4520	0.3395	0.3185	0.5261	
18.3	0.3830	0.5787	0.3610	0.4761	0.3395	0.6343	0.5261	0.4761	0.3830	0.4055	0.5008	0.6061	0.4520	0.4520	0.4520	0.4055	0.4285	0.5008	0.3395	0.4055	
18.4	0.4285	0.5261	0.4055	0.3830	0.3395	0.5261	0.6931	0.3395	0.2194	0.4520	0.6061	0.4055	0.5521	0.5521	0.5008	0.4520	0.5787	0.5521	0.4761	0.4055	
18.5	0.4285	0.2978	0.4055	0.4285	0.3395	0.3830	0.4761	0.4761	0.4285	0.5521	0.6061	0.5521	0.5008	0.6633	0.5521	0.4520	0.2978	0.4055	0.3395	0.5521	
19.1	0.6061	0.3610	0.2978	0.4055	0.3185	0.4055	0.3185	0.4055	0.3185	0.3830	0.6931	0.5787	0.5261	0.8224	0.6931	0.3395	0.4055	0.2578	0.3610	0.4761	
19.2	0.3610	0.4520	0.4285	0.4520	0.4055	0.4520	0.5008	0.5008	0.4055	0.3830	0.5787	0.6343	0.6343	0.6343	0.6931	0.3395	0.4055	0.4285	0.2776	0.4761	
19.3	0.5008	0.7239	0.3395	0.4520	0.4520	0.4055	0.5521	0.5008	0.4520	0.4285	0.5787	0.4761	0.4761	0.6931	0.6343	0.3830	0.5521	0.4285	0.5008	0.4285	
19.4	0.4520	0.5008	0.4761	0.2384	0.2384	0.2776	0.3610	0.1643	0.3610	0.2978	0.7557	0.6931	0.5787	0.7557	0.5261	0.4285	0.4055	0.3395	0.3610	0.4285	
19.5	0.4520	0.4055	0.3395	0.6061	0.3610	0.4055	0.3185	0.4520	0.3185	0.2978	0.5787	0.5261	0.5261	0.5787	0.5787	0.4761	0.4520	0.2978	0.3610	0.4285	
20.1	0.4055	0.3185	0.4761	0.4520	0.4055	0.3610	0.3610	0.4055	0.3610	0.2978	0.3395	0.5787	0.5787	0.4761	0.4761	0.4761	0.4055	0.3830	0.3610	0.3395	

EK-2 Devamı

Genotip	13.1	13.2	13.3	13.4	13.5	14.1	14.2	14.3	14.4	14.5	15.1	15.2	15.3	15.4	15.5	16.1	16.2	16.3	16.4	16.5
20.2	0.4055	0.4055	0.5261	0.3610	0.4520	0.2384	0.5008	0.4055	0.4520	0.3830	0.5261	0.4285	0.5787	0.5787	0.6343	0.4285	0.3610	0.4285	0.3610	0.6931
20.3	0.4285	0.3830	0.5008	0.5261	0.4285	0.3830	0.5261	0.3830	0.3395	0.3185	0.5521	0.3610	0.5521	0.5521	0.6061	0.4520	0.4761	0.3610	0.4761	0.5008
20.4	0.3610	0.3185	0.4761	0.4520	0.4055	0.2776	0.3610	0.4520	0.4520	0.3395	0.4285	0.6343	0.5261	0.6931	0.5261	0.4761	0.3185	0.3395	0.2776	0.4761
20.5	0.5787	0.5261	0.4520	0.4285	0.4285	0.4761	0.5787	0.4285	0.2978	0.2384	0.5008	0.4520	0.5008	0.5521	0.4055	0.4520	0.4761	0.4520	0.3395	0.4520
21.1	0.4285	0.4285	0.3185	0.4285	0.2978	0.4285	0.4285	0.3395	0.4761	0.2384	0.4520	0.5521	0.5008	0.5008	0.5521	0.2776	0.2578	0.3185	0.1823	0.4055
21.2	0.3395	0.3395	0.4055	0.6343	0.4285	0.4285	0.5787	0.4285	0.4761	0.3185	0.4055	0.5008	0.5521	0.5521	0.5521	0.4055	0.3395	0.3610	0.2578	0.3610
21.3	0.4761	0.4285	0.4055	0.5261	0.3395	0.4285	0.3395	0.4761	0.3830	0.3185	0.5521	0.6061	0.5521	0.5521	0.6061	0.3610	0.2978	0.2776	0.2978	0.5521
21.4	0.5008	0.4520	0.3395	0.4055	0.3185	0.5008	0.4055	0.5008	0.4055	0.4285	0.4285	0.5261	0.5261	0.6343	0.5787	0.4285	0.4055	0.3830	0.2384	0.5787
21.5	0.5787	0.4761	0.3185	0.6343	0.3830	0.5261	0.4285	0.4285	0.3830	0.4055	0.4520	0.6061	0.6633	0.5008	0.5521	0.4055	0.2978	0.4055	0.2978	0.4520
22.1	0.4055	0.6061	0.3830	0.3185	0.3610	0.4520	0.4520	0.3610	0.4055	0.5261	0.5787	0.6343	0.7557	0.5261	0.4761	0.5261	0.5008	0.4761	0.2776	0.2978
22.2	0.5521	0.4520	0.3395	0.5521	0.5521	0.4055	0.5008	0.5521	0.6061	0.6343	0.5261	0.4761	0.5787	0.6931	0.6343	0.6931	0.5008	0.4285	0.4520	0.5787
22.3	0.5008	0.3610	0.3830	0.4055	0.3185	0.4055	0.4055	0.5008	0.5008	0.6343	0.6343	0.6343	0.6931	0.6343	0.6931	0.4761	0.4055	0.4761	0.4520	0.5787
22.4	0.5521	0.5521	0.3830	0.3185	0.4520	0.6061	0.5521	0.5008	0.3185	0.6343	0.7557	0.6343	0.6343	0.6343	0.5261	0.5787	0.6061	0.3830	0.4520	0.3395
22.5	0.3610	0.4055	0.4285	0.3610	0.2384	0.4520	0.6061	0.5008	0.3185	0.5261	0.6343	0.5787	0.5787	0.5787	0.5261	0.4761	0.4055	0.3830	0.3185	0.5261
23.1	0.4761	0.7557	0.4055	0.4761	0.4761	0.4761	0.4285	0.4761	0.4285	0.4520	0.6633	0.6061	0.6061	0.6633	0.5521	0.6061	0.6343	0.5521	0.3395	0.4520
23.2	0.5008	0.4055	0.2978	0.4520	0.4055	0.4520	0.5521	0.4055	0.5261	0.4761	0.5787	0.5787	0.6343	0.5261	0.6343	0.4055	0.4285	0.3185	0.5261	0.5261
23.3	0.4761	0.4285	0.5521	0.5261	0.4761	0.4761	0.5787	0.5261	0.4761	0.5521	0.5008	0.6061	0.7239	0.7239	0.7239	0.5521	0.3395	0.5521	0.3830	0.6061
23.4	0.4520	0.6061	0.4761	0.3610	0.3610	0.5521	0.6061	0.4520	0.3185	0.4761	0.6343	0.5261	0.6343	0.5261	0.4761	0.4285	0.4055	0.4761	0.3185	0.4285
23.5	0.4761	0.3830	0.2776	0.5261	0.4285	0.5787	0.5261	0.6931	0.5261	0.5521	0.4520	0.6633	0.6633	0.6061	0.4520	0.6061	0.3830	0.5008	0.2978	0.5008
24.1	0.5521	0.4055	0.4761	0.5521	0.3610	0.4520	0.5008	0.4520	0.4055	0.4285	0.5787	0.6343	0.8224	0.6931	0.6931	0.3395	0.3185	0.3830	0.2776	0.4761
24.2	0.4055	0.5008	0.5261	0.3610	0.3185	0.5008	0.5521	0.5008	0.4520	0.4761	0.6931	0.6931	0.6343	0.5261	0.5787	0.4285	0.4055	0.4761	0.2776	0.5787
24.3	0.4285	0.4285	0.5008	0.4285	0.3395	0.3395	0.4761	0.3395	0.3830	0.3610	0.6633	0.6633	0.6633	0.6633	0.6061	0.4055	0.2578	0.4520	0.2978	0.5008
24.4	0.5521	0.4520	0.4761	0.3610	0.2776	0.5521	0.5008	0.4055	0.3610	0.4285	0.6931	0.6931	0.6343	0.6343	0.5787	0.4761	0.3610	0.4761	0.3185	0.5787
24.5	0.5008	0.6633	0.5787	0.4055	0.4055	0.4055	0.5521	0.4055	0.4055	0.2578	0.5261	0.5787	0.4285	0.6931	0.5261	0.4761	0.5521	0.4285	0.3610	0.5261
25.1	0.5787	0.4761	0.5521	0.5261	0.3395	0.6931	0.6343	0.3395	0.3830	0.5008	0.7239	0.7239	0.6061	0.6633	0.6061	0.6061	0.5261	0.5521	0.4285	0.4520
25.2	0.4055	0.5521	0.5261	0.4520	0.3610	0.5008	0.6633	0.5008	0.6061	0.4285	0.6343	0.7557	0.6343	0.6343	0.5787	0.4285	0.4520	0.5261	0.3610	0.5261
25.3	0.5008	0.5521	0.5787	0.4520	0.4055	0.4055	0.5008	0.3185	0.5521	0.3395	0.6343	0.6343	0.5261	0.6931	0.5261	0.5261	0.4055	0.4761	0.4055	0.5261
25.4	0.5261	0.5261	0.6633	0.4761	0.4285	0.6931	0.7557	0.4761	0.5261	0.5008	0.6061	0.7885	0.6633	0.5521	0.5521	0.4520	0.4761	0.5008	0.3395	0.4055
25.5	0.6343	0.4761	0.6061	0.4761	0.5261	0.5787	0.6343	0.5261	0.6343	0.6633	0.5008	0.7239	0.7239	0.6633	0.6061	0.8575	0.4761	0.6633	0.4285	0.5521
26.1	0.5008	0.4520	0.4285	0.4520	0.3610	0.3610	0.5008	0.4520	0.5008	0.5261	0.5787	0.5787	0.7557	0.6931	0.7557	0.4285	0.3610	0.2978	0.3610	0.5261
26.2	0.4520	0.3610	0.3395	0.4520	0.4055	0.3610	0.6061	0.5521	0.5521	0.6343	0.6931	0.5787	0.7557	0.8224	0.7557	0.3830	0.4055	0.3395	0.4055	0.6343
26.3	0.6343	0.5261	0.4520	0.5261	0.4285	0.5261	0.4761	0.5787	0.5787	0.6061	0.5521	0.6061	0.6633	0.6061	0.6633	0.4520	0.4285	0.3610	0.3395	0.5521
26.4	0.4520	0.5521	0.4761	0.6061	0.4520	0.4520	0.5008	0.5521	0.5008	0.5261	0.7557	0.8224	0.9708	0.8224	0.8224	0.5261	0.4520	0.5261	0.4055	0.5261
26.5	0.4285	0.4761	0.5008	0.4761	0.4285	0.6931	0.6931	0.6343	0.4761	0.6633	0.5521	0.6633	0.8575	0.5521	0.5521	0.5008	0.5261	0.6061	0.4285	0.5008
27.1	0.5008	0.5521	0.3395	0.4055	0.3185	0.5008	0.5008	0.4520	0.5008	0.3830	0.5787	0.6931	0.5261	0.5261	0.4285	0.3395	0.4055	0.3830	0.4055	0.2978

EK-2 Devamı

Genotip	13.1	13.2	13.3	13.4	13.5	14.1	14.2	14.3	14.4	14.5	15.1	15.2	15.3	15.4	15.5	16.1	16.2	16.3	16.4	16.5
27.2	0.4055	0.5521	0.6931	0.4520	0.4520	0.4055	0.6061	0.3185	0.6061	0.4761	0.6343	0.7557	0.7557	0.5787	0.6931	0.5787	0.5008	0.6931	0.6061	0.4761
27.3	0.3395	0.5261	0.4520	0.4761	0.4285	0.4285	0.4285	0.4285	0.6931	0.4055	0.4520	0.5008	0.4520	0.5521	0.5008	0.4055	0.4285	0.4055	0.3395	0.4055
27.4	0.6343	0.3395	0.3610	0.4285	0.3395	0.4761	0.2978	0.3830	0.4761	0.5008	0.6061	0.6061	0.5008	0.5521	0.5521	0.4055	0.3830	0.3185	0.2978	0.3610
27.5	0.5261	0.3395	0.4520	0.4285	0.3830	0.4761	0.4285	0.5261	0.5261	0.4520	0.5008	0.6633	0.6061	0.6633	0.6633	0.3610	0.4285	0.4520	0.2578	0.5521
28.1	0.4761	0.3830	0.4055	0.5261	0.3830	0.3830	0.5787	0.5261	0.5261	0.5521	0.5008	0.6633	0.7239	0.7885	0.6633	0.3610	0.4285	0.3610	0.4761	0.5008
28.2	0.3610	0.6061	0.4285	0.4520	0.4055	0.4520	0.5521	0.5008	0.5521	0.6343	0.6931	0.8224	0.8224	0.6931	0.5787	0.5261	0.4520	0.6343	0.4055	0.4285
28.3	0.4520	0.5008	0.3830	0.5521	0.3610	0.6061	0.5008	0.5521	0.5008	0.5787	0.6343	0.6343	0.5261	0.6343	0.5787	0.3830	0.4520	0.3395	0.3610	0.5261
28.4	0.5261	0.5261	0.4520	0.6343	0.5787	0.6931	0.6931	0.7557	0.5787	0.7239	0.6633	0.6061	0.6061	0.7885	0.6633	0.4520	0.6343	0.4520	0.5261	0.6061
28.5	0.5008	0.6061	0.3830	0.5008	0.4520	0.4520	0.5521	0.5521	0.6061	0.3830	0.5787	0.7557	0.6343	0.7557	0.6343	0.5787	0.5521	0.5787	0.5008	0.5261
29.1	0.3830	0.4285	0.3610	0.3830	0.2978	0.4285	0.5261	0.5261	0.4285	0.5521	0.6633	0.7885	0.8575	0.6633	0.7239	0.3185	0.4285	0.4520	0.3830	0.4520
29.2	0.4285	0.4761	0.4055	0.4285	0.4285	0.3395	0.6343	0.5787	0.5261	0.5521	0.5008	0.6061	0.8575	0.5521	0.6633	0.3185	0.3830	0.4055	0.4761	0.6061
29.3	0.4761	0.3830	0.3185	0.4761	0.3830	0.4285	0.4761	0.5261	0.4761	0.5521	0.5521	0.7239	0.8575	0.7239	0.6061	0.5008	0.3830	0.5008	0.4285	0.5521
29.4	0.5787	0.4285	0.4520	0.4761	0.4285	0.3830	0.3830	0.4285	0.5787	0.4055	0.6633	0.5521	0.6633	0.6633	0.7239	0.4520	0.3830	0.4055	0.3395	0.5521
29.5	0.5787	0.5261	0.3185	0.5261	0.3830	0.5261	0.4761	0.4761	0.3830	0.4055	0.5521	0.6633	0.6633	0.6633	0.4055	0.4055	0.4285	0.4520	0.3830	0.3610
30.1	0.6931	0.3395	0.4055	0.5261	0.3830	0.4285	0.4285	0.4285	0.5787	0.4520	0.4055	0.6061	0.6061	0.7239	0.6633	0.5008	0.2578	0.4520	0.3395	0.6061
30.2	0.5787	0.5261	0.4055	0.3395	0.5261	0.4285	0.4285	0.4285	0.5787	0.5521	0.7239	0.6633	0.6633	0.7885	0.6633	0.6061	0.5261	0.5008	0.3830	0.4055
30.3	0.3395	0.4761	0.4055	0.3395	0.3830	0.3830	0.4285	0.3830	0.4761	0.4520	0.6061	0.6061	0.6633	0.5008	0.5521	0.4055	0.3830	0.3610	0.2194	0.3610
30.4	0.4520	0.5008	0.4285	0.3610	0.3610	0.5008	0.4520	0.2776	0.5008	0.3830	0.6931	0.5787	0.6343	0.5261	0.5787	0.5261	0.5008	0.4761	0.4055	0.3395
30.5	0.5261	0.5261	0.4520	0.3830	0.2978	0.5787	0.2978	0.3830	0.3395	0.4520	0.7239	0.7239	0.7239	0.6061	0.7239	0.5008	0.5261	0.5008	0.4761	0.5008
31.1	0.5261	0.4761	0.4055	0.4285	0.3830	0.4761	0.4761	0.4761	0.5787	0.2776	0.4520	0.5521	0.4055	0.5521	0.6061	0.4055	0.3395	0.5008	0.3395	0.5521
31.2	0.5008	0.4520	0.3830	0.4055	0.2776	0.3185	0.4520	0.4055	0.5008	0.4285	0.6343	0.5261	0.5261	0.6931	0.6343	0.4285	0.3610	0.3395	0.3610	0.5261
31.3	0.4520	0.4055	0.3830	0.3610	0.3185	0.3185	0.4520	0.4055	0.6633	0.3395	0.5261	0.6343	0.4761	0.6343	0.5787	0.2978	0.2776	0.4285	0.2776	0.3830
31.4	0.5787	0.2978	0.3610	0.4285	0.2578	0.4761	0.3395	0.4761	0.4761	0.4520	0.4520	0.6633	0.6633	0.6061	0.6633	0.3185	0.2578	0.3185	0.2578	0.4055
31.5	0.5261	0.4761	0.3185	0.4285	0.3395	0.4285	0.4285	0.4285	0.4285	0.3610	0.6633	0.6061	0.5521	0.8575	0.6633	0.3610	0.5787	0.3185	0.3830	0.3610
32.1	0.2578	0.4761	0.4520	0.4285	0.2194	0.5261	0.6343	0.3830	0.3830	0.4055	0.4520	0.4055	0.4520	0.4520	0.6061	0.4055	0.4761	0.4520	0.3395	0.5008
32.2	0.3395	0.5261	0.5521	0.3830	0.4285	0.4285	0.5261	0.5787	0.4761	0.5521	0.6633	0.7239	0.8575	0.6061	0.6061	0.6061	0.4285	0.5521	0.4285	0.4520
32.3	0.4520	0.4055	0.4761	0.4055	0.3610	0.3610	0.4520	0.2776	0.5008	0.4761	0.6343	0.5261	0.6343	0.6343	0.6931	0.4761	0.3610	0.3830	0.4520	0.4285
32.4	0.4761	0.5787	0.4055	0.3395	0.2978	0.5261	0.4285	0.4285	0.2978	0.4520	0.9316	0.8575	0.7885	0.7239	0.6061	0.4055	0.4761	0.5008	0.3830	0.3610
32.5	0.2776	0.7239	0.4285	0.3610	0.3610	0.4055	0.5521	0.4520	0.5008	0.3830	0.6343	0.5787	0.4285	0.6343	0.4761	0.3830	0.5008	0.5261	0.3185	0.4761
33.1	0.3185	0.6061	0.5261	0.4055	0.5008	0.4055	0.4055	0.4055	0.3185	0.4285	0.5787	0.4761	0.4285	0.6343	0.5261	0.5787	0.5521	0.4761	0.3610	0.4285
33.2	0.4761	0.5261	0.4055	0.4761	0.4285	0.5261	0.5261	0.3830	0.4761	0.5008	0.8575	0.6633	0.5521	0.7239	0.6061	0.4520	0.4285	0.4055	0.5261	0.3610
33.3	0.2978	0.5261	0.4520	0.3830	0.2578	0.4285	0.4761	0.2578	0.3830	0.3185	0.6633	0.6061	0.6633	0.5521	0.6633	0.4055	0.3830	0.3610	0.3395	0.4055
33.4	0.4520	0.4520	0.5787	0.5008	0.6061	0.6633	0.6061	0.4055	0.5521	0.4285	0.5787	0.5261	0.4761	0.5261	0.5261	0.5261	0.5521	0.4285	0.3610	0.2578
33.5	0.5008	0.5521	0.5787	0.4520	0.5008	0.5008	0.4520	0.3610	0.6633	0.3395	0.6343	0.4761	0.3830	0.5261	0.4285	0.4285	0.4055	0.4285	0.3610	0.4285
34.1	0.5008	0.5521	0.5261	0.4055	0.4520	0.5008	0.3610	0.4055	0.5008	0.5787	0.5787	0.3830	0.4761	0.4761	0.6343	0.5261	0.4055	0.4285	0.3610	0.5787

EK-2 Devamı

Genotip	13.1	13.2	13.3	13.4	13.5	14.1	14.2	14.3	14.4	14.5	15.1	15.2	15.3	15.4	15.5	16.1	16.2	16.3	16.4	16.5
34.2	0.4055	0.6061	0.3830	0.5521	0.3610	0.3610	0.5521	0.5008	0.3610	0.2578	0.5261	0.5787	0.4761	0.6343	0.4285	0.3830	0.3610	0.5261	0.4055	0.5787
34.3	0.5008	0.3185	0.4761	0.4055	0.4520	0.3610	0.3185	0.4520	0.5008	0.4285	0.6931	0.6343	0.5787	0.8224	0.7557	0.5261	0.4520	0.4285	0.3185	0.5787
34.4	0.3610	0.5521	0.5261	0.3610	0.3185	0.4055	0.5008	0.2776	0.4055	0.4285	0.6931	0.4761	0.5787	0.5261	0.5787	0.5261	0.3610	0.3830	0.4055	0.4761
34.5	0.5521	0.5521	0.5261	0.4520	0.3610	0.4520	0.5521	0.4520	0.5008	0.2978	0.4761	0.5787	0.4761	0.6931	0.5787	0.4285	0.4055	0.5787	0.3610	0.5787
35.1	0.3830	0.6343	0.4055	0.3830	0.2978	0.4761	0.3830	0.3395	0.4761	0.2384	0.6061	0.5521	0.4055	0.6633	0.5521	0.4055	0.4285	0.3610	0.3395	0.5008
35.2	0.3610	0.5521	0.5787	0.6061	0.4520	0.5521	0.6061	0.4055	0.4520	0.3830	0.4285	0.4285	0.5261	0.3830	0.4285	0.6343	0.5521	0.5261	0.5008	0.5261
35.3	0.4285	0.5261	0.5521	0.5261	0.4285	0.3395	0.5787	0.3830	0.6343	0.3185	0.5521	0.4520	0.3610	0.6633	0.6061	0.5008	0.5261	0.5008	0.4761	0.6061
35.4	0.3830	0.5261	0.4520	0.2578	0.3395	0.4285	0.5261	0.3395	0.5787	0.5008	0.7239	0.5521	0.5521	0.7239	0.7239	0.5521	0.5261	0.5008	0.4285	0.4055
35.5	0.4520	0.5008	0.4761	0.4520	0.3610	0.5008	0.5008	0.3185	0.4055	0.5787	0.6931	0.6343	0.7557	0.6343	0.6343	0.7557	0.4055	0.5787	0.4520	0.4761

Genotip	17.1	17.2	17.3	17.4	17.5	18.1	18.2	18.3	18.4	18.5	19.1	19.2	19.3	19.4	19.5	20.1	20.2	20.3	20.4	20.5
17.2	0.3185																			
17.3	0.4055	0.2776																		
17.4	0.2194	0.4761	0.5261																	
17.5	0.4520	0.3610	0.2007	0.4761																
18.1	0.4285	0.2578	0.3395	0.4520	0.3830															
18.2	0.4761	0.4285	0.2978	0.4055	0.2578	0.3185														
18.3	0.5008	0.4520	0.2776	0.4761	0.3610	0.3395	0.5261													
18.4	0.4520	0.4055	0.3185	0.4285	0.4520	0.3395	0.6931	0.2776												
18.5	0.4055	0.3610	0.2007	0.4285	0.3610	0.4285	0.3830	0.2776	0.3185											
19.1	0.4285	0.6343	0.5261	0.3185	0.5787	0.4520	0.4055	0.4285	0.3395	0.3395										
19.2	0.5787	0.5787	0.5261	0.4520	0.4761	0.4520	0.4055	0.2978	0.4285	0.4761	0.2776									
19.3	0.7557	0.6343	0.5787	0.5521	0.4761	0.5521	0.6061	0.5787	0.4285	0.5787	0.4055	0.4520								
19.4	0.4285	0.3830	0.4285	0.4520	0.3830	0.3185	0.4055	0.3830	0.3830	0.2978	0.2384	0.4520	0.5008							
19.5	0.5261	0.6931	0.4285	0.5008	0.3830	0.4055	0.3185	0.4285	0.4761	0.4285	0.2776	0.2776	0.5008	0.4520						
20.1	0.6343	0.4285	0.4285	0.6061	0.4285	0.3185	0.2776	0.4761	0.4285	0.4285	0.4055	0.3610	0.6061	0.4520	0.2776					
20.2	0.4761	0.3395	0.4761	0.5521	0.4285	0.5008	0.3185	0.6931	0.4285	0.3830	0.3610	0.4055	0.3610	0.4055	0.3610	0.3185				
20.3	0.7239	0.6061	0.4520	0.6931	0.3610	0.4285	0.3395	0.5008	0.3610	0.4055	0.3830	0.3395	0.4761	0.5261	0.1823	0.1823	0.2194			
20.4	0.5787	0.4761	0.4285	0.5521	0.3830	0.3610	0.2384	0.5787	0.6343	0.3395	0.3610	0.3610	0.4520	0.3610	0.2776	0.2384	0.2384	0.2978		
20.5	0.5008	0.5521	0.5008	0.4761	0.4520	0.4285	0.5261	0.5521	0.3610	0.5521	0.4285	0.4285	0.2978	0.5787	0.2578	0.3830	0.2978	0.2384	0.4285	
21.1	0.4055	0.5008	0.4055	0.3395	0.3610	0.3395	0.3395	0.2384	0.4055	0.3185	0.3395	0.2578	0.4761	0.3395	0.3395	0.3395	0.3830	0.3185	0.3395	0.4055
21.2	0.4520	0.4520	0.4055	0.4285	0.4055	0.2978	0.3395	0.3610	0.4055	0.3610	0.3830	0.3395	0.4285	0.4761	0.2578	0.3395	0.3395	0.2776	0.2978	0.3185
21.3	0.5521	0.6061	0.4055	0.4761	0.3610	0.4761	0.2978	0.3185	0.5008	0.3185	0.2578	0.2194	0.5261	0.3830	0.1823	0.2194	0.3395	0.2384	0.2978	0.3610

EK-2 Devamı

Genotip	17.1	17.2	17.3	17.4	17.5	18.1	18.2	18.3	18.4	18.5	19.1	19.2	19.3	19.4	19.5	20.1	20.2	20.3	20.4	20.5
21.4	0.5787	0.4761	0.3830	0.5008	0.5787	0.5008	0.5008	0.3395	0.3830	0.3395	0.3185	0.3185	0.5008	0.3610	0.4520	0.4055	0.4055	0.4285	0.3610	0.4285
21.5	0.4055	0.5521	0.4055	0.4285	0.4055	0.4285	0.3830	0.4055	0.4055	0.3610	0.3395	0.2978	0.3830	0.4285	0.2978	0.4285	0.3395	0.3185	0.3830	0.3185
22.1	0.3830	0.4761	0.3395	0.4520	0.4285	0.4055	0.4055	0.4761	0.4285	0.3830	0.3610	0.4055	0.5008	0.2776	0.4520	0.4520	0.4520	0.5787	0.4520	0.5261
22.2	0.5787	0.5787	0.4285	0.6061	0.6343	0.6633	0.5008	0.5787	0.4761	0.3830	0.3610	0.5008	0.4055	0.4520	0.4055	0.6061	0.4055	0.5261	0.5008	0.4761
22.3	0.5261	0.5261	0.4285	0.5008	0.5261	0.6061	0.5008	0.4761	0.4285	0.3395	0.2776	0.4520	0.6061	0.3610	0.4055	0.4055	0.4520	0.5261	0.4055	0.5787
22.4	0.5261	0.5261	0.3830	0.5008	0.4761	0.5008	0.5521	0.3395	0.2978	0.3395	0.2776	0.4055	0.5008	0.3610	0.5008	0.4520	0.5521	0.4761	0.5521	0.5261
22.5	0.4761	0.4285	0.1823	0.6061	0.3395	0.4520	0.4520	0.2578	0.3395	0.1466	0.4055	0.4055	0.5521	0.3185	0.3610	0.4055	0.4055	0.3395	0.3185	0.4761
23.1	0.6633	0.6633	0.6061	0.4761	0.5521	0.4761	0.4761	0.4520	0.5008	0.6061	0.3830	0.2978	0.4761	0.4761	0.2978	0.4761	0.4285	0.4520	0.4285	0.3610
23.2	0.5261	0.5261	0.2978	0.5521	0.4761	0.5008	0.4520	0.4285	0.3830	0.2978	0.3185	0.4055	0.5521	0.4055	0.3610	0.3610	0.3610	0.3830	0.3185	0.3830
23.3	0.6061	0.5521	0.4520	0.4761	0.5521	0.5787	0.4761	0.4055	0.4520	0.3610	0.3830	0.2978	0.6931	0.4761	0.4285	0.3830	0.4761	0.4520	0.3395	0.5521
23.4	0.3830	0.4761	0.4285	0.3610	0.4761	0.4520	0.5521	0.2578	0.2978	0.3830	0.3185	0.2776	0.5008	0.3610	0.4055	0.5008	0.4055	0.4761	0.4520	0.3830
23.5	0.5521	0.4520	0.2384	0.5261	0.4055	0.4761	0.4285	0.4055	0.4520	0.2776	0.4761	0.4761	0.6343	0.4761	0.4761	0.3830	0.5261	0.5008	0.3395	0.5008
24.1	0.4761	0.5787	0.4761	0.4055	0.3830	0.5008	0.2776	0.4761	0.5261	0.3395	0.2776	0.2776	0.5008	0.4055	0.3610	0.3185	0.3185	0.2978	0.2776	0.4285
24.2	0.4285	0.4285	0.3395	0.5008	0.3395	0.5521	0.3610	0.3830	0.5261	0.3395	0.3610	0.2776	0.6633	0.3610	0.4055	0.4520	0.3610	0.4761	0.3610	0.5787
24.3	0.4520	0.4055	0.3610	0.4285	0.3185	0.3830	0.3395	0.3185	0.3610	0.2007	0.3395	0.2578	0.5787	0.2578	0.3395	0.2978	0.3395	0.3185	0.2978	0.4520
24.4	0.4761	0.4761	0.4285	0.4520	0.4285	0.4520	0.5521	0.2578	0.3395	0.2978	0.3185	0.3185	0.6061	0.3185	0.4055	0.4055	0.5008	0.4285	0.5008	0.3830
24.5	0.5787	0.5261	0.3830	0.6061	0.4285	0.4055	0.4520	0.5261	0.4285	0.3830	0.4055	0.5008	0.4520	0.3185	0.4520	0.4055	0.3610	0.4285	0.3610	0.3830
25.1	0.5008	0.5008	0.5008	0.4761	0.5008	0.3830	0.6343	0.4055	0.2776	0.4055	0.3830	0.4285	0.6931	0.3830	0.4761	0.4761	0.6343	0.5008	0.5787	0.5521
25.2	0.5787	0.4761	0.3830	0.6633	0.4285	0.4055	0.5008	0.3830	0.4761	0.3830	0.5521	0.4055	0.6061	0.4055	0.5521	0.4055	0.5008	0.5261	0.3610	0.6343
25.3	0.5261	0.4761	0.4285	0.5521	0.3830	0.4055	0.4520	0.3395	0.4285	0.2978	0.4055	0.4520	0.6061	0.2776	0.4520	0.4055	0.4055	0.4285	0.4055	0.4761
25.4	0.5008	0.6633	0.5008	0.5787	0.5521	0.4761	0.5787	0.4055	0.5008	0.4520	0.4761	0.2978	0.7557	0.5261	0.4761	0.5261	0.6343	0.5521	0.4761	0.6633
25.5	0.6061	0.4520	0.5521	0.6931	0.6061	0.5787	0.6931	0.5008	0.5008	0.4520	0.5787	0.5261	0.6931	0.4761	0.6343	0.4761	0.4761	0.6633	0.5261	0.6061
26.1	0.6343	0.7557	0.5261	0.5521	0.5261	0.6061	0.3610	0.5787	0.5787	0.3830	0.2776	0.2776	0.4520	0.4055	0.3610	0.3610	0.3610	0.3395	0.3185	0.5261
26.2	0.5787	0.6343	0.4285	0.5008	0.5787	0.6061	0.4520	0.5787	0.4285	0.2978	0.2776	0.3610	0.4520	0.4055	0.4055	0.5008	0.3610	0.4285	0.3185	0.5261
26.3	0.6633	0.8575	0.5008	0.5787	0.5008	0.6931	0.4285	0.5008	0.7239	0.4520	0.3830	0.3395	0.5261	0.5261	0.4285	0.5261	0.5787	0.5008	0.4761	0.6061
26.4	0.6343	0.5787	0.4761	0.5521	0.3830	0.5521	0.3610	0.4761	0.5261	0.3830	0.3610	0.3610	0.5521	0.4055	0.4055	0.3610	0.4055	0.4285	0.3185	0.5787
26.5	0.5008	0.6061	0.4055	0.5787	0.6633	0.5261	0.5787	0.3610	0.4055	0.4055	0.4285	0.4285	0.8224	0.5261	0.5787	0.4285	0.6343	0.5521	0.5261	0.6633
27.1	0.5787	0.5787	0.4285	0.5521	0.4761	0.3610	0.5521	0.2194	0.4285	0.3830	0.4055	0.4520	0.4520	0.3610	0.4055	0.3610	0.6633	0.5261	0.5008	0.5261
27.2	0.5787	0.4761	0.5787	0.7885	0.4285	0.4520	0.5521	0.5787	0.5261	0.5261	0.5521	0.5008	0.6061	0.3185	0.5008	0.4520	0.4520	0.5261	0.5008	0.6931
27.3	0.6061	0.6061	0.4520	0.5261	0.5521	0.4285	0.3830	0.4055	0.5521	0.3185	0.3830	0.4285	0.4761	0.3830	0.4285	0.3830	0.4761	0.5008	0.3830	0.5521
27.4	0.5008	0.5008	0.4055	0.3830	0.4055	0.4285	0.4285	0.5008	0.4520	0.2384	0.2978	0.5261	0.4761	0.2978	0.3830	0.3830	0.5261	0.5008	0.4285	0.5521
27.5	0.4055	0.4055	0.4055	0.4285	0.4520	0.4761	0.3830	0.4520	0.4520	0.2776	0.2978	0.4285	0.5787	0.2978	0.5261	0.3830	0.3830	0.6061	0.2978	0.6633
28.1	0.6633	0.6061	0.4520	0.5787	0.5008	0.4761	0.3830	0.4520	0.5008	0.4055	0.3395	0.4285	0.4761	0.4285	0.5261	0.4285	0.4761	0.5008	0.3395	0.6633
28.2	0.6343	0.4285	0.3830	0.5521	0.4761	0.4055	0.5521	0.4285	0.4761	0.3395	0.5521	0.5008	0.4520	0.3610	0.6061	0.5521	0.6061	0.6931	0.4520	0.5787
28.3	0.6343	0.6343	0.3830	0.5008	0.5261	0.4520	0.4520	0.3395	0.4761	0.2978	0.3185	0.4055	0.4520	0.4520	0.4055	0.6061	0.6061	0.5261	0.4520	0.5261

EK-2 Devamı

Genotip	17.1	17.2	17.3	17.4	17.5	18.1	18.2	18.3	18.4	18.5	19.1	19.2	19.3	19.4	19.5	20.1	20.2	20.3	20.4	20.5
28.4	0.7885	0.6633	0.4055	0.5787	0.5521	0.5787	0.4761	0.3610	0.5008	0.3610	0.4285	0.4761	0.4761	0.6343	0.6343	0.6343	0.6343	0.5521	0.5261	0.6061
28.5	0.5787	0.6931	0.6931	0.7239	0.6343	0.5521	0.6633	0.4761	0.5787	0.6343	0.4055	0.4055	0.4055	0.4520	0.4520	0.5521	0.4520	0.5261	0.5008	0.4285
29.1	0.4520	0.5521	0.4055	0.4761	0.4520	0.4761	0.4285	0.3185	0.4520	0.3610	0.2578	0.2578	0.4285	0.2978	0.4761	0.4761	0.5261	0.5521	0.4285	0.6061
29.2	0.5521	0.5008	0.4520	0.5787	0.5521	0.6343	0.5261	0.6633	0.4520	0.5008	0.4761	0.4285	0.2978	0.5261	0.5261	0.4285	0.2978	0.4520	0.4761	0.4055
29.3	0.5008	0.5008	0.4055	0.4285	0.5008	0.4761	0.3830	0.5521	0.5008	0.4055	0.3830	0.5261	0.5787	0.4285	0.5261	0.3830	0.5261	0.5008	0.4285	0.5008
29.4	0.4520	0.5521	0.6061	0.4285	0.5521	0.5261	0.4285	0.6633	0.5521	0.5008	0.2578	0.4285	0.5261	0.3395	0.2978	0.4761	0.2978	0.4520	0.3830	0.4055
29.5	0.4055	0.6061	0.5008	0.3830	0.6633	0.3830	0.5261	0.4055	0.3610	0.4055	0.2578	0.4285	0.4285	0.4285	0.3830	0.4285	0.5261	0.4520	0.4761	0.3610
30.1	0.5008	0.5008	0.5008	0.4761	0.5008	0.5261	0.4761	0.5008	0.5008	0.3185	0.3395	0.4285	0.5787	0.3395	0.5261	0.4285	0.4285	0.5008	0.4285	0.5521
30.2	0.7239	0.5008	0.6061	0.5261	0.5521	0.5261	0.5261	0.5008	0.5008	0.4520	0.3395	0.3830	0.4761	0.2978	0.5261	0.3830	0.4761	0.5521	0.4761	0.5521
30.3	0.6061	0.4055	0.4520	0.4761	0.4520	0.3830	0.3395	0.4520	0.5008	0.4055	0.3395	0.2578	0.4761	0.3395	0.3395	0.2978	0.3395	0.3610	0.2978	0.4520
30.4	0.3830	0.4761	0.4761	0.5008	0.3830	0.4055	0.5008	0.3830	0.3395	0.3830	0.3185	0.4055	0.5008	0.2384	0.4055	0.4055	0.4520	0.4285	0.6061	0.4285
30.5	0.4520	0.6061	0.5008	0.5261	0.4520	0.5261	0.5261	0.4055	0.4520	0.4520	0.2578	0.4285	0.6931	0.2194	0.3830	0.4761	0.5787	0.5008	0.4761	0.6061
31.1	0.3610	0.5521	0.5521	0.4761	0.5521	0.5787	0.6343	0.4055	0.4520	0.4520	0.4285	0.3830	0.4285	0.4285	0.3830	0.5261	0.3830	0.5521	0.4285	0.4055
31.2	0.6343	0.5261	0.4285	0.5521	0.4761	0.5008	0.4520	0.4761	0.4761	0.2978	0.3185	0.5008	0.4055	0.2776	0.3610	0.3610	0.3610	0.3830	0.3610	0.4285
31.3	0.5787	0.5261	0.5261	0.4055	0.5261	0.4520	0.5008	0.3830	0.5261	0.3395	0.3610	0.3185	0.4055	0.3610	0.4520	0.4055	0.5008	0.5261	0.4055	0.5261
31.4	0.4520	0.6061	0.5008	0.3395	0.5008	0.4761	0.3830	0.4520	0.6061	0.3610	0.2578	0.3395	0.5261	0.3830	0.3830	0.3395	0.5787	0.5008	0.3830	0.5521
31.5	0.5521	0.6061	0.5521	0.4285	0.5521	0.4285	0.4761	0.5008	0.4055	0.4520	0.1823	0.4285	0.2978	0.2578	0.3830	0.4285	0.4285	0.5008	0.3395	0.4520
32.1	0.5521	0.4520	0.3185	0.5261	0.3610	0.4285	0.4761	0.2007	0.3185	0.3610	0.3830	0.2578	0.5261	0.3395	0.3830	0.4285	0.4761	0.3610	0.4285	0.5521
32.2	0.4055	0.4520	0.5008	0.6931	0.5008	0.4761	0.4285	0.5521	0.6633	0.5008	0.3830	0.3830	0.4761	0.3830	0.3830	0.4285	0.2978	0.4520	0.2978	0.5008
32.3	0.6343	0.5787	0.5787	0.5521	0.5261	0.4520	0.4520	0.4761	0.3830	0.3830	0.2384	0.3185	0.5521	0.2776	0.3610	0.2776	0.3610	0.2978	0.3610	0.5787
32.4	0.4055	0.5521	0.5008	0.3830	0.4055	0.4285	0.4761	0.3610	0.4520	0.3610	0.2578	0.3395	0.4761	0.2578	0.4285	0.4761	0.5261	0.5008	0.4761	0.5008
32.5	0.6343	0.4761	0.3830	0.5008	0.4285	0.4055	0.4520	0.2978	0.4761	0.3830	0.4055	0.3185	0.3610	0.4055	0.4520	0.6061	0.4520	0.5261	0.4520	0.4285
33.1	0.4761	0.5261	0.4285	0.4055	0.5261	0.4520	0.3610	0.5261	0.4285	0.3830	0.2776	0.3610	0.4520	0.4055	0.2776	0.4520	0.3185	0.4285	0.3185	0.3830
33.2	0.4520	0.5008	0.4055	0.4285	0.4520	0.2978	0.5787	0.2384	0.2776	0.2384	0.2978	0.4761	0.5261	0.2578	0.4761	0.5787	0.6343	0.5521	0.5787	0.7239
33.3	0.4520	0.5008	0.4520	0.5261	0.3185	0.3395	0.3830	0.3185	0.4055	0.4055	0.3395	0.2578	0.5261	0.2578	0.2578	0.3395	0.3830	0.2776	0.3395	0.5008
33.4	0.4761	0.4761	0.5261	0.5008	0.4761	0.3610	0.5008	0.3830	0.4285	0.4285	0.4520	0.4055	0.5521	0.4520	0.4055	0.5008	0.4520	0.4761	0.4520	0.5261
33.5	0.3395	0.4761	0.4285	0.4055	0.3830	0.3185	0.3610	0.3830	0.5787	0.3395	0.4520	0.5521	0.6633	0.3610	0.4520	0.5521	0.5008	0.5261	0.5008	0.5261
34.1	0.4761	0.5261	0.5787	0.4055	0.6343	0.6061	0.4520	0.6343	0.5787	0.4761	0.3185	0.4055	0.5008	0.4055	0.3610	0.5521	0.3185	0.4761	0.4520	0.5261
34.2	0.5261	0.4285	0.3395	0.5521	0.3830	0.3610	0.5008	0.3830	0.2978	0.3830	0.4055	0.3610	0.3610	0.5008	0.3185	0.4055	0.3185	0.2978	0.3610	0.2578
34.3	0.4761	0.4761	0.5261	0.4055	0.4285	0.5521	0.3185	0.5787	0.5787	0.2978	0.3610	0.4055	0.5521	0.3610	0.3610	0.3185	0.2776	0.3830	0.2776	0.4285
34.4	0.4761	0.5787	0.5261	0.5521	0.4761	0.4055	0.4055	0.4285	0.4285	0.3830	0.2776	0.3610	0.6061	0.3185	0.2776	0.3610	0.3185	0.2578	0.3610	0.4761
34.5	0.4285	0.4285	0.5261	0.4520	0.4761	0.5521	0.5521	0.5261	0.3830	0.4761	0.4055	0.5008	0.3610	0.4520	0.5521	0.5008	0.3185	0.5787	0.4520	0.3395
35.1	0.6061	0.6633	0.5521	0.4761	0.5521	0.3830	0.4761	0.4055	0.4520	0.4520	0.2978	0.3830	0.4761	0.3395	0.3830	0.4285	0.4761	0.4055	0.4285	0.4520
35.2	0.4761	0.5261	0.2978	0.6633	0.3395	0.4055	0.3610	0.4285	0.4761	0.3830	0.7239	0.7239	0.6633	0.4520	0.4055	0.4520	0.4520	0.3830	0.5008	0.4285
35.3	0.5008	0.5521	0.5521	0.5261	0.5008	0.4761	0.4285	0.5521	0.5521	0.5008	0.4285	0.5787	0.5261	0.4285	0.3830	0.5787	0.3830	0.5008	0.4761	0.4520

EK-2 Devamı

Genotip	17.1	17.2	17.3	17.4	17.5	18.1	18.2	18.3	18.4	18.5	19.1	19.2	19.3	19.4	19.5	20.1	20.2	20.3	20.4	20.5
35.4	0.5008	0.5008	0.5521	0.4761	0.5521	0.4761	0.6343	0.4520	0.4055	0.3610	0.4285	0.5261	0.5261	0.2194	0.5787	0.5261	0.5261	0.6633	0.4761	0.7239
35.5	0.3395	0.3395	0.5261	0.4520	0.4761	0.4520	0.5008	0.5261	0.4285	0.3830	0.4055	0.5521	0.5521	0.2776	0.5008	0.5521	0.4055	0.5261	0.6061	0.5787
Genotip	21.1	21.2	21.3	21.4	21.5	22.1	22.2	22.3	22.4	22.5	23.1	23.2	23.3	23.4	23.5	24.1	24.2	24.3	24.4	24.5
21.2	0.2007																			
21.3	0.2384	0.2384																		
21.4	0.2978	0.3830	0.2978																	
21.5	0.1643	0.2384	0.2776	0.2978																
22.1	0.3830	0.4761	0.4285	0.3185	0.2978															
22.2	0.5787	0.3830	0.4761	0.3610	0.3830	0.3610														
22.3	0.5261	0.5261	0.3395	0.3610	0.5261	0.3185	0.3185													
22.4	0.5261	0.6343	0.4285	0.3610	0.5261	0.3610	0.4055	0.4055												
22.5	0.3395	0.3830	0.2978	0.2776	0.3830	0.3610	0.3610	0.3610	0.2384											
23.1	0.4520	0.5008	0.3610	0.2978	0.3610	0.3395	0.4285	0.5261	0.3395	0.4285										
23.2	0.3830	0.4285	0.2978	0.2007	0.2978	0.2776	0.2384	0.2776	0.3185	0.2384	0.3395									
23.3	0.3610	0.4055	0.3185	0.3395	0.4055	0.5261	0.3830	0.3395	0.4285	0.3395	0.4055	0.2978								
23.4	0.3395	0.4285	0.3395	0.2776	0.2978	0.3185	0.5008	0.3610	0.3185	0.3185	0.2978	0.2776	0.3395							
23.5	0.4520	0.5008	0.4055	0.2578	0.4055	0.2978	0.3830	0.3395	0.3830	0.2978	0.4520	0.1823	0.3610	0.4285						
24.1	0.2194	0.2978	0.2194	0.3185	0.1823	0.3185	0.5008	0.3610	0.4520	0.3610	0.4285	0.3185	0.2978	0.2776	0.3830					
24.2	0.3395	0.4285	0.2194	0.3610	0.4285	0.3610	0.5008	0.3185	0.3610	0.2776	0.4285	0.2776	0.3395	0.2776	0.3830	0.2384				
24.3	0.2007	0.3185	0.2007	0.3395	0.2384	0.3830	0.4761	0.3830	0.3830	0.2578	0.4055	0.2978	0.2007	0.2978	0.3185	0.1823	0.2194			
24.4	0.2978	0.4285	0.2194	0.3185	0.4285	0.5008	0.5008	0.3185	0.3185	0.2776	0.4761	0.2776	0.2978	0.3185	0.4285	0.3185	0.2007	0.2194		
24.5	0.3395	0.4285	0.3830	0.4520	0.3830	0.4055	0.5008	0.6633	0.5008	0.3610	0.4761	0.4055	0.4761	0.5521	0.4285	0.3610	0.4055	0.2978	0.4055	
25.1	0.4055	0.4520	0.4520	0.4761	0.4520	0.5261	0.5261	0.4761	0.3830	0.3830	0.5008	0.4285	0.3610	0.4761	0.5008	0.4285	0.3395	0.3185	0.2194	0.4285
25.2	0.2978	0.3830	0.3395	0.3610	0.4761	0.4520	0.5008	0.3610	0.5008	0.2776	0.4761	0.3610	0.3395	0.5008	0.4285	0.3610	0.2384	0.2978	0.2776	0.3610
25.3	0.2578	0.3830	0.2578	0.4520	0.3830	0.4055	0.4520	0.3610	0.4520	0.3185	0.4761	0.3185	0.2978	0.3610	0.4761	0.3185	0.2776	0.2194	0.2384	0.2776
25.4	0.3610	0.4520	0.4520	0.5787	0.4055	0.3830	0.5787	0.4761	0.5261	0.3830	0.5008	0.4761	0.4055	0.4285	0.5008	0.3395	0.2978	0.4055	0.4285	0.4285
25.5	0.6061	0.5521	0.4520	0.3830	0.5521	0.4285	0.3395	0.3830	0.4285	0.3830	0.4520	0.2978	0.3610	0.4761	0.3610	0.5261	0.3830	0.4520	0.2978	0.4761
26.1	0.3395	0.4285	0.2578	0.2776	0.2978	0.2384	0.3610	0.2776	0.4055	0.3610	0.3830	0.2776	0.3395	0.3610	0.3395	0.1643	0.3185	0.2578	0.4055	0.4520
26.2	0.3830	0.3830	0.3830	0.3185	0.3395	0.3610	0.2384	0.2384	0.3610	0.2776	0.3830	0.2384	0.2578	0.3610	0.3395	0.2776	0.3185	0.2578	0.4055	0.4520
26.3	0.4055	0.5521	0.3610	0.4285	0.3610	0.2978	0.3395	0.4285	0.4285	0.3830	0.3610	0.3395	0.4055	0.4761	0.4055	0.2978	0.4285	0.4055	0.4761	0.5261
26.4	0.3830	0.4285	0.2978	0.4520	0.3830	0.4055	0.5008	0.3610	0.3610	0.3610	0.3395	0.4055	0.2578	0.3610	0.3395	0.1643	0.2776	0.1823	0.4055	0.3610
26.5	0.4520	0.5008	0.4520	0.3395	0.5008	0.2978	0.4761	0.2578	0.3830	0.2978	0.4520	0.3395	0.3185	0.3830	0.3185	0.3830	0.3830	0.4055	0.3830	0.5787
27.1	0.3395	0.4285	0.2978	0.4520	0.4761	0.3610	0.5521	0.3185	0.4055	0.3610	0.4761	0.4520	0.5787	0.3610	0.4285	0.4520	0.4520	0.4285	0.3610	0.5521
27.2	0.5261	0.4761	0.5261	0.7885	0.5261	0.4520	0.5008	0.4520	0.6061	0.5008	0.5787	0.6633	0.4761	0.6061	0.6931	0.6061	0.5008	0.3830	0.6061	0.5008

EK-2 Devamı

Genotip	21.1	21.2	21.3	21.4	21.5	22.1	22.2	22.3	22.4	22.5	23.1	23.2	23.3	23.4	23.5	24.1	24.2	24.3	24.4	24.5
27.3	0.3610	0.3610	0.3610	0.4285	0.4055	0.2578	0.4285	0.2978	0.6343	0.4761	0.5008	0.4761	0.5521	0.4761	0.3610	0.3830	0.5261	0.4055	0.5787	0.4285
27.4	0.3610	0.4520	0.3610	0.4761	0.3610	0.2978	0.4285	0.3830	0.3830	0.3830	0.5521	0.3830	0.5521	0.5261	0.3610	0.3830	0.4761	0.3185	0.4285	0.4285
27.5	0.3185	0.3610	0.3610	0.3395	0.4520	0.3830	0.4761	0.3830	0.4285	0.3395	0.5008	0.4285	0.3610	0.4761	0.4055	0.3395	0.3395	0.3185	0.4285	0.3395
28.1	0.5008	0.5008	0.4520	0.3395	0.5008	0.3830	0.5261	0.2978	0.4285	0.4285	0.5008	0.4285	0.4520	0.4285	0.3610	0.3395	0.5261	0.4520	0.5787	0.6343
28.2	0.4761	0.4761	0.5261	0.3610	0.4761	0.2776	0.4520	0.2776	0.4520	0.3610	0.4285	0.4520	0.3830	0.4055	0.3395	0.4520	0.5008	0.3830	0.4520	0.6061
28.3	0.4761	0.4285	0.4285	0.3610	0.4761	0.4520	0.4055	0.2776	0.4055	0.3610	0.5261	0.4055	0.4761	0.4520	0.3395	0.4055	0.4520	0.4285	0.3610	0.6061
28.4	0.5521	0.5521	0.5008	0.4285	0.6061	0.6343	0.4761	0.4761	0.2978	0.3395	0.5008	0.4285	0.3610	0.4761	0.4055	0.4285	0.4761	0.5008	0.4285	0.5787
28.5	0.4285	0.4285	0.4285	0.4055	0.4285	0.4520	0.4055	0.4520	0.5521	0.5008	0.3395	0.3610	0.6343	0.5008	0.5787	0.4520	0.4055	0.4761	0.4055	0.4520
29.1	0.3185	0.4055	0.3610	0.4285	0.4055	0.2978	0.5261	0.2578	0.3830	0.3395	0.5521	0.4761	0.4520	0.3395	0.5008	0.2978	0.3395	0.3610	0.3395	0.5787
29.2	0.4520	0.4055	0.4055	0.4761	0.3610	0.3830	0.4285	0.3830	0.5787	0.4761	0.5521	0.4761	0.5008	0.4285	0.5008	0.3830	0.5261	0.4055	0.6343	0.5261
29.3	0.4055	0.5521	0.5008	0.4285	0.4520	0.3830	0.5261	0.4285	0.4285	0.4285	0.5008	0.4285	0.3610	0.5261	0.3185	0.3830	0.5787	0.3610	0.4761	0.5261
29.4	0.4055	0.3185	0.3610	0.4285	0.3610	0.3830	0.2978	0.2578	0.6343	0.5787	0.4520	0.3830	0.4520	0.3830	0.5008	0.2978	0.3395	0.3610	0.4285	0.4761
29.5	0.3185	0.3610	0.4055	0.3830	0.2384	0.3395	0.4761	0.4285	0.4285	0.4285	0.3610	0.4285	0.5008	0.3395	0.4520	0.2978	0.5787	0.3610	0.4761	0.4761
30.1	0.3610	0.5008	0.4055	0.3395	0.3185	0.3395	0.3830	0.3830	0.5261	0.4285	0.6061	0.3395	0.4055	0.4761	0.3185	0.3395	0.5787	0.3610	0.4285	0.3830
30.2	0.5008	0.5521	0.3610	0.2978	0.5008	0.2578	0.2978	0.2978	0.2578	0.4285	0.3185	0.2978	0.4055	0.3830	0.2776	0.3830	0.3830	0.3185	0.3830	0.4285
30.3	0.3185	0.3185	0.2776	0.2578	0.3610	0.2578	0.4285	0.2978	0.3395	0.3395	0.3185	0.3830	0.3610	0.2978	0.3185	0.2578	0.2978	0.2384	0.4285	0.5261
30.4	0.2978	0.3830	0.3395	0.5008	0.3395	0.2384	0.4055	0.3610	0.3185	0.4055	0.4761	0.4055	0.5787	0.4055	0.5261	0.4055	0.3610	0.2978	0.3185	0.4055
30.5	0.4520	0.6061	0.4055	0.3395	0.4520	0.2978	0.5787	0.2578	0.3830	0.4285	0.4520	0.4761	0.5008	0.3830	0.4520	0.4285	0.4285	0.4055	0.4285	0.5261
31.1	0.2776	0.3610	0.4055	0.3830	0.3185	0.4761	0.3830	0.4285	0.6931	0.4761	0.4520	0.4285	0.5008	0.4285	0.5521	0.5261	0.4285	0.4055	0.4761	0.4285
31.2	0.3830	0.4285	0.2978	0.2776	0.3830	0.3185	0.3185	0.2384	0.3610	0.2384	0.3830	0.3185	0.4285	0.3610	0.3395	0.3185	0.4520	0.2978	0.4055	0.4055
31.3	0.2194	0.3395	0.2978	0.4055	0.3830	0.4055	0.5008	0.3185	0.5521	0.4520	0.4761	0.4520	0.4285	0.4520	0.4761	0.3610	0.3610	0.2978	0.3610	0.5008
31.4	0.3185	0.4520	0.3185	0.4285	0.4055	0.3830	0.5261	0.2978	0.4761	0.4285	0.5521	0.4285	0.4055	0.4761	0.4055	0.2978	0.4761	0.4055	0.3830	0.5787
31.5	0.4055	0.4055	0.4055	0.3395	0.4055	0.2978	0.4761	0.3395	0.3830	0.4285	0.4055	0.4761	0.6061	0.3830	0.4055	0.3395	0.5261	0.4520	0.5787	0.3395
32.1	0.2384	0.2776	0.2776	0.2978	0.4055	0.4761	0.5261	0.4285	0.4285	0.2194	0.5008	0.4285	0.3185	0.3395	0.5008	0.3830	0.2578	0.3185	0.2578	0.4285
32.2	0.5521	0.4520	0.4055	0.4761	0.4520	0.2978	0.3830	0.3395	0.4285	0.3395	0.3610	0.3830	0.5008	0.3395	0.5008	0.3830	0.3395	0.4520	0.5261	0.5787
32.3	0.3395	0.3830	0.2578	0.3185	0.3395	0.2776	0.4055	0.2007	0.4055	0.4055	0.4285	0.3185	0.3395	0.3610	0.4285	0.2776	0.3610	0.2578	0.3610	0.5521
32.4	0.3610	0.5521	0.3610	0.3830	0.4055	0.2578	0.6931	0.3395	0.2578	0.3395	0.3610	0.4761	0.5521	0.3395	0.4520	0.2978	0.3395	0.3185	0.3395	0.5261
32.5	0.3830	0.4285	0.3830	0.3185	0.4761	0.3610	0.5008	0.4055	0.4055	0.3610	0.2978	0.4520	0.4761	0.4055	0.4285	0.4520	0.3610	0.3830	0.4055	0.4520
33.1	0.5261	0.4285	0.4285	0.4520	0.4285	0.3610	0.4055	0.4520	0.4055	0.4520	0.3395	0.4055	0.4285	0.3185	0.4761	0.4055	0.4055	0.3830	0.6061	0.4055
33.2	0.3185	0.4520	0.4520	0.5787	0.4520	0.4285	0.5787	0.4761	0.3395	0.3830	0.6061	0.5261	0.5008	0.4285	0.5008	0.5261	0.4761	0.3185	0.3830	0.4761
33.3	0.1643	0.2776	0.2384	0.4285	0.3185	0.3830	0.6343	0.4285	0.4285	0.2978	0.4520	0.4761	0.4055	0.3830	0.6061	0.2978	0.2578	0.2384	0.2978	0.4285
33.4	0.3830	0.2578	0.4285	0.5008	0.4285	0.4520	0.5008	0.6061	0.4520	0.5008	0.5261	0.5008	0.5787	0.4055	0.5787	0.5008	0.3610	0.4761	0.5008	0.5521
33.5	0.2978	0.3830	0.3830	0.6061	0.4761	0.4055	0.5521	0.5008	0.6061	0.5008	0.6343	0.5008	0.6343	0.5008	0.6343	0.5008	0.4055	0.4285	0.4055	0.4520
34.1	0.5261	0.4761	0.4285	0.3185	0.3830	0.3610	0.3185	0.3610	0.5008	0.5008	0.3830	0.4520	0.4761	0.4055	0.5261	0.4520	0.4520	0.4761	0.5521	0.6633
34.2	0.3395	0.3395	0.3395	0.4055	0.2978	0.5521	0.5008	0.4520	0.5521	0.3610	0.3830	0.4055	0.4285	0.4055	0.4285	0.4055	0.4520	0.2978	0.4520	0.3610



EK-2 Devamı

Genotip	21.1	21.2	21.3	21.4	21.5	22.1	22.2	22.3	22.4	22.5	23.1	23.2	23.3	23.4	23.5	24.1	24.2	24.3	24.4	24.5
34.3	0.3395	0.4761	0.2978	0.4055	0.4761	0.4520	0.5521	0.4520	0.4055	0.3610	0.4285	0.3610	0.4761	0.5521	0.4761	0.3610	0.3185	0.2978	0.3185	0.4055
34.4	0.3395	0.3830	0.2578	0.4055	0.3830	0.3610	0.5008	0.3185	0.3610	0.3185	0.3395	0.3610	0.4285	0.3185	0.5787	0.3185	0.2776	0.2978	0.3185	0.5521
34.5	0.4761	0.5261	0.5261	0.4520	0.4285	0.5008	0.5521	0.4520	0.5521	0.5521	0.4761	0.5521	0.5787	0.5008	0.4761	0.5008	0.5521	0.4285	0.5008	0.3610
35.1	0.3185	0.5008	0.4055	0.3395	0.5008	0.4761	0.5787	0.4285	0.4761	0.4761	0.4055	0.4761	0.5008	0.5787	0.4055	0.4761	0.4761	0.3610	0.3830	0.3830
35.2	0.4285	0.3830	0.4761	0.6061	0.4761	0.5008	0.5521	0.6633	0.7239	0.4055	0.6931	0.5008	0.6343	0.6061	0.4761	0.6061	0.5521	0.4761	0.5521	0.4520
35.3	0.4520	0.3610	0.5008	0.6343	0.5521	0.5787	0.4285	0.5261	0.7557	0.5787	0.5008	0.5787	0.6061	0.6343	0.6633	0.5261	0.4285	0.4055	0.5261	0.3395
35.4	0.4055	0.5521	0.5521	0.4761	0.6061	0.3830	0.5261	0.4285	0.3830	0.3395	0.5008	0.5261	0.5008	0.5261	0.5521	0.6343	0.4761	0.4055	0.4285	0.3830
35.5	0.4761	0.4761	0.5261	0.5008	0.3830	0.3610	0.4520	0.5521	0.4520	0.4520	0.5787	0.5008	0.5787	0.4520	0.5787	0.4520	0.5008	0.4285	0.4520	0.6061
Genotip	25.1	25.2	25.3	25.4	25.5	26.1	26.2	26.3	26.4	26.5	27.1	27.2	27.3	27.4	27.5	28.1	28.2	28.3	28.4	28.5
25.2	0.2978																			
25.3	0.2978	0.2007																		
25.4	0.2384	0.2578	0.3395																	
25.5	0.3185	0.2978	0.2978	0.3610																
26.1	0.5261	0.4055	0.4055	0.3830	0.4285															
26.2	0.4761	0.3185	0.4055	0.4285	0.5261	0.2007														
26.3	0.5521	0.4761	0.4285	0.3185	0.4520	0.1823	0.2978													
26.4	0.4285	0.3185	0.3185	0.4285	0.4761	0.2776	0.2776	0.3830												
26.5	0.5008	0.3395	0.4761	0.3610	0.4520	0.3395	0.2578	0.3610	0.4285											
27.1	0.5261	0.3185	0.3185	0.4285	0.4761	0.4055	0.5008	0.4285	0.5008	0.3830										
27.2	0.4285	0.4055	0.3610	0.3830	0.4285	0.5008	0.5008	0.5787	0.4055	0.5787	0.4520									
27.3	0.6633	0.4285	0.3830	0.4055	0.5521	0.2978	0.3830	0.3610	0.4285	0.3610	0.2578	0.4285								
27.4	0.4055	0.5787	0.4285	0.5008	0.5521	0.3830	0.3830	0.3185	0.4285	0.5521	0.3830	0.4761	0.3185							
27.5	0.4055	0.2978	0.3395	0.4055	0.4520	0.4761	0.3395	0.4520	0.2978	0.4055	0.4761	0.4285	0.3610	0.2776						
28.1	0.6633	0.4761	0.5787	0.5008	0.5008	0.2194	0.2978	0.3610	0.3830	0.3185	0.3395	0.5261	0.3185	0.5008	0.4520					
28.2	0.4761	0.3185	0.4055	0.5261	0.4761	0.4055	0.3185	0.4761	0.3185	0.3395	0.3610	0.4055	0.2978	0.4285	0.3830	0.3395				
28.3	0.4285	0.5008	0.5521	0.4285	0.5787	0.3185	0.3185	0.3830	0.4520	0.3830	0.4055	0.6633	0.2578	0.3830	0.4761	0.2578	0.2776			
28.4	0.5008	0.4761	0.4761	0.5008	0.5521	0.4761	0.3395	0.4055	0.3830	0.3610	0.5261	0.7557	0.5521	0.5521	0.4520	0.2776	0.3830	0.2194		
28.5	0.5787	0.3185	0.4520	0.4761	0.4285	0.3610	0.4055	0.4761	0.5008	0.4285	0.3610	0.4520	0.4285	0.6931	0.5787	0.4285	0.5521	0.5008	0.6343	
29.1	0.5521	0.3830	0.4761	0.4055	0.6633	0.2978	0.2978	0.3610	0.3395	0.2776	0.2978	0.4285	0.3185	0.4520	0.3185	0.2776	0.2578	0.2978	0.4055	0.3830
29.2	0.8575	0.5261	0.5787	0.6633	0.6633	0.2978	0.2578	0.4520	0.3830	0.4520	0.4761	0.4285	0.4055	0.4520	0.5008	0.3610	0.3830	0.5787	0.6061	0.4285
29.3	0.5521	0.5787	0.5787	0.7239	0.7239	0.3830	0.2978	0.4055	0.3395	0.3185	0.5261	0.5787	0.5008	0.4055	0.4520	0.3185	0.2978	0.4761	0.4055	0.6343
29.4	0.5008	0.4761	0.4285	0.5008	0.5008	0.3395	0.2978	0.4520	0.3395	0.5521	0.5261	0.4285	0.3610	0.4055	0.4055	0.5008	0.4761	0.4285	0.7239	0.3830
29.5	0.5521	0.5261	0.4761	0.5008	0.7239	0.3830	0.3395	0.4520	0.4285	0.3185	0.2978	0.6343	0.3185	0.4055	0.4520	0.4055	0.4285	0.4285	0.5521	0.3395
30.1	0.4520	0.5261	0.3395	0.4520	0.3185	0.2978	0.4285	0.3185	0.4761	0.5008	0.4761	0.4761	0.3185	0.3185	0.3610	0.3610	0.4285	0.4285	0.6061	0.5787

EK-2 Devamı

Genotip	25.1	25.2	25.3	25.4	25.5	26.1	26.2	26.3	26.4	26.5	27.1	27.2	27.3	27.4	27.5	28.1	28.2	28.3	28.4	28.5
30.2	0.4520	0.4285	0.3395	0.5521	0.2776	0.2978	0.3395	0.3610	0.2978	0.4520	0.3830	0.4761	0.3610	0.3185	0.3610	0.4520	0.3395	0.4761	0.5008	0.4761
30.3	0.5008	0.4285	0.4761	0.5008	0.5008	0.2194	0.2978	0.4055	0.2194	0.4055	0.4285	0.4285	0.3185	0.3185	0.3610	0.3610	0.2578	0.3395	0.5008	0.5261
30.4	0.3830	0.4055	0.2384	0.4761	0.4761	0.4055	0.4520	0.4761	0.4055	0.4761	0.3185	0.2776	0.3395	0.2578	0.3830	0.6343	0.4520	0.5521	0.6931	0.3610
30.5	0.5008	0.5787	0.5261	0.5521	0.6633	0.3830	0.4761	0.5521	0.3830	0.3610	0.4761	0.3830	0.4055	0.4055	0.4055	0.4055	0.3830	0.3830	0.6061	0.4761
31.1	0.5008	0.3395	0.3830	0.4055	0.5008	0.5261	0.4285	0.6061	0.6343	0.5521	0.3830	0.3830	0.3610	0.5008	0.3610	0.6061	0.5787	0.5787	0.7885	0.2578
31.2	0.5261	0.4055	0.3185	0.6343	0.4285	0.2384	0.2776	0.3395	0.3185	0.4285	0.2776	0.4520	0.2578	0.2578	0.3395	0.3395	0.2776	0.3610	0.5261	0.4520
31.3	0.5261	0.2776	0.3185	0.3830	0.5261	0.3185	0.3185	0.3830	0.4520	0.4285	0.2007	0.4055	0.2194	0.2978	0.3395	0.3830	0.3185	0.4055	0.5787	0.3185
31.4	0.5521	0.5261	0.5261	0.4055	0.5521	0.2578	0.3830	0.2776	0.4285	0.4055	0.3395	0.5261	0.2776	0.2384	0.3610	0.3185	0.4285	0.2978	0.5008	0.5261
31.5	0.5521	0.5261	0.4761	0.5521	0.6061	0.3395	0.3830	0.5521	0.3395	0.5008	0.3395	0.5261	0.2776	0.3185	0.2776	0.3185	0.4285	0.3830	0.5008	0.4285
32.1	0.3185	0.2978	0.3395	0.4055	0.5008	0.4285	0.4285	0.5521	0.4761	0.3610	0.3830	0.4761	0.5008	0.5521	0.4055	0.5008	0.4761	0.4285	0.4520	0.4761
32.2	0.7885	0.4761	0.5261	0.5521	0.5008	0.3395	0.3830	0.4520	0.3830	0.3610	0.4285	0.3830	0.4055	0.6061	0.5008	0.4055	0.4285	0.5261	0.6061	0.2978
32.3	0.3395	0.3610	0.3185	0.3830	0.3830	0.1643	0.2776	0.3830	0.3610	0.3395	0.3185	0.3185	0.2578	0.3395	0.4285	0.2578	0.3610	0.3610	0.5787	0.4055
32.4	0.5008	0.4761	0.4761	0.5008	0.6633	0.3395	0.4285	0.4520	0.3395	0.3185	0.3395	0.5261	0.4055	0.3610	0.4055	0.3610	0.2978	0.3395	0.4520	0.3830
32.5	0.6343	0.4055	0.4520	0.5261	0.5787	0.4055	0.4055	0.4761	0.4520	0.3830	0.3610	0.5521	0.2978	0.5261	0.4761	0.2978	0.2776	0.2384	0.2978	0.3185
33.1	0.5787	0.7239	0.5521	0.5261	0.6931	0.4520	0.4055	0.5261	0.3610	0.5787	0.6633	0.5008	0.3830	0.4285	0.4285	0.4761	0.5008	0.4055	0.4761	0.6061
33.2	0.3610	0.4761	0.3395	0.4520	0.6061	0.5261	0.4285	0.5521	0.4761	0.4520	0.2978	0.4285	0.4055	0.2776	0.4520	0.4055	0.4285	0.3830	0.4055	0.5787
33.3	0.3610	0.2978	0.2978	0.3610	0.6061	0.3395	0.3830	0.5008	0.3395	0.4520	0.3830	0.3395	0.4520	0.4520	0.4055	0.5008	0.4761	0.4761	0.6061	0.4285
33.4	0.3830	0.4520	0.4055	0.3395	0.4285	0.6061	0.5521	0.6343	0.6061	0.5787	0.4520	0.4520	0.4761	0.4285	0.4285	0.5261	0.6061	0.5008	0.4761	0.5521
33.5	0.5787	0.4055	0.2384	0.4761	0.5787	0.5521	0.5521	0.4761	0.6633	0.5261	0.3610	0.5008	0.2978	0.3830	0.4761	0.5787	0.5521	0.5008	0.5787	0.5008
34.1	0.5787	0.6633	0.6633	0.5787	0.4761	0.3185	0.4055	0.4285	0.5521	0.5261	0.6633	0.5008	0.3830	0.4285	0.5261	0.4761	0.5008	0.3610	0.6343	0.5521
34.2	0.5261	0.4055	0.4055	0.5261	0.6931	0.5008	0.3610	0.6343	0.4055	0.4761	0.4520	0.5008	0.4285	0.5787	0.5261	0.4761	0.4520	0.4520	0.5261	0.3610
34.3	0.4761	0.4520	0.3610	0.6343	0.5261	0.4520	0.4055	0.5261	0.4055	0.5787	0.6061	0.6061	0.5261	0.2978	0.2978	0.5787	0.5521	0.5521	0.4761	0.5521
34.4	0.4285	0.4055	0.3610	0.4285	0.5261	0.2384	0.3185	0.3830	0.4055	0.3395	0.3610	0.4055	0.3830	0.4761	0.5261	0.3830	0.5008	0.4055	0.5787	0.3610
34.5	0.5261	0.5521	0.5008	0.5787	0.4761	0.5521	0.5521	0.6931	0.5008	0.5787	0.5521	0.5008	0.3830	0.5261	0.3830	0.4285	0.5521	0.4520	0.5787	0.4520
35.1	0.4520	0.4285	0.4761	0.5008	0.6061	0.3395	0.4285	0.4520	0.4761	0.4055	0.4285	0.5261	0.3185	0.4520	0.5008	0.3610	0.4761	0.2578	0.4520	0.3395
35.2	0.6343	0.5521	0.4520	0.6931	0.6343	0.6633	0.6633	0.6343	0.6633	0.5261	0.5008	0.5008	0.4761	0.5261	0.6343	0.5787	0.5521	0.6061	0.6343	0.6061
35.3	0.5008	0.4761	0.4285	0.5521	0.6061	0.5261	0.4285	0.5521	0.5261	0.6061	0.5261	0.4285	0.4055	0.5521	0.5521	0.5008	0.6931	0.5261	0.6633	0.2978
35.4	0.4520	0.3395	0.4285	0.5008	0.4520	0.5261	0.3830	0.6061	0.5261	0.4520	0.3830	0.3830	0.4055	0.4055	0.3185	0.5008	0.3830	0.5261	0.6061	0.4761
35.5	0.4285	0.7239	0.5521	0.6931	0.5261	0.5008	0.6061	0.5787	0.5521	0.6343	0.6061	0.5008	0.5787	0.3830	0.5261	0.6343	0.5008	0.5521	0.7557	0.6061

EK-2 Devamı

Genotip	29.1	29.2	29.3	29.4	29.5	30.1	30.2	30.3	30.4	30.5	31.1	31.2	31.3	31.4	31.5	32.1	32.2	32.3	32.4	32.5	
29.2	0.3185																				
29.3	0.3185	0.3610																			
29.4	0.4055	0.4055	0.4520																		
29.5	0.3185	0.3610	0.3185	0.4055																	
30.1	0.4520	0.5008	0.4055	0.4520	0.4520																
30.2	0.4520	0.5008	0.4520	0.3610	0.5008	0.3185															
30.3	0.3185	0.3185	0.3610	0.2776	0.4055	0.4520	0.2007														
30.4	0.3395	0.4285	0.5261	0.3395	0.3830	0.4285	0.2978	0.3395													
30.5	0.2776	0.5521	0.4055	0.3610	0.4520	0.4520	0.4055	0.3185	0.2978												
31.1	0.5008	0.4520	0.7239	0.3610	0.4055	0.4520	0.5521	0.5521	0.3395	0.4520											
31.2	0.3830	0.3395	0.3830	0.3395	0.3395	0.2578	0.2194	0.2194	0.3185	0.3830	0.4285										
31.3	0.2578	0.3395	0.4761	0.3830	0.2978	0.3830	0.3830	0.3395	0.3185	0.5261	0.2578	0.2776									
31.4	0.2384	0.4055	0.3610	0.4055	0.3610	0.2776	0.4520	0.3610	0.4285	0.3610	0.5008	0.3395	0.2194								
31.5	0.3185	0.4055	0.5008	0.3610	0.2776	0.4055	0.2776	0.2776	0.3395	0.2776	0.4055	0.2194	0.3830	0.3610							
32.1	0.3185	0.5521	0.5521	0.5521	0.5008	0.5008	0.5521	0.3610	0.3830	0.4055	0.4055	0.4285	0.3830	0.4520	0.4520						
32.2	0.2776	0.3610	0.5008	0.3610	0.4055	0.6061	0.4520	0.3185	0.3830	0.3610	0.4520	0.3830	0.4761	0.4055	0.4055	0.4520					
32.3	0.3395	0.4285	0.4285	0.2978	0.3830	0.2978	0.2578	0.2194	0.2776	0.2978	0.4285	0.2384	0.2776	0.3395	0.3395	0.3395	0.3830				
32.4	0.2007	0.5008	0.3610	0.5008	0.2776	0.5008	0.3610	0.2776	0.2978	0.2007	0.5521	0.3395	0.3395	0.3185	0.2776	0.4055	0.3185	0.3395			
32.5	0.3395	0.4761	0.4761	0.5261	0.3830	0.5787	0.4285	0.2978	0.4520	0.4285	0.4285	0.3610	0.2776	0.4761	0.3830	0.3395	0.3830	0.4055	0.2194		
33.1	0.4761	0.5261	0.4761	0.3395	0.4285	0.5787	0.4285	0.2978	0.5008	0.3830	0.4761	0.4520	0.5521	0.5261	0.3395	0.5261	0.3830	0.4520	0.3830	0.3185	
33.2	0.3610	0.6061	0.4520	0.5521	0.4055	0.5008	0.5008	0.5008	0.2978	0.4055	0.5008	0.4761	0.3395	0.4055	0.4055	0.3610	0.5521	0.3395	0.3185	0.3830	
33.3	0.2776	0.5008	0.5008	0.4055	0.4520	0.5521	0.5008	0.2776	0.2578	0.3185	0.4055	0.4285	0.3395	0.3610	0.4055	0.1643	0.3610	0.2578	0.2776	0.3830	
33.4	0.5787	0.7557	0.8224	0.4285	0.6343	0.6343	0.4761	0.4285	0.3610	0.5787	0.3830	0.6633	0.4520	0.6343	0.4761	0.3830	0.5261	0.4055	0.5261	0.4520	
33.5	0.4761	0.6931	0.6343	0.4285	0.5261	0.4761	0.5787	0.5787	0.2776	0.5261	0.3830	0.5008	0.3185	0.4285	0.5787	0.4761	0.4761	0.4520	0.4761	0.4055	
34.1	0.5261	0.5261	0.5787	0.2578	0.5261	0.4285	0.3830	0.2578	0.5008	0.3395	0.4285	0.3610	0.5008	0.4285	0.4285	0.4761	0.3830	0.2776	0.4285	0.4055	
34.2	0.4761	0.3395	0.4761	0.4761	0.2578	0.5261	0.6343	0.4285	0.5008	0.5261	0.2978	0.4055	0.3610	0.5261	0.4285	0.3830	0.4285	0.4520	0.4285	0.2776	
34.3	0.4761	0.5787	0.4285	0.4761	0.5787	0.4761	0.3830	0.3830	0.3610	0.4761	0.4285	0.4055	0.4055	0.4285	0.4285	0.4761	0.4761	0.4520	0.3395	0.4520	
34.4	0.3395	0.5261	0.4761	0.3395	0.3830	0.5261	0.4761	0.2978	0.3185	0.3395	0.4761	0.3185	0.3610	0.3830	0.4761	0.2978	0.2578	0.1643	0.2978	0.3610	
34.5	0.5261	0.4761	0.5787	0.4761	0.4285	0.3830	0.5261	0.5261	0.4520	0.4761	0.2578	0.4055	0.4520	0.5261	0.2978	0.5787	0.5261	0.5008	0.4761	0.3610	
35.1	0.4520	0.6061	0.4055	0.4055	0.4055	0.4520	0.4520	0.3610	0.4285	0.3185	0.4055	0.3830	0.3395	0.3610	0.3610	0.4055	0.5521	0.3395	0.2776	0.2194	
35.2	0.6343	0.5787	0.4761	0.5787	0.6343	0.5787	0.8224	0.6343	0.4520	0.5787	0.5261	0.5521	0.6061	0.6343	0.7557	0.3830	0.5261	0.6061	0.5787	0.5008	
35.3	0.6061	0.5521	0.5521	0.2776	0.5008	0.6061	0.6061	0.5521	0.4285	0.6061	0.3185	0.4761	0.4285	0.6633	0.5008	0.4520	0.5008	0.4761	0.6061	0.3830	
35.4	0.3610	0.6061	0.5008	0.5008	0.5521	0.4520	0.3610	0.4520	0.3395	0.4055	0.4055	0.3830	0.3395	0.4520	0.3610	0.3610	0.5008	0.3830	0.3610	0.4285	
35.5	0.4761	0.6343	0.4761	0.4761	0.5261	0.4285	0.4761	0.4285	0.3610	0.4285	0.6343	0.4520	0.6061	0.4761	0.5261	0.4285	0.4285	0.4055	0.3395	0.5521	

EK-2 Devamı

Genotip	33.1	33.2	33.3	33.4	33.5	34.1	34.2	34.3	34.4	34.5	35.1	35.2	35.3	35.4	35.5
33.2	0.4761														
33.3	0.4285	0.2776													
33.4	0.3610	0.2978	0.3395												
33.5	0.5008	0.2578	0.3395	0.2776											
34.1	0.2384	0.5787	0.4285	0.4055	0.5008										
34.2	0.3610	0.4285	0.3395	0.6061	0.5008	0.5521									
34.3	0.3610	0.4761	0.3395	0.4055	0.3610	0.4520	0.5008								
34.4	0.3610	0.3395	0.1466	0.4055	0.3185	0.2776	0.3610	0.4055							
34.5	0.4055	0.5787	0.5787	0.5521	0.5521	0.4520	0.2776	0.4055	0.5521						
35.1	0.3830	0.3610	0.3185	0.5261	0.4285	0.3395	0.3395	0.4285	0.2978	0.3395					
35.2	0.5008	0.4285	0.4285	0.4055	0.3185	0.6061	0.5008	0.5008	0.4520	0.6633	0.4761				
35.3	0.3830	0.4520	0.4520	0.4285	0.3395	0.4761	0.3830	0.4761	0.3830	0.3830	0.3185	0.3395			
35.4	0.5261	0.3185	0.3185	0.4285	0.4285	0.4761	0.6343	0.3830	0.3830	0.4761	0.3610	0.5261	0.4520		
35.5	0.4055	0.3830	0.3395	0.4520	0.5008	0.3185	0.6061	0.4520	0.3185	0.6061	0.5261	0.4055	0.5787	0.3830	

## ÖZGEÇMİŞ

**Ünvan:** Araştırma Görevlisi

**İsim ve Soyisim :** Gülay ZULKADİR

**Doğum tarihi:** 11 Ekim 1985

**Telefon:** +90 5079952958

**E- Posta:** [gulayzulkadir@gmail.com](mailto:gulayzulkadir@gmail.com) ; [gulayzulkadir@ksu.edu.tr](mailto:gulayzulkadir@ksu.edu.tr)

**Yabancı Dil :** İngilizce ( ÜDS: 65.000)

## AKADEMİK İLGİLER

Tarla bitkileri yetiştiriciliği, Tarla bitkileri melezleme tekniği, Sıcak iklim tahılları ve Yemelik tane baklagiller yetiştiriciliği.

Moleküler biyoloji ve genetik, Tarımsal biyoteknoloji, Moleküler bitki ıslahı, Bitkilerde genetik harita oluşturma ve QTL analizi, Nükleotid dizi analizleri, Markör destekli seleksiyon, SSR analizi ve Dizileme.

## EĞİTİM BİLGİLERİ

Derece	Fakülte/ Bölüm	Üniversite	Yıl
Lisans	Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi	2004-2008
Yüksek Lisans	Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyomühendislik ve Bilimleri	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi	2009-2011
Doktora	Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi	2012-2018

## AKADEMİK DENEYİM

Derece	Fakülte/ Bölüm	Üniversite	Yıl
Araştırma Görevlisi	Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü	Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi	2012-...

## BİLİMSEL ARAŞTIRMALAR

**Yüksek Lisans Tezi:** Pamukta Lif Uzamasıyla İlgili Genlerin Polimorfizmi (Danışman: Prof. Dr. Yüksel BÖLEK)

**Doktora Tezi :** Kahramanmaraş Koşullarında Yerel Cin Mısır (*Zea Mays Everta*) Populasyonlarının Morfolojik Agronomik ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi ve DNA Moleküler İşaretleyiciler ile Karakterizasyonu (Danışman: Prof. Dr. Leyla İDİKUT, devam ediyor).

### PROJELERDE YAPTIĞI GÖREVLER:

1. Kahramanmaraş Koşullarında Yerel Cin Mısır (*Zea Mays Everta*) Populasyonlarının Morfolojik Agronomik ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi ve DNA Moleküler İşaretleyiciler ile Karakterizasyonu, Araştırma Projesi, Yürütücü, , 27/03/2014 (ULUSAL).
2. Yulaf Genotiplerinde Bazı Tarımsal Karakterlerin ve Allelik Varyasyonlarının Basit Dizi Tekrar (SSR) Markörleriyle Belirlenmesi, Yükseköğretim Kurumları Tarafından Destekli Bilimsel Araştırma Projesi, Araştırmacı, , 15/03/2016 (ULUSAL).
3. Pamukta Lif Uzamasıyla İlgili Genlerin Polimorfizmi, Yükseköğretim Kurumları Tarafından Destekli Bilimsel Araştırma Projesi, Araştırmacı, , 18/07/2011 - 18/12/2011 (ULUSAL).

### **A- ULUSLARARASI HAKEMLİ DERGİLERDE YAYIMLANAN MAKALELER**

**A1. Zulkadir G.,** İdikut L., Çölkesen M. 2016. Olgunlaşmış ve Olgunlaşmamış Mısır Püsküllerinde Toplam Antioksidan ve Fenolik Madde Miktarlarının Belirlenmesi. International Journal of Agriculture and Wildlife Science (IJAWS), 2(1), 28-32. (Yayın No: 2839136).

**A.2. Zulkadir G.,** İdikut L., Çölkesen M. 2016. Determination of Some Agronomical Characteristics of Local Pop Corn (*Zea mays everta* L.) Genotypes in Kahramanmaraş Conditions of Turkey. The Journal of Agricultural Faculty of Uludag University, 30, 401-405. (Kontrol No: 3099027).

**A.3.** İdikut L., Beycioğlu T., **Zulkadir G.,** Çölkesen M. 2015. İkinci Ürün Olarak Yetiştirilen Yerel Börülce Genotiplerinde Bitki Sıklığının Araştırılması. TABAD Research Journal of Agricultural Sciences, 8(1), 1-6. (Kontrol No: 1973005).

- A.4.** İdikut L., **Zulkadir G.**, Yürürdurmaz C., Çölkesen M. 2015. Yerel Cin Mısırlı Genotiplerinin Kahramanmaraş Koşullarında Tarımsal Özelliklerinin Araştırılması. Kahramanmaraş Sütçü İmam University Journal of Natural Sciences, 18(3), 1-8. (Kontrol No: 1954643).
- A.5.** İdikut L., **Zulkadir G.**, Çölkesen M., Yüce İ., Kekilli Ö., Özel M.R., Paksoy M. 2016. Determination of Optimum Planting Time of Cowpea. Journal of Agricultural Faculty of Uludag University, 30, 413-416. (Kontrol No: 3099589).
- A.6.** İdikut L., **Zulkadir G.**, Çölkesen M., Yürürdurmaz C. 2016. Kompozit Şeker Mısırlı Popülasyonu ile Hibrit Şeker Mısırlı Çeşidinin Bazı Agronomik Özellikler Bakımından Karşılaştırılması. Nevşehir Bilim ve Teknoloji Dergisi TARGİD, 41-50., Doi: DOI: 10.17100/nevbiltek.95452 (Kontrol No: 2839236).
- A.7.** **Zulkadir G.** 2016. Farklı Konsantrasyonlarda Kullanılan Bakır Çözeltilisinin Çeşitli Yonca Tohumları Üzerine Etkileri. Adıyaman University Journal of Science, 6(1), 1-12. (Kontrol No: 2969147).
- A.8.** **Zulkadir G.**, Çölkesen M., İdikut L., Çokkızgın A., Girgel Ü., Tanrikulu A. 2015. Kahramanmaraş Koşullarında Farklı Mercimek (*Lens culinaris* Medic.) Genotiplerinde Bitki Sıklığının Verim ve Verim Unsurlarına Etkisinin Araştırması. Harran Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi, 19(3), 135-143. (Kontrol No: 1968999).
- A.9.** Çölkesen M., İdikut L., **Zulkadir G.**, Çokkızgın A., Girgel Ü. 2014. Determination of Yield and Yield Components of Various Winter Lentil Genotypes *Lens culinaris* Medic in Kahramanmaraş Conditions. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri, 1, 1247-1253. (Yayın No: 1967561).
- A.10.** **Zulkadir G.**, Bölek Y. 2014. Bazı Pamuk Genotiplerinde Lif Kalite Özellikleri Bakımından Fenotipik Analizi. Nevşehir Bilim ve Teknoloji Dergisi, 3(1), 56-68. Doi: <http://dx.doi.org/10.17100/nevbiltek.79418> (Kontrol No: 1968452).
- A.11.** **Zulkadir G.**, Bölek Y. 2014. Pamukta Lif Uzamasıyla İlişkili Genlerin Polimorfizmi. Nevşehir Bilim ve Teknoloji Dergisi, 3(1), 79-98. Doi: <http://dx.doi.org/10.17100/nevbiltek.89367> (Kontrol No: 1968211).

**B- ULUSLARASI BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN ve BİLDİRİ KİTABINDA ( TAM METİN OLARAK) BASILAN BİLDİRİLER**

- B.1.**Narlı T., İdikut L., Ekinci M., Üstüner T., **Zulkadir G.**, Çölkesen M. 2017. Investigation of Density of Sorgum halepense in Rotation of Corn and Radish Plant. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi- 2. Uluslararası Balkan Tarım Kongresi Özel Sayısı, Syf. 189-194.
- B.2.**İdikut L., Önem M., **Zulkadir G.**, Çölkesen M. 2017. Yerel Cin Mısır Genotiplerinin Kalite Özellikleri Arasındaki İlişkinin Belirlenmesi. I. Uluslararası Organik Tarım ve Biyoçeşitlilik Sempozyumu 27-29 Eylül, Bayburt (Basım aşamasında).
- B.3.**İdikut L.,Önem M.,**Zulkadir G.**,Beycioğlu T.,Çölkesen M. 2017. Organik Tarımın Aşamalı Olarak Mısır Yetiştiriciliğinde Uygulanması. 1. Uluslararası İleri Araştırmalar ve Mühendislik Kongresi (Tam Metin Bildiri/Sözlü Sunum)(Yayın No:3730156)
- B.4.****Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2016. Determination of Some Ear Characteristics of Local Pop Corn (*Zea mays* Everta L.) Genotypes in Kahramanmaraş Conditions Turkey. VII International Scientific Agriculture Symposium, "Agrosym 2016", 6-9 October 2016, Jahorina, Bosnia and Herzegovina. Proceedings 2016 pp.484-490 ref.30.
- B.5.**Çokkızgın A., Girgel Ü., Çölkesen M., İdikut L., **Zulkadir G.** 2014. Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Çeşit ve Yerel Populasyonlarında Verim ile Verim Öğelerinin Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Uluslararası katılımlı, Türkiye 5. Tohumculuk Kongresi (Yayın No:1970709).

### **C- ULUSLARASI BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN ve BİLDİRİ KİTABINDA (ABSTRASCT OLARAK) BASILAN BİLDİRİLER**

- C.1.** **Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2017. Farklı Ekim Zamanlarının Kinoa (*Chenopodium quinoa*) Bitkisinin Kalite Özellikleri Üzerine Etkisinin Araştırılması. ISS2017 2nd International Science Symposium, September 5-8 2017, Tbilisi/Georgia.
- C.2.** İdikut L., **Zulkadir G.**, Çölkesen M., Gezginç H. 2017. Börülce Tane Ürünün Kalite Kriterlerine Farklı Ekim Zamanlarının Etkisi. ISS2017 2nd International Science Symposium, September 5-8 2017, Tbilisi/Georgia.
- C.3.**İdikut L., Önem M., **Zulkadir G.** 2017. Determination of the Relationship Between Agricultural Characteristics of Local Popcorn Populations. EKIN, Journal of Crop Breeding and Genetics.



**C.4. Zulkadir G.**, İdikut L. 2017. Simple, Rapid and Reliable Methods to Obtain High Quality RNA and Genomic DNA from Zea mays L. Leaves. EKIN, Journal of Crop Breeding and Genetics.

**D- ULUSAL BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN ve BİLDİRİ KİTABINDA (TAM METİN OLARAK) BASILAN POSTER BİLDİRİLER**

**D.1. Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2017. Kinoa'nın (*Chenopodium quinoa* Willd.) Kahramanmaraş Koşullarında İki Farklı Ekim Zamanının Araştırılması. Türkiye 12. Tarla Bitkileri Kongresi, 12-15 Eylül, Kahramanmaraş/Türkiye.

**D.2.** Çokkızgın A., Çölkesen M., İdikut L., **Zulkadir G.**, Girgel Ü., Polat C., İlker A. 2015. Yabani Bezelye *Pisum sativum* L SSP, *P elatius* ve *P sativum* L. ssp sativum Tohumlarında Dormansinin Kırılması. 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 1, 427-429. (Yayın No:1994456).

**D.3.** İdikut L., **Zulkadir G.**, Yürürdurmaz C., Çölkesen M. 2015. Kompozit Şeker Mısırı ile Hibrid Şeker Mısırı Çeşidinin Verim Unsurlarının Araştırılması. 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 1, 217-220. (Yayın No:3193003).

**D.4.Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M., Kekilli Ö., Yüce İ., Özel M.R., Paksoy M. 2015. Cin Mısır Tohumlarında Depoda Bekleme Yıllarının Çimlenme Üzerine Etkisinin araştırılması. 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 1, 262-266. (Yayın No:3193120).

**E. ULUSAL BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN ve BİLDİRİ KİTABINDA (ABSTRACT OLARAK) BASILAN POSTER BİLDİRİLER**

**E.1.Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2015. Kuraklık Stresine Dayanıklı Pirinç Germplazm Karakterizasyonunun Sağlanması. Ulusal Tarım Kongresi (Yayın No:1994719).

**E.2.Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2015. Antioksidanlar Açısından Tahıllar. 9. Gıda Mühendisliği Kongresi (Yayın No:1994801).

**E.3.Zulkadir G.**, İdikut L., Çölkesen M. 2015. Kitin Ve Kitosanın Bitki Savunması Üzerine Etkileri. 9. Gıda Mühendisleri Kongresi (Yayın No:1994865).

**E.4.Zulkadir G.** 2015. Düşük ve Optimum Sıcaklıkta Karanlık Ortamda Çimlendirilen Korunga (*O. Vicifolia*) Tohumları Üzerine Uv Radyasyonunun 312 Nm Etkileri. İç Anadolu Bölgesi, 2. Tarım Ve Gıda Kongresi (Yayın No:1993439).

**E.5.Zulkadir G.**, Keleş H., Tiryaki İ. 2013. Uv Işığın Arı Otu (*Phacelia Tanacetifolia* B.) Tohumlarının Çimlenme Performansı Üzerine Etkileri. 10. Tarla Bitkileri Kongresi (Yayın No:1993264).

**E.6.Keleş H., Zulkadir G.**, Tiryaki İ. 2013. H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>'nin Abiyotik Stres Şartlarında Çimlendirilen Arı Otu (*Phacelia Tanacetifolia* B.) Tohumları Üzerine Etkileri. 10. Tarla Bitkileri Kongresi (Yayın No:1993356).

## SERTİFİKA

1. Gıda Analizlerinde Kromatografik Tekniklerin (HPLC ve GCMS) Kullanımı, ANT Teknik “Gıda Analizlerinde Kromatografik Tekniklerin (HPLC ve GCMS) Kullanımı” semineri, Novotel Gaziantep, Sertifika, 15.05.2013 -15.05.2013 (Ulusal)
2. Ölçüm Belirsizliği Hesaplanmasına ait Uygulamalar, Ölçüm Belirsizliği Hesaplanmasına ait Uygulamalar, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 13.09.2010 - 15.09.2010 (Ulusal)
3. Metod Validasyon Uygulamaları, Metod Validasyon Uygulamaları, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 31.08.2010 -31.08.2010 (Ulusal)
4. Kalite Kontrol Kartlarının Kullanımı, Kalite Kontrol Kartlarının Kullanımı, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 26.08.2010 -27.08.2010 (Ulusal)
5. Metod Validasyon, Metod Validasyon, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 23.08.2010 -25.08.2010 (Ulusal)
6. Ölçüm Belirsizliği Hesaplanması, Ölçüm Belirsizliği, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 17.08.2010 -18.08.2010 (Ulusal)
7. TS EN ISO/IEC 17025 Deney ve Kalibrasyon Laboratuvarlarının Yeterliliği için Teknik Şartlar, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 16.08.2010 -16.08.2010 (Ulusal)
8. Fragment ve Sekans Eğitimi, Genomed Sağlık Hizmetleri A.Ş. tarafından ABI Genetic Analyzer cihazında gerçekleştirilen Fragment ve Sekans Eğitimi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Sertifika, 12.07.2010 -16.07.2010 (Ulusal).