

149712

EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

(DOKTORA TEZİ)

8X8 DİALLEL EKMEKLİK BUĞDAY (*T. aestivum* L.)

MELEZ POPULASYONUNDA BAZI TARIMSAL  
VE KALİTE ÖZELLİKLERİNİN KALITIMI

Şahin DERE

Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Bilim Dalı Kodu: 501.12.01

Tezin Sunulduğu Tarih: 23 / 09 / 2004

Tez Danışmanı : Prof. Dr. Metin Birkan YILDIRIM

149712

Bornova- İZMİR

**Şahin DERE** tarafından **DOKTORA** tezi olarak sunulan “**8x8 Diallel Ekmeklik Buğday (*T. aestivum* L.) Melez Populasyonunda Bazı Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Kahtımı**” başlıklı bu çalışma Ege Üniversitesi Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi'nin ilgili hükümleri gereğince tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 23 / 09 / 2004 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği ile başarılı bulunmuştur.

**Jüri Üyeleri:**

**İmza**

**Jüri Başkanı : Prof. Dr. Metin Birkan YILDIRIM**

**Raportör Üye : Doç. Dr. Metin ALTINBAŞ**

**Üye : Prof. Dr. Zihin YILDIRIM**

**Üye : Prof. Dr. Tanju NEMLİ**

**Üye : Prof. Dr. Metin KARA**

*(Handwritten signatures of the jury members)*

## ÖZET

### 8X8 DİALLEL EKMEKLİK BUĞDAY (*T. aestivum* L.) MELEZ POPULASYONUNDA BAZI TARIMSAL VE KALİTE ÖZELLİKLERİNİN KALITIMI

DERE, Şahin

Doktora Tezi, Tarla Bitkileri Bölümü

Tez Yöneticisi: Prof. Dr. Metin Birkan YILDIRIM

Eylül , 81 Sayfa

Sekiz buğday genotipi ve bunlardan elde edilen resiproksuz  $F_1$  melezleri 2002-2003 ekim yılında Bornova 'da, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi tarımsal deneme tarlasında yetiştirilmiştir. Ölçülen tarımsal ve kalite özellikleri Jinks- Hayman metoduna göre değerlendirilerek populasyonun genetik yapısı hakkında aşağıdaki bilgiler elde edilmiştir.

İncelenen diallel melez buğday populasyonunda, incelenen özellikler arasında bitki boyu ve bayrak yaprağı uzunluğu için kısmi dominantlık; bayrak yaprağı eni , başak uzunluğu, bin dane ağırlığı, tek bitki dane verimi ve kardeş sayısı ise üstün dominantlık özelliklerinin hakim olduğu görülmüştür.

Bitki boyu için Cumhuriyet, Marmara; Başak boyu için Cumhuriyet, Yüreğir, Bayrak yaprağı boyu için Malabadi, Ziyabey, Yüreğir; Bayrak yaprağı eni için Cumhuriyet, Basribey,

Malabadi, Yüreğir; Kardeş sayısı için Cumhuriyet, Marmara, Seri-82, Kaşifbey; Tek bitki dane verimi için Cumhuriyet, Kaşifbey, Bin dane ağırlığı için ise Kaşifbey, Cumhuriyet, Basribey, Seri-82 genotiplerde dominantlık özelliği saptanmıştır.

Dar anlamda kalıtım derecesi için en yüksek değer bitki boyu için (0,45) en düşük ise (0,01) ile kardeş sayısından, geniş anlamda kalıtım derecesi için en yüksek kalıtım derecesi (0,60) ile başak boyu ve bitki boyu karakterlerinden en düşük geniş anlamda kalıtım derecesi ise (0,45) ile tek bitki dane veriminde elde edilmiştir.

**Anahtar Sözcükler:** Buğday, ( *Triticum aestivum L.* ) Jinks- Hayman Tipi Diallel Analiz Yöntemi, Verim, Verim Komponentleri, Morfolojik Özellikler.

## ABSTRACT

### INHERITANCE OF CERTAIN AGRONOMICAL AND QUALITY CHARACTERISTICS IN A 8X8 DIALLEL BREAD WHEAT (*T. aestivum* L.) CROSS POPULATION

DERE, Şahin

Ph. D. Thesis , Field Crops Department

Supervisor : Prof. Dr. Metin Birkan YILDIRIM

September 2004, 81 pages

The F<sub>1</sub> progeny of a 8x8 half diallel cross of eight wheat genotype obtained in 2001 was grown at Bornova in 2002-2003. The agronomical traits and quality characteristics measured were analysed employing the techniques of Jinks- Hayman type diallel analysis. The conclusions drawn about genetic structure are summarized as followings:

Genetic variation in the cross population was significantly high for the traits studied. Plant height, flag leaf length expressed significant levels of partial dominance, flag leaf width, spike length, thousand kernel weight, grain yield per plant and number of tillers shown significant levels of over dominance.

Dominancy for each traits studied were given below as followings : Cumhuriyet and Marmara for plant height ; Cumhuriyet, and Yüreğir for spike length; Malabadi, Yüreğir and Ziyabey for flag leaf

## VIII

length ; Cumhuriyet, Basribey, Malabadi and Yüreğir for flag leaf width ; Cumhuriyet, Kaşifbey, Marmara, Seri-82 for number of tillers; Cumhuriyet, Marmara grain yield per plant; Cumhuriyet, Kaşifbey, Basribey and Seri-82 for kernel thousand weight.

The highest heritability at narrow sense was estimated for plant height (0,45); the lowest value was obtained for number of tiller (0,01). The highest heritability at broad sense were estimated for spike length, plant height (0.60) . The lowest heritability was estimated for grain yield per plant ( 0.45).

**Key words;** Wheat (*Triticum aestivum L.*), Jinks-Hayman Type Diallel Analysis Methods, Yield and Yield Components, Morphological Traits.

## TEŐEKKÜR

Doktora süresi boyunca yardımlarını esirgemeyen danışman hocam Prof. Dr. Metin Birkan Yıldırım'a, asıl olarak kadrosunda bulunduđum Karadeniz Teknik Üniversitesine, doktora çalışmamda arazi, teknik olarak ve laboratuvar imkanlarını sonuna kadar açık bulunduran Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı Başkanlığına ve değerli hocalarına, mesai arkadaşlarıma, araştırma materyali temininde yardımcı olan Menemen Tarımsal Araştırma Enstitüsü'ne ve beni eğitim ve öğrenimim boyunca her zaman destekleyen aileme sonsuz teşekkürlerimi borç bilirim.



## İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖZET.....	V
ABSTRACT.....	VII
TEŞEKKÜR.....	IX
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	X
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	XI
KISALTMALAR DİZİNİ.....	XII
1. GİRİŞ.....	1
2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	2
2.1. Diallel Analiz Yöntemi .....	2
2.1.1. Jinks- Hayman Diallel Analiz Yöntemi.....	4
2.2. Buğdayda Diallel Analiz Uygulamaları.....	12
3. MATERYAL VE METOD.....	19
3.1. Genetik Materyal.....	19
3.2.Yöntem: Jinks-Hayman Tipi Diallel Analiz Metodu.....	19
3.3. Diallel Analizler.....	23
3.4. İstatistik Değerlendirmeler.....	32
4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA.....	33
4.1. Ön Varyans Analizi.....	33
4.2. Varsayım Testleri.....	34
4.3. İncelenen Özellikler İçin Populasyonun Genetik Yapısı	36
4.3.1. Bitki boyu.....	36
4.3.2. Başak boyu.....	40
4.3.3.Bayrak yaprağı boyu.....	44
4.3.4. Bayrak yaprağı eni.....	47



## İÇİNDEKİLER (devam)

### Sayfa

4.3.5. Kardeş sayısı.....	50
4.3.6. Tek bitki dane verimi.....	54
4.3.7. Bin dane ağırlığı.....	58
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	63
KAYNAKLAR DİZİNİ.....	66
EKLER.....	76
Ek Çizelge 1. Bornova'da 2000-2003 Dönemlerine Ait Bazı İklim Verileri (Bornova Meteoroloji İstasyonu).....	76
Ek Çizelge 2. Ebeveyn Dizileri İçin Bulunmuş ( $W_r, V_r$ ) Değerlerinin Varyans Analizi Sonucu Elde Edilen F Değerleri.....	78
Ek Çizelge 3. 8x8 Ekmeklik Buğday Diallel Analizinde Her Blok İçin Bulunmuş $W_r, V_r$ Regresyon Katsayıları ve $b=1$ Hipotezi İçin Hesaplanmış t Değerleri ...	79
Ek Çizelge 4. Bloklar Üzerine Alınmış Ortalama ( $W_r, V_r$ ) Değerleri Arasındaki Regresyon Katsayıları ve $b=1$ Hipotezi İçin t Değerleri.....	80
ÖZGEÇMİŞ.....	81

**ŞEKİLLER DİZİNİ****Sekil****Sayfa**

4.1	Bitki boyu için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	38
4.2	Başak boyu için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	43
4.3	Bayrak yaprağı boyu için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	46
4.4	Bayrak yaprağı eni için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	49
4.5	Kardeş sayısı için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	52
4.6	Tek bitki dane verimi için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	57
4.7	Bin dane ağırlığı için ( $W_r, V_r$ ) grafiği.....	61

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Cizelge</u>	<u>Sayfa</u>
3.1 Diallel melezlemelerde ebeveyn olarak kullanılan sekiz buğday genotipinde incelenen tarımsal özelliklere ilişkin ortalama değerler.....	21
3.2 Hardy-Weinberg dengesine göre iki allelden oluşan populasyondaki genotiplerin frekanslar.....	23
4.1 İncelenen özelliklere ait genotip varyansı ve F değerleri.....	34
4.2 Bitki boyu için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri .....	36
4.3 Başak boyu için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	40
4.4 Bayrak yaprağı boyu için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	44
4.5 Bayrak yaprağı eni için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	47
4.6 Kardeş sayısı için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	50
4.7 Tek bitki verimi için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	54
4.8 Bin dane ağırlığı için tahmin edilmiş genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar ve kalıtım dereceleri.....	58

**KISALTMALAR DİZİNİ****Kısaltmalar**

<b>BAB</b>	Başak Boyu
<b>BB</b>	Bitki Boyu
<b>BDA</b>	Bin Dane Ağırlığı
<b>BYB</b>	Bayrak Yaprağı Boyu
<b>BYE</b>	Bayrak Yaprağı Eni
<b>GKY</b>	Genel Kombinasyon Yeteneği
<b>GXÇ</b>	Genotip Çevre İnteraksiyonu
<b>KS</b>	Kardeş Sayısı
<b>ÖKY</b>	Özel Kombinasyon Yeteneği
<b>LFI</b>	Birinci Boğum Arası Uzunluğu
<b>CMS</b>	Stoplazmik Erkek Kısırlık
<b>LSI</b>	İkinci Boğum Arası Uzunluğu
<b>LTI</b>	Üçüncü Boğum Arası Uzunluğu
<b>LS</b>	Başak Uzunluğu
<b>TBDV</b>	Tek Bitki Dane Verimi

## 1. GİRİŞ

Buğday tükemizde ve dünyada önemli bir ekonomik değere sahiptir. Ülkemiz Tarla Bitkileri ekili alanının % 73'nü kapsayan yaklaşık 9.4 milyon hektar ekim alanında buğday tarımı yapılmakta ve bu alandan 19 milyon ton üretim yapılmaktadır ( Anonymous 2003).

Buğday üretiminin artmasına neden olan ıslah çalışmaları büyük ölçüde yürütülmüş ve başarılı sonuçlar vermiştir. Geleneksel buğday ıslahında melezlemelerde kullanılacak ebeveynlerin seçimi ve yapılan melezler arasında seleksiyon uygulamaya değer kalitede olanların doğru bir şekilde seçilmesi önem kazanmıştır. Bu seçim çalışmalarında kullanılan genetik yöntemlerden birisi olan diallel analiz yöntemi başarılı sonuçlar vermiş ve son yıllarda önerilmiştir.

Diallel analiz yöntemi ebeveynler arasında mümkün olan tüm melezlemeleri içine almaktadır. Bu genetik yöntem kantitatif karakterleri yöneten gen mekanizmasını belirlemek için kullanılmaktadır (Viana ve ark. 1999) .

Ebeveynlerin genetik yapısının tahmin edilmesi ve buna bağlı olarak melez populasyonların genetik yapılarının egemen olan mekanizmaların belirlenmesi ıslah programlarında başarılı sonuçlar alınmasına imkan vermektedir.

Jinks ve Hayman (1953) ve Hayman (1954,1958) diallel analizler için ebeveynlerin ve  $F_1$  döllerini,  $F_1$  ve  $F_2$  generasyonlarının verilerini kullanıp uygun ve tavsiye edilen metodlar ortaya koymuşlardır. Griffing (1956), Gardner ve Eberhart (1966) tarafından önerilen bu metod en yoğun olarak kullanılmalarının yanında bu yöntemleri bazı araştırmacılar da

(Jinks,1954; Kornegay ve Temple,1986; Nishimura ve Hamamura,1993) kullanmıştır.

Bu çalışmanın amacı Ege Bölgesinde yetiştirilmekte olan 8 ekmeklik buğday genotipi arasında yapılan resiproksuz diallel melezlemeler sonucu elde edilen melez populasyonunun genetik yapısını irdeleyip üzerinde çalışılacak düzeyde genetik varyasyon taşıyan melezleri ve melezlemelerde kullanılacak üstün genetik değerli ebeveynleri belirlemektir.

## **2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR**

### **2.1. Diallel Analiz Yöntemi**

Bitki ıslahı çalışmalarında üzerinde durulan her özellik için, populasyondaki genetik varyansın nispi öneminin bilinmesi başarı için bir ön koşuldur (Falconer 1996). Ancak bu yapıldıktan sonra, genotipik varyans komponentlerine ayrılarak karakterlerin kalıtım mekanizmalarına ait bazı temel genetik bilgiler elde edilebilir. Kalıtımı basit kalitatif karakterlerin ıslahı nispeten kolay olup, klasik Mendel analizi bitki ıslahçısına yeterli genetik bilgiler sağlayabilir. Fakat verim gibi kalıtımı oldukça karışık olan kantitatif karakterlerin ıslahında Mendel analizi uygulamak oldukça zordur ( Falconer,1996; Gilbert,1958).

Diallel analiz metodu ilk kez 1919 yılında Schmidt tarafından kullanılmıştır. Schmidt diallel çalışmasında; balıklarda yapmış olduğu melezlemeler sonucu genetik değer açısından ebeveynleri kıyaslamayı

uygun görmüştür. Uygun ebeveyn seçimi için diallel tekniğin bu ilk uygulamasında Schmidt bu tip bir analizin uygun bir sınıflandırma sistemi olabileceği kanısına varmıştır ( Yıldırım, 1974).

Yates (1947), resiprok halinde yapılmış melezleri de içine alan bir diallel tablosunu değerlendirerek ebeveynler arasındaki farklılıkları ortaya koymuştur. Bu çalışmanın, diallel analizlerin daha sonraki gelişmeleri üzerine büyük katkısı olmuştur.

Melezleme ıslahında başarının ön koşullarından birisi uygun ebeveyn seçimidir. Ebeveynlere ait agronomik gözlem değerleri ebeveyn seçiminde nispeten yardımcı olmakla birlikte, ebeveynlerin genel ve özel uyum yetenekleri hakkında ve farklı ebeveynlerdeki üstün özelliklerin melez dölde hangi oranda bir araya gelebileceği konusunda bilgi edinilemez ( Whitehouse ve ark., 1958). Bu bakımdan gerçek melezi yapmadan ve açılma generasyonlarında döl kontrolü uygulamadan hangi ebeveyn çiftinin ümitvar döllere vereceği tahmin edilemez. Bu ise genellikle zaman alıcı ve masraflı olup uygun olmayan ebeveynlerin seçimi ıslahçıyı zaman kaybına sebep olacaktır. Buna karşın erken generasyonlar da tercihen  $F_1$  veya  $F_2$  de yapılan diallel melez analizi ile yüksek verimli hatlar verme şansı düşük olan melezler elemine edilebilir. Ümitvar melezler daha detaylı incelenerek genetik yapı ve kalıtım mekanizması analiz edilebilir (Crumpacker ve Allard, 1962 ). Arzu edilen genotiplere yüksek oranda sahip populasyonlar geliştirmek amacıyla sentetik varyete ve hibrit ıslahında kendilenmiş hatların potansiyellerinin belirlenmesinde diallel melezleme çok önemli katkıda bulunmaktadır (Hayvard, 1979 ).

Daha sonraları deęişik arařtırıcılar kendine ve yabancı döllenen birçok bitkide bu yöntemi yoğun olarak kullanmışlardır.

Diallel analiz teknięi daha sonraki yıllarda geliştirilerek ařaęıdaki deęişik konularda uygulanmıştır ( Crumpacker ve Allard, 1962).

1. Genel ve özel kombinasyon uyuşmalarının arařtırılmasında
2. İslah programlarında ebeveyn seçiminde
3. Genotip çevre interaksiyonlarının tespitinde
4. Genetik parametrelerin saptanmasında

### **2.1.1. Jinks- Hayman Diallel Analiz Yöntemi**

Bir grup homozigot ebeveynin genetik özelliklerinin arařtırılmasında kullanılan  $W_r, V_r$  daęılımlı Jinks ve Hayman (1953), Jinks (1954) ve Hayman (1954) tarafından önerilmiş diallel melez analizi ařaęıda kısaca tanıtılmıştır. Varsayımlar:

Ebeveynlerde diploid açılım

Resiprok melezler arasında farklılıkların olmaması

Homozigot ebeveynler

Her lokusta iki allel

Epistasi olmaması ( allel olmayan genler arasında interaksiyon yoktur)

Ebeveynlerde genler birbirinden baęımsız olarak daęılmışlardır.



Yukarıdaki varsayımların tümü sağlanırsa  $W_r$ 'nin ( $r$ . inci ebeveynine ait dölleri ve onlara ait tekrarlanmayan ebeveynler arasındaki kovaryans),  $V_r$  ( $r$ 'nin melezleri varyansı) üzerine regresyonu bir doğru oluşturacaktır. Bu model eklemeli dominantlık modelidir. Bu eğrinin orijinden geçmesi tam dominantlık durumunda söz konusudur. Ordinat üzerinde orijinden olan kaymalar hattın ortalama dominantlık derecesinin bir ölçüsüdür. Söz konusu bu modelin geçerliliği için yapılacak test  $W_r$ ,  $V_r$  farklılığının sabit olmasıyla ifade edilir (Hayman, 1954). Hayman (1954 b; 1958), hangi tipteki dağılımların çeşitli varsayımların başarısızlığı sonucunda ortaya çıkabileceğini tartışmıştır. Birbiri arasında ilişki olan genlerin etkileri bunun bir göstergesidir. Hayman, ( $W_r, V_r$ ) eğrisinin ilişkiye bağlı olarak yukarıya doğru konveks olduğunu; dağılıma bağlı olarak da aşağıya doğru konveks olduğunu vurgulamıştır (Nassar 1965).

### Populasyon teorisi

Populasyon açısından bakıldığında diallel melezler ve ebeveynlerden oluşan bir grup içinde; biri ebeveyn hatlarının bizzat kendisinden oluşmuş; diğeri ise  $F_1$  melezlerinden oluşmuş iki populasyon vardır. Bu iki tip populasyon arasında iki yönlü bir ilişki bulunmaktadır.  $F_1$  populasyonu ebeveyn populasyonunun tesadüfen eşleşmesi sonucunda elde edilir. Ebeveyn populasyonu ise homozigotların kendilenmesinden sonra tesadüf örneği alınmasıyla elde edilir. Bu iki populasyonun varlığı ve aralarındaki ilişkinin bulunması genetik sistem hakkındaki bilgilerin bu populasyonlardan birinin dikkate

alınmaması veya iki populasyonun tek bir populasyon gibi muamele görmesi ile kaybedilmesi anlamına gelir. Kovaryans analizleri ile birlikte  $F_1$  populasyonlarının ve ebeveynlerinin ayrı ayrı varyans analizlerinin yapılması bu konuda tam olarak bilgiye erişilmesini sağlar (Hayman 1961).

### İstatistiksel model

Diallel melez populasyonu 6 parametreyle tanımlanabilir.

#### Ebeveyn populasyonu :

Ortalama  $\mu_0$

Varyans  $\sigma^2_0$

#### $F_1$ populasyonu

Ortalama  $\mu_1$

Varyans  $\sigma^2_1$

Yarı kardeşlerin kovaryansı  $\sigma^2_{11}$

Ortak populasyon ebeveyn – döl kovaryansı  $\sigma^2_{01}$

İki populasyon arasındaki ve içindeki varyasyon ise 5 parametre,  $\mu = \mu_1 - \mu_0$  ve 4 tanede ikinci derece istatistikle tanımlanır. Hayman (1960), parametrelerin tümü için tarafsız ve maksimum olasılık tahminlerini vermiştir.

## Genetik modeller

Hayman, (1960) tarafından eklemeli ve dominantlık etkileri  $d$  ve  $h$ ; gen frekansları  $p$  ve  $q$  ile gösterilmiş; genetik parametreler aşağıdaki şekilde gösterilmiştir.

$$\mu_1 = 4\sum p_i q_i = h$$

$$\sigma^2_0 = 4\sum p_i^2 q_i^2 d_i^2 = D$$

$$\sigma^2_1 = 2\sum p_i q_i (d_i + (q_i p_i) h_i)^2 + 4\sum p_i^2 q_i^2 h_i^2$$

$$= 1/2D - 1/2F + 1/2H_1 - 1/4H_2$$

$$\sigma^2_{11} = \sum p_i q_i (d_i + (q_i - p_i) h_i)^2$$

$$= 1/4D - 1/4F + 1/4H_1 - 1/4H_2$$

$$\sigma^2_{01} = 2\sum p_i q_i d_i (d_i + (q_i - p_i) h_i)$$

$$= 1/2D - 1/4F$$

$$h = 4\sum p_i q_i$$

$$D = 4\sum p_i q_i d_i^2$$

$$F = 8\sum p_i q_i (p_i - q_i) d_i^2$$

$$H_1 = 4\sum p_i q_i h_i^2 \text{ ve}$$

$$H_2 = 16\sum p_i q_i h_i^2$$

Bu tip genetik komponentlerin tahmin edicileri için her iki form da Hayman (1960) tarafından verilmiştir.

Başlıca beklenen değerleriyle birlikte Hayman'ın tahminleyicileri şu şekilde gösterilmiştir.

$$\epsilon D' = D$$

$$\epsilon F' = F - 2F/n$$

$$\epsilon H_1' = H_1 + (h^2 + H_2)/n$$

$$\epsilon H_2' = H_2 (h^2 + 4H_1 - 6H_2)/n + 6 H_2/n^2$$

$n$  = ebeveyn sayısıdır.

F'nin ilk tahmininde oransal taraf tutma  $2/n$  'den aşağı doğrudur.  $H_1$  ve  $H_2$  'nin ilk tahminlerindeki değişimler  $H_1$  ve  $H_2$  'ye olduğu kadar  $h^2$  'ye de bağlıdır. Dominantlık sapma belirtileri eğer dengeliyse  $h^2$  'yi 0 yapabilmek maksadıyla,  $H_1$  'in ilk tahmininde oransal taraf tutma  $1/n$  kadar aşağıya ;  $H_2$  için büyük  $n$  'ler için  $2/n$  kadar aşağı; küçük  $n$  'ler için ise alt sınır olan  $1/6$  kadar aşağı olacaktır. Eğer alleller "repulsion " dan "coupling " haline geldiyse,  $h^2$ ,  $kH_2$  kadar büyük olabilir,  $k$  burada ebeveynlerde farklı olan gen sayısıdır.  $n$  sayıdaki ebeveynin yaklaşık olarak  $2^k$  olduğu için  $H_1$  ve  $H_2$  nin ilk tahminlerindeki değişimler yukarıya çıkmakta ve  $n$  sayısının 2'den artmasıyla birlikte ağır ağır düşüş göstermektedir.

Yapılan tahminlerde  $h^2$  'nin  $kH_2$  'den daha büyük olduğu izlenir. Ancak Hayman (1960) tarafından belirtilen Sprague 'nun verileri  $k$  'nın yaklaşık olarak 3'ten daha büyük olmayacağı 10 adet ebeveyn hattı bulunmaktadır. Bu durumda ,  $h^2$  'nin tahmini 47 kat  $H_2$  'nin tahminine eşittir. Bu ise Mather'in modelinin uygun olmadığını ve gerçekten de epistasinin olduğunu göstermektedir.

### (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) grafiđi

r.inci ebeveyn ve bunun diđerleriyle olan dölleri diallel tabloda r. dizisini oluşturur. Şayet V<sub>r</sub>, r dizinin varyansı; W<sub>r</sub> ise r dizinin kovaryansı ise Mather'in modeli (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) = ¼ ((D-H<sub>1</sub>) olup W<sub>r</sub>- V<sub>r</sub> burada r'den bağımsızdır. W<sub>r</sub>, V<sub>r</sub> noktaları W<sub>r</sub><sup>2</sup> ≤ V<sub>r</sub>VOLO, VOLO ebeveynlerinin varyansı, sınırları dahilinde, bütün eğrideki düz hattın bir parçasıdır. (W<sub>r</sub>, V<sub>r</sub>) 'nin sürekliliđi Mather'in modelinin geçerliliđi için bir kriterdir. Bir başka kriter ise, yukarıda belirtildiđi gibi , n sayıdaki ebeveynin 2(h<sup>2</sup>/H<sub>2</sub>) 'den daha büyük olması gerektiđidir. Modeldeki varsayımlar ebeveynlerin homozigot olduđu, genlerin iki allelli olduđu ve genlerin birbirinden bağımsız olarak hareket ettiđi ve dağılım gösterdiđi şeklindedir.

(W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) 'nin beklenen varyansı duruma bađlıdır. Gruplar arasındaki (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) varyansı tekerrürler arasındaki varyanslardan farklıdır. Bunlardan ikincisi tekerrürlerin birbirinin aynı bir dizi genotipi içerip içermediđine ya da ebeveynlerden alınan bağımsız örneklere bađlı olup olmadıđına göre deđişmektedir. Küçük diallel melezlerde (W<sub>r</sub>, V<sub>r</sub>) varyasyonu için tatmin edici test (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) 'nin varyans analizidir (Hayman 1954). Geniş diallel melezlerde (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) 'nin teorik varyansları daha çok fayda sağlayabilir.

Şayet (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) 'nin deđişken olmadıđına dair bir durum söz konusu ise (W<sub>r</sub>,V<sub>r</sub>) grafiđi ebeveynlere ait nispi dominantlık özelliklerini gösterecektir (Hayman, 1954 ; Jinks, 1954 ).

Eğer  $(W_r, V_r)$  sabit değilse, modeldeki varsayımlardan en azından biri geçerli olmayabilir. Karakteristik olarak varsayımlardan her birinin başarısızlığa uğraması  $(W_r, V_r)$  grafiğinin eğrideki düz hattının bozulmasına neden olacaktır.  $(W_r, V_r)$  sabit olmadığından bu grafik genetik varyasyonu tanımlamada daha genel modele ihtiyaç duyulduğunu göstermektedir.

### **Küçük Diallel Melezler**

Ebeveyn sayısı  $(n)$  10'dan küçük olduğunda, diallel melezlerde populasyon parametrelerinin tahmin edilmesi önemli olacaktır. Ancak, bu durumda bireysel ebeveynler ve melezler esas ilgi alanıdır. Daha sonra deneme Eisenhart'ın I nolu modelini esas almakta ve linear farklılıkları test eden varyans analizi uygun bulunmaktadır. Küçük farklılıklar ; ebeveynlerin ve melezlerin genel ya da özel kombinasyon güçleri arasındaki farklılıklar hakkında bilgiler verebilir.

Diallel melezlerde genlere ait özelliklerin tümü Eisenhart 'ın önerileriyle tanımlanabilmekte ve 2 no'lu modele göre varyans komponentleri tahmin edilmektedir. Burada dikkat edilmesi gereken üç husus vardır. İlk önce; değişikliğe uğramış komponent tahminleri küçük diallel melezlerde büyük diallel mezlere göre daha önemlidir. İkinci olarak, komponentlerin hataları tekerrür üzerinden (Nelder, 1953 ) elde edilen ampirik varyasyondan kaynaklanmaktadır. Diğer bir deyişle, komponentler her bir tekerrürde ayrı ayrı tahmin edilir. Normalde yapıldığı gibi tekerrürlerin tümü üzerinden varyans analizi yapılmaz.

Üçüncü olarak,  $D=4 p^2q^2d^2$  net bir şekilde tanımlanmalıdır. Örneğin, 8 ebeveynli bir diallel melezde sadece 3 blok gen farklılık gösterir. Dört ebeveynli de ise sadece 2 gen çifti vardır. Benzer şekilde  $H_1$  ve  $H_2$  dominantlık ölçümlerini ( $h_i$ ) kapsamaktadır. D,F,  $H_1$  ve  $H_2$  komponentleri varyasyonu ölçmez. Bu durum küçük çaplı diallel melezlerde sorun olabilir. Kantitatif özelliklerdeki zorluk varyasyonların sürekli olmasındandır. Bu ise fenotipik sınıfların ayrılmaz olmasına ve klasik Mendel analizine uyarlanabilmesinin zor veya imkansız olmasına neden olmaktadır (Johnson, 1961).

Gilbert (1958) diallel melez tekniğinin kritik değerlendirmesi hususunda görüşlerini bildirmiştir. Kendisi tekniğin temel genetik varsayımlarını eleştirmiştir. Aynı zamanda bu tekniğin değerinin abartıldığı, söz konusu bilgilerin biraz daha fazlasının ebeveynlerin kendilerinden sağlanabileceğini belirtmiştir (Johnson, 1961).

Kantitatif özelliklerle ilgili çalışmalarda yoğun olarak diallel melezlemelerden yararlanılmaktadır. Mather (1949), Griffing (1956 a, 1956 b), Hayman (1954 a, 1954 b, 1957, 1958 ), Jinks (1954 ), ve Kempthorne (1956, 1957) isimli araştırmacılar tarafından yöntemler geliştirilmiştir.

## 2.2. Buğdayda Diallel Analiz Uygulamaları

İran'da buğdayda bakteriyel hastalıklara dayanıklı çeşit geliştirmek için yapılan 6x6 yarım diallel melezlemelerde hastalığa dayanıklılık için kısmen yüksek seviyede bir kısmı dayanıklılık olduğu tespit edilmiştir (Attari ve ark. 1996).

Stoddard (2003) tarafından tetraploid ve hexaploid buğdaylarda nişasta içeriklerini belirlemek için yapılan bir diallel çalışmada, F<sub>2</sub> generasyonlarının diallel analizinde epistasinin sınırlı etkileri olduğu sonucuna varmıştır

Yıldırım (1974), beş ekmeklik buğday çeşidinin diallel melez döllerindeki bazı tarımsal karakterlerin incelediği çalışmada, eklemeli varyansın hakim olduğu karakterlerin bin dane ağırlığı, bitki verimi, başakçık sayısı, başak uzunluğu ve bitki boyu karakterlerinde bunun yanında başakçık sayısı, bitki boyu ve olgunlaşma süresi özelliklerinde ise dominantlığın önemli olduğunu, dominantlığın tam dominantlık ( $d = h$ ) düzeyinde olabileceği karakterlerin bindane ağırlığı, başakçık sayısı, başak boyu olduğunu diğer karakterlerden bitki verimi, bitki boyu, olgunlaşma süresinde ise kısmi dominant kalıtımın olduğu sonucuna varmıştır.

Le Gouis ve ark. (2002), iki azotlu gübre seviyesinde kışlık buğday çeşitlerinde resiproksuz olarak yaptıkları 8x8 diallel melez analizinde düşük azot seviyesinde düşük girdili sistemlerde kültürü



yapılabilecek iyi hibritlerin seçiminde yüksek genel kombinasyon yeteneđi (GKY) etkilerine sahip olan bireylerin daha fazla deđer goreceđini ortaya koymuřlardır.

Kılınç (2001), ekmeklik buđdayların bazı tarımsal karakterlerinin uyum yeteneklerinin belirlenmesi zerine yapmıř olduđu 6x6 yarım diallel melezlerinden oluřturulan populasyonda, uygun ebeveyn ve mitvar melez kombinasyonlarını seřmek amacı ile yaptıđı alıřmada, kısa boyluluk zelliđini geliřtirmek iin PANDA X HAHN\* 2 kombinasyonunun, zel Kombinasyon Yeteneđinin (KY) dřk olması nedeniyle, uygun melez olacađını tespit etmiřtir. Kısa boyluluk aısından, HAHN\*2 hattının bitki boyunun kısa, Genel Kombinasyon Yeteneđinin (GKY) etkisinin dřk olması, bu anacın kısa boylu bitkilerin elde edilmesi bakımından mitvar olabileceđini gstermiřtir.

Li ve ark. (1995), triticum timopheevi stoplazmasına sahip hibrit buđdayda bitki boyunun ve onun komponentlerinin heterosisi ve kombinasyon yeteneđi zerinde resiproksuz diallel melez denemesinde kullanmıř olduđu 5 Stoplazmik Erkek Kısır (CMS) ve 4 restorer hatla yapmıř olduđu alıřmada bitki boyunda, melezlerin bařak boyunda, bođum aralarında 1'ci, 2'ci, ve 3' bođum aralarında heterosis ve heterobeltiosis meydana geldiđi sonucuna varmıřlardır. İlk bođum arası uzunluđu (LFI) bařlıca eklemeli olmayan genler tarafından bunun yanında ikinci bođum arası uzunluđu (LSI), nc bođum arası uzunluđu (LTI), bařak uzunluđu (LS), ve bitki boyunun eklemeli genler tarafından idare edildiđi sonucuna varmıřlardır. Temel bođum arası

uzunluđu (LBI) eklemeli ve eklemeli olmayan genlerin eřit olarak etkisi ile idare edildiđi sonucuna varılmıřtır. Spesifik bođum arası uzunluđunu kontrol eden bu genler sadece bitki boyunu etkilemekle kalmamakta aynı zamanda birbirine yakın olan bođumların uzunluđunu da belirlemektedir. Bitki boyu ve bođum aralarının uzunluklarının genetik sistemi bařak uzunluđunkinden ile bađımsızdır. Bu yúzden uzun bařaklı fakat kısa boyluluđa sahip hibrit kombinasyonları ve yeni buđday çeřitleri geliřtirmenin mýmkmún olduđu sonucuna varmıřlardır.

Fedin (1976), melez buđdayın bitki boyunun eklemeli ve dominantlık gen etkilerini iine alan genetik sistemler tarafından kontrol edildiđini bildirmiřtir. Bitki boyundaki heterosis dominant alleller iindeki farklılıklara bađlı olarak sonulanmıř ve en azından 1 yada 2 ift dominant ana genler tarafından idare edildiđi sonucuna varmıřtır.

Ekiz (1996), buđdayın yabani akrabaları ile yaptıđı 11x11 tam diallel melezleme alıřmasında bin dane ađırlıđı, protein oranı ve dane sertliđi gibi kalite özelliklerini incelemiřtir. Özellikler üzerinde genotip, evre ve stoplazma etkileri ile bunlar arasındaki etkileřimler farklı olmuřtur. Protein oranı üzerinde Genel Kombinasyon Yeteneđi (GKY) etkileri yúksek bulunurken , bindane ađırlıđı iin hem Genel Kombinasyon Yeteneđi (GKY) hem de Özel Kombinasyon Yeteneđi (ÖKY) etkileri önemli rol oynamıřtır. Geniř ve dar anlamdaki kalıtım dereceleri protein yúzdesi iin sırasıyla 0.94, 0.82 ; bin dane ađırlıđı iin sırasıyla 0,95, 0,65 ve dane sertliđi iin ise aynı sırayla 0,95 ve 0,74 olarak hesaplanmıřtır.

Ronga ve ark. (1995), İtalya da makarnalık buğdaylarda kombinasyon yeteneğinin bir seleksiyon kriteri olarak önemini belirlemek amacıyla 6 makarnalık buğday çeşidi ve bunların diallel melezleri üzerinde yaptıkları bir araştırmada ; anabaşak ağırlığı , başakta dane ağırlığı , bin dane ağırlığı, başakta dane sayısı ve hasat indeksi gibi verim unsurlarını incelemiştir. Ele alınan tüm özellikler için genel kombinasyon yeteneği (GKY) kareler ortalaması çok önemli bulunmuş olup, bu eklemeli gen etkisine işaret etmektedir.

Fırat (1998), ekmeklik buğday adaptasyonunda vernalizasyona tepkiyi kontrol eden genlerin üzerinde 10 farklı lokasyonda yaptığı çalışmada, geniş anlamda kalıtım derecelerinin dane verimi için 0,00-86,1, hasat indeksi için 49,5-91,5, bin dane ağırlığı için 85.6- 95.9, bitki boyu için 89.9-98.9, başaklanma süresi için 86.6-96.9 arasında değişen oranlarda, protein oranı için ise ortalama 9.8 olarak hesaplanmıştır.

Wells ve Lay (1970), 22 ekmeklik buğday hattı ile 2 buğday çeşidi arasında yaptıkları melezleme sonucu elde ettikleri F<sub>1</sub> bitkilerinde dane verimi ve 1000 dane ağırlığı için heterosis ve heterobeltiosis değerlerini incelemiştir. Heterosis değerleri dane verimi için %19-82 arasında, 1000 dane ağırlığı için ise %13-14 arasında değişiklik göstermiştir. F<sub>1</sub> bitkilerinde dane verimi ile 1000 dane ağırlığı arasında önemli düzeyde ilişki tespit edilmiştir.

Makarnalık buğday melezlerinde çeşitli özelliklerin heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin incelendiği bir araştırmada heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin sırasıyla dane verimi için % -25.2 ile %97.1,

% -26.5 ile % 62.9 arasında, başakta dane sayısı için % - 26.0- % 57 , %-36 ile %20 arasında , bin dane ağırlığı için % -2.1 ile % 26.8, % -7.9 ile % 22.8 arasında başak uzunluğu için %-7 ile % 9, % -12 ile % 7 arasında ve başaklanma süresi için % -3.8 ile % 4.1 , % - 3.4 ile %10 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Araştırma sonucunda, incelenen özelliklerin çoğu için heterosis tespit edilmiş, kısa ve uzun boylu ebeveynlerin melezlerinin genelde pozitif heterosis göstermesinin ileride melez buğday üretiminde uzun boylulukla karşılaşılacağı kanaatine varılmıştır ( Demir ve ark. 1975).

Yağbasanlar (1990), bazı makarnalık ve ekmeklik buğday melezlerinin F<sub>1</sub> populasyonlarında; bitki boyu, başak uzunluğu, başakta başakcık sayısı, başakta tane sayısı, başakta dane ağırlığı ve bitki verimi bakımından melez gücü ve bu özellikler arasındaki ilişkileri araştırmıştır. Araştırma sonucunda, heterosis ve heterobeltiosis ortalama değerleri bitki boyu için % 4.2 ve % 1.6, başak uzunluğu için % 3.0 ve % 0.4, başakta başakcık sayısı için % 1.7 ve % -2.7, başakta dane sayısı için % 7.9 ve % 2.9 , başakta dane ağırlığı için % 11.1 ve % 5.9 , bin dane ağırlığı için % 3.1 ve % -0.1 ve bitki verimi için % 16 ve % 6.2 olarak tespit edilmiştir. Ayrıca, bitki boyu ile başakta başakcık sayısı, başakta dane ağırlığı ve bin dane ağırlığı arasında olumlu önemli ilişkiler bulunduğunu, başakta başakcık sayısının artmasının , başakta dane sayısı ve ağırlığının artmasıyla bin dane ağırlığının düşmesine neden olduğunu, başakta dane ağırlığının artışı ile bitki veriminde de önemli düzeyde yükselme olduğu ortaya konulmuştur.

Niksarlı ( 2000), 8x8 diallel melez arpa populasyonunda bazı tarımsal ve kalite özelliklerinin kalıtımı ile ilgili yapmış olduğu çalışmasını Jinks- Hayman analiz metoduna göre değerlendirerek populasyonun genetik yapısı hakkında bilgi edinmiştir. Bitki boyu, başak boyu, kardeş sayısı, parsel verimi, bin dane ağırlığı gibi özelliklerde dominantlık varyansının hakim olduğu sonucuna varmıştır. Ayrıca bitki boyu, başak boyu, bayrak yaprağı eni, ve bin dane ağırlığı karakterleri için kısmi dominantlık ; bayrak yaprağı boyu, kardeş sayısı, parsel verimi ve protein miktarı için ise üstün dominantlığın hakim olduğunu tespit etmiştir.

Soylu (1998), Orta Anadolu şartlarında makarnalık buğday ıslahında kullanılabilecek uygun ebeveyn ve melezlerin çoklu dizi (line x tester ) yöntemi ile belirlenmesi konusunda yapmış olduğu çalışmada genel ve özel kombinasyon yetenekleri, varyans tahminleri, eklemeli ve dominantlık varyans komponentleri ile oransal ilişkileri; tek bitki dane verimi bitki boyu, kardeş sayısı protein oranı ve kuru oranı özelliklerinde eklemeli olmayan bayrak yaprak eni ve boyu, başak uzunluğu, bin dane ağırlığı, başaklanma süresi, hektolitreye ağırlığı gibi özelliklerin ise eklemeli gen etkilerinin etkisi altında olduğunu ortaya koymuştur. Geniş ve dar anlamda kalıtım derecesi en yüksek sırasıyla bitki boyu ve başak uzunluğunda (0,95- 0,62) , en düşük ise camsılık ve tek bitki verimi (0.44-0.003) özelliklerinde belirlenmiştir. İncelenen özellikler için belirlenen geniş anlamda kalıtım dereceleri 0.44 (camsılık) ile 0.95 (bitki boyu ) arasında değişirken, dar anlamda kalıtım derecesi ise 0.03 ( tek bitki dane verimi ) ile 0.62 ( başak uzunluğu ) arasında yer almıştır. Dar

anlamda kalıtım derecesinin düşük ve eklemeli olmayan gen etkilerin önemli olduđu özellikler için ilk generasyonlarda toptan seçme ( bulk ) yönteminin uygulanması ve tek bitki seleksiyonun  $F_3$  ve  $F_4$  generasyonuna kaydırılmasının daha uygun olacağını belirtmiştir.

Yağdı ve Ekingen (1995), beş ekmeklik buğday çeşidinde yaptıkları tam diallel melezleme çalışmasında, bazı agronomik özelliklerin kalıtımını incelemiştirler. Diallel analiz sonuçlarına göre; bitki boyu, başakta dane ağırlığı, için eklemeli ve dominant , başak boyu ve başakta dane sayısı için dominant , bin dane ağırlığı için ise eklemeli varyansın varlığını belirlemiştirler. Bitki boyu, başakta dane ağırlığı ve bin dane ağırlığı özelliklerinde eklemeli varyans komponentlerinin belirgin olması bu özellikler bakımından popülasyonda başarılı bir seleksiyon uygulanabileceği sonucunu ortaya çıkarmıştır. Dar anlamda kalıtım derecesi bitki boyu için 0.37, başak boyu için 0.74, başakta dane sayısı için 0.25, başakta dane ağırlığı için 0.27 ve bin dane ağırlığı için ise 0.30 olarak tespit edilmiştir.

### **3. MATERYAL VE METOD**

#### **3.1. Genetik Materyal**

Çalışmada ebeveyn olarak, Ege Bölgesinde yaygın olarak yetiştirilen sekiz ekmeklik buğday genotipi kullanılmıştır. Diallel melezlemelerde kullanılan genetik materyal ve bu materyallere ait olan özellikler Çizelge 3.1 'de gösterilmiştir. Bu çeşitler 2000-2001 ekim yılında Bornova'da, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Uygulama ve Araştırma Tarlalarında 02/10/2000 tarihinde ekilmiştir. 2001 yılı baharında genotipler arasında resiproksuz diallel melezlemeler yapılmıştır. Elde edilen  $F_1$  döller ve sekiz ebeveyn 2002 -2003 ekim yılında mikro verim denemesi şeklinde Bornova'da yetiştirilmiştir.

#### **3.2. Yöntem: Jinks-Hayman Tipi Diallel Analiz Metodu**

##### **Diallel melezlemeler**

Diallel melezlemelerde ebeveyn olarak kullanılan buğday çeşitleri 2000-2001 yılı ekim ayında 02/10/2000 tarihinde Bornova'da ekilerek 1 m sıra uzunluğu , 30 cm sıra arası mesafelerinde tek sıralar halinde yetiştirilmiştir. Çiçek tozu sağlamak amacıyla 15 gün ara ile 3 farklı zamanlı olarak ekilmişlerdir. 2001 yılı nisan ayında ebeveyn genotipler arasında resiproksuz diallel melezler yapılmıştır. Melezlemede ana olarak kullanılacak olan bitkilerin başakları emasküle (erkek organların yok edilmesi) edilerek izole edilmiş ve iki- üç gün sonra baba olarak

kullanılacak olan tozlayıcı bitkiden alınan başaklar döndürme (twirl) metoduna göre (Yıldırım, 1975; Rasmusson, 1985), tozlama işlemi sabahın erken saatlerinde yapılmıştır. Bu yöntemde tozlayıcı bitkinin başağının kavuz uçları üstten kesilmiş ve çiçek tozu belirinceye kadar başak sapı toprak içinde bekletilerek polen tozlarının olgunlaşması sağlanmıştır. Daha önce emasküle edilmiş ana başağın izolasyon kesesi üstten kesilerek tozlayıcı başak içeri sokulmuş ve birkaç kez döndürülerek tozların stigma üzerine düşmesi sağlanmıştır. Dane bağlayan başaklar olgunlaşma zamanında ayrı ayrı elle hasat edilerek melez daneler elde edilmiştir.

Diallel melezlerde ebeveyn olarak kullanılan çeşitler ve bunlara ait bitki boyu (cm), başak boyu (cm), bayrak yaprağı boyu (cm), bayrak yaprağı eni (cm), kardeş sayısı (adet), tek bitki dane verimi (gr), bin dane ağırlığı (gr) ortalamaları Çizelge 3.1 'de verilmiştir.



**Çizelge 3.1. Diallel Melezlemelerde Ebeveyn Olarak Kullanılan 8 Ekmeklik Buğday Genotipinde İncelenen Tarımsal Özelliklere İlişkin Ortalama Değerler**

Çeşit	Orijin	Bitki Boyu (BB) (cm)	Başak Boyu (BAB) (cm)	Bayrak Yaprağı Boyu (BYB) (cm)	Bayrak Yaprağı Eni (BYE) (cm)	Kardeş Sayısı (KS) (adet)	Tek Bitki Dane Verimi (TBV) (g)	Bin Dane Ağırlığı (BDA) (g)
Cumhuriyet	İzmir	93,67	12,38	25,40	2,03	5,58	6,90	34,00
Kaşifbey	İzmir	83,00	10,13	24,33	1,92	5,20	4,40	27,20
Ziyabey	İzmir	85,10	9,48	24,90	1,96	5,54	7,30	34,00
Marmara	Sakarya	87,24	10,57	24,60	1,93	5,51	3,83	28,60
Basribey	İzmir	76,06	10,11	22,46	1,95	5,82	4,63	20,80
Malabadi	İzmir	88,24	11,71	25,40	2,04	3,96	1,10	20,20
Yüreğir	Adana	87,60	11,92	29,05	2,24	4,93	3,73	30,60
Seri-82	Adana	77,8	10,26	23,86	1,96	6,63	5,43	29,20

Sekiz ebeveyn  $n(n-1)/2$  denklemine göre elde edilen 28 tek melez ve 8 ebeveynle birlikte toplam 36 kombinasyondan elde edilen daneler 2002-2003 ekim yılında Bornova koşullarında yetiştirilmiştir.

Üç tekerrürlü tesadüf blokları deneme desenine göre düzenlenen denemede, parsel boyu 1 m ve sıra arası 30 cm 'dir. Her parselde bitkiler arasında 10 cm mesafe bulunmaktadır.

Ekim 27/11/2002 tarihinde yapılmış ve çıkıştan sonraki dönemlerde normal gübreleme ve yabancı ot mücadelesi gibi bakım işlemleri yapılmıştır. Her parselden tesadüfen seçilen 5 bitki üzerinden ayrı ayrı aşağıdaki ölçüm ve gözlemler yapılmıştır.

**Bitki Boyu:** Bitkilerin ana sapının toprak yüzeyinden ana başağın ucuna kadar olan ( kılçık hariç) mesafe (cm)

**Başak Boyu :** Her bitkide ana sap başağının ( kılçık hariç) boyu (cm)

**Bayrak Yaprağı Boyu :** Bitkinin ana sapındaki bayrak yaprağı ayasının boyu (cm)

**Bayrak Yaprağı Eni :** Bayrak yaprağının en geniş yeri (cm)

**Kardeş Sayısı :** Bitkiler toprak yüzeyinden elle söküldükten sonra kardeş sayılarının sayılması ile ( adet)

**Tek Bitki Dane Verimi :** Her parsel hasat edildikten sonra elde edilen tek bitkilerin daneleri tartılarak(g)

**Bin Dane Ağırlığı :** Her parselde sayılan 2 kez 50 adet danenin 0,001 g duyarlılıktaki hassas terazide elde dilen ağırlıkları ortalaması 20 katsayısı ile çarpılarak belirlenmiştir(g) .

### 3.3. Diallel Analizler

Hardy-Weinberg dengesine göre iki allelden oluşan bir popülasyondaki genotiplerin frekansları Çizelge 3.2 'de verilmiştir.

**Çizelge 3.2.** Hardy-Weinberg Dengesine Göre İki Allelden Oluşan Popülasyondaki Genotiplerin Frekansları (Hayman 1954).

	Ana			
	Genotip	AA	aa	Baba dizisi
	Frekans	p	q	ortalaması
Ortalama	d	-d		
Baba	AA	AA	Aa	pd+qh
	p	p <sup>2</sup>	pq	
	d	d	h	
	aa	Aa	aa	-qd+ph
q	pq	q <sup>2</sup>		
Ana dizisi	-d	h	-d	
		pd+qh	-qd+ph	Ortalama
Ortalaması				(p-q)d+2pqh

Çizelge 3.2 'deki işaretleri genetik olarak tanımlarsak:

d: Eklemeli etki

h: Dominantlık etkisi

p: Dominant allelin (A) gen etkisi

q: Resesif allelin (a) gen etkisi

Ebeveynlerin ortalamadan olan farkı eklemeli etkidir ve d harfi ile gösterilir. Heterozigot genotipin ortalamadan farkı ise h harfi ile gösterilir ve bu dominantlık etkisidir. F<sub>1</sub> populasyonlardaki AA, Aa ve aa genotiplerinin frekansları p<sup>2</sup>, 2pq ve q<sup>2</sup> olacaktır, bu populasyondaki toplam varyans

$$2pq(d - (p - q)h) + 4p^2q^2h^2$$

olacaktır. Bu ise tesadüf eşleşmesi hakim olan bir populasyondaki toplam varyanstır. Bir diallel tablodaki aile ortalamaları arasındaki varyans aşağıdaki nedenlerden ileri gelecektir.

Analar arasındaki farklılık

Babalar arasındaki farklılık

Analar ve babalar arasındaki interaksiyon

Tabloda gösterilmiş olan dizi ortalamalarının varyansı aşağıdaki şekilde belirlenir.:

$$V_r = p(pd + vh)^2 + v(-vd + ph) - [(p - d)d2pvh]^2$$

$$V_r = pv[d - (p - v)h]^2$$

Aynı dizideki aileler arasında bir ebeveyn ortak olduğu için bunlar arasında üvey kardeş ilişkisi vardır. Bu nedenle ebeveynler arasındaki varyans üvey kardeş aile ortalamaları arasındaki kovaryans olarak ifade edilebilir.

Ana ve babalar arasındaki interaksiyon ise toplam varyanstan analar ve babalar arasındaki varyansların çıkarılmasıyla elde edilebilir. Bu aşağıda verilmiştir.

$$V_1 = 2pq [ d - (p-q)h ]^2 + p q h - 2pq [ d - (p-q)h ]^2$$

$$V_1 = 4p^2 q^2 h^2$$

Yukarıda tek lokus için verilmiş ifadeleri Mather (1949)'in notasyonuna uyararak eklemeli varyans D ve dominantlık varyansı H cinsinden aşağıdaki şekilde ifade edebilir.

$$D: \sum 4 p q d^2$$

$$H_1: \sum 4 p^2 q^2 h^2$$

$$H_2: \sum 16 p^2 q^2 h^2$$

$$F: \sum 8 \cdot pq (p-q) dh$$

Yukarıdaki eşitliklerde 4 genetik komponentin varlığı dikkati çekmektedir. Bunlardan D eklemeli gen etkilerini ifade eder.  $H_1$  ve  $H_2$  komponentleri dominantlık etkilerini belirler.  $H_2$  tesadüf eşleşmesi hakim olan populasyonlardaki düzeltilmiş dominantlık varyansıdır. Gen frekansları eşit olduğu durumlarda ( $p=q$ )  $H_1$  komponenti  $H_2$  ye eşit

olacaktır. F komponenti ise dominant ve resesif allelerin nispi dağılışı yönünü belirler.

Yukarıda tanıtılmış olan 4 genetik komponenti saptamak için 4 istatistik hesaplanmalıdır. Döl ve aile ortalamalarının yani VOLI (dizi ortalamalarının varyansı), VILI ( ebeveyn dizileri varyansları ortalaması ) varyans analizleri üç istatistik verdiği halde bunlardan ikisi birbiriyle eş değerdedir. Bu nedenle iki tane daha istatistik bulmak gerekecektir. Bunlardan bir tanesi ebeveynler arasındaki varyanstır (VP) ve VOLO ile gösterilmiştir.

$$VP = pd^2 + qd^2 - [(p-q)da]^2 = 4pqd^2 = VOLO$$

Diğeri ise bir dizideki kombinasyonlarla tekrarlanmayan ebeveyn arasındaki kovaryanstır ( $W_r$ ).

$$W_r = pd(pd+qh) - qd(-qd+ph) - (p-q)d [(p-q)d - 2pqh^2]$$

$$W_r = 2pqd^2 - 2pq(p-q)dh$$

Her dizi için ayrı ayrı bulunmuş  $W_r$  değerlerinin ortalaması olarak elde edilen  $W_r$  değerinin genetik karşılığı aşağıdaki şekilde yazılabilir.

$$W_r = 1/2 D - 1/4 F \text{ ve } WOLOI \text{ simgesi ile gösterilmiştir.}$$

Diallel melezleme sonucu elde edilmiş olan F1 kombinasyonları ve ebeveynler uygun bir deneme deseni uyarınca denendiğinde

denemenin analizi sonucunda elde edilmiş olan deneme hatası çevre varyansı olarak kabul edilebilir. Yukarıda tanıtılmış olan 4 istatistik çevre varyansını da dikkate alarak aşağıdaki genetik eşitlikler halinde gösterilir.

$$(VOLO) = D + E_p$$

$$(VOLI) = \frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{4} F + \frac{(n-1)}{2n^2} E_F + \frac{1}{n^2} E_p$$

$$V_1 = \frac{1}{4} H_2 + \frac{n-1}{2} E_F + \frac{1}{n} E_p$$

$$(WOLOI) = W_r = \frac{1}{2} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{n} E_p$$

Yukarıdaki beklenen değerlerin ortaya konmasındaki temel düşünce şöyledir;  $n^2$  kadar döl aile ortalamasından meydana gelmiş olan bir diallel tabloda köşegeni üzerinde  $n$  sayıda ebeveyn ailesi ve  $n(n-1)$  sayıda  $F_1$  ailesi bulunmaktadır. Resiprok  $F_1$ 'ler benzer beklenen değerlere sahip oldukları için yukarıdaki istatistikleri hesaplarırken bunların ortalaması üzerinde hesaplamalar yapılır. Böylece çevre varyansı komponenti yarıya indirilmiş olur ( $\frac{1}{2} E_p$ ). Diallel tablodaki her değer için tartılı çevre varyansı komponenti aşağıdaki şekilde olacaktır.

$$\frac{1}{n} (E_p + \frac{1}{2} (n-1) E_p)$$

Yukarıdaki değer interaksiyon komponentine ait çevre etkisi olacaktır. Dizi ortalamalarının varyansı ( $V_r$ ) ise yukarıdaki değer  $\frac{1}{n}$  kadarına sahip olacaktır. Birçok durumda ise kovaryansa ( $W_r$ ) ait çevre

varyansı komponenti  $1/n$  'i kadar olması ve diallelelere ait varyansları saptarken kendilenmiş döl ebeveyn kovaryansı için  $1/n$  kadar yer alacaktır.

Eğer  $F_1$  dölleri bloklar içinde tesadüfen dağılmış parseller halinde yetiştirilmiş ise bu durumda E, ön varyans analizinde elde edilmiş olan Blok x Aile varyans komponenti hata olarak kabul edilir. Bu durumda ise diallel tablodan elde edilmiş 4 istatistiğin genetik kompozisyonu aşağıdaki şekilde olacaktır.

$$VOLO=D+E$$

$$V_r = \frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} F + \frac{(n-2)}{2n^2} E' + E$$

$$V_1 = \frac{1}{4} H_2 + n - \frac{1}{2} nE$$

$$WOLOI = \frac{1}{2} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{n} E$$

Diallel analiz programında Hayman (1954) tarafından önerilmiş gösterme şekline uyularak yukarıda verilmiş olan istatistikler aşağıdaki şekilde gösterilecektir.

1. Ebeveynler arasındaki varyans; diallel tablodaki köşegen üzerinde yer alan ebeveynlere ait değerler arasındaki varyanstır ve VOLO olarak gösterilir.

2. Dizilerin varyansları; her ebeveyn dizisindeki değerlerin varyansı bu her dizi için  $V_r$  olarak gösterilir.



3. Dizi ortalamaları arasındaki varyans; VOLI olarak gösterilir.

4. Dizilerdeki değerlerle tekrarlanmayan ebeveyn arasındaki kovaryans; bu her dizi için  $W_r$  olarak gösterilir.  $W_r$  değerlerinin ortalaması ise WOLOI olarak gösterilir. Daha önce tanıtılmış olan istatistiklerin yanı sıra burada dizi varyanslarının ( $V_r$ ) ortalaması VILI elde edilmektedir. VILI genetik yönden aşağıdaki şekilde ifade edilebilir.

$$VILI = \frac{1}{4} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{4} H_1 (E + \frac{1}{2} (n-1) E') / n$$

Yukarıdaki formülde VOLI ile VILI arasındaki fark daha önce Mather ve Jinks'e (1971) göre verilmiş olan  $V_1$  komponentine eş olmaktadır (Yıldırım ve Şengonca, 1978).

### **Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar**

Daha önce tanıtılmış olan istatistikler yardımıyla önce tekerrür ortalamaları üzerinden  $D, H_1, H_2$  ve  $F$  olarak tanıtılmış olan genetik parametreler ve bunlar arasındaki bazı oranlar elde edilmiştir. Bunlar aşağıda tanıtılmıştır.

Ekleme varyans ( $D$ )

$$D = VOLO - E$$

Dominantlık varyansı ( $H_1$ )

$$H_1 = VOLO - 4 WOLOI + 4 VILI - (5N - 4/N) E$$

Gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ )

$$H_2 = 4V_{LI} - V_{OLI} - 4(n^2 - n + 1)/n E$$

Dominant ve resesif allellerin dağılışı yöntemi ( $F$ )

$$F = 2V_{LO} - 4W_{LOI} - (2 - 4/n)E$$

Dominantlık ( $h^2$ )

$$h^2 = 4(M_{LI} - M_{LO})^2 - 4(n-1) E / n^2$$

$(H_1/D)^{1/2}$  = ortalama dominantlık derecesi

$(H_2/4H_1) = (pq)$  dominant ve resesif allellerin frekansı. Bu değer 0,25 olduğunda dominant ve resesif allellerin 0,5 frekansında oldukları kabul edilir.

$[(4DH_1)^{1/2} + F] / [(4DH_1)^{1/2} - F] = (K_D/K_R)$  ebeveynlerdeki dominant genlerin sayısının resesif genlerin sayısına oranı.

K değeri =  $h^2 / H_2$  özelliği yöneten etkili gen sayısı

$$H = 0,25 D / 0,25 (D + H_1 - F) + E$$

Crumpacker ve Allard (1962) tarafından önerilmiş olan kalıtım derecesi

$$H_{da} = 0,5D + 0,5 H_1 - 0,25 H_2 - 0,5F / 0,5D + 0,5 H_1 - 0,25 H_2 - 0,5F + E$$

### (Wr,Vr) Grafiđi

Diallel tablolarda diziler üzerindeki kombinasyon deđerleriyle kombinasyona giren ve tekrarlanmayan ebeveyn deđerleri arasındaki kovaryans  $W_r$  ile gösterilmiřtir. Dizilerin varyansları ise  $V_r$  ile gösterilmiřtir.  $W_r$  deđerlerini bađımlı deđiřken ve  $V_r$  deđerlerini bađımsız deđiřken olarak ele aldığımızda çizilecek olan  $(W_r, V_r)$  grafiđi

a) Regresyon hattına

b)  $W_r, V_r$  noktalarının durumlarına bakılarak deđerlendirilmiřtir. Regresyon hattının Y eksenini kesme durumuna göre populasyondaki dominantlık durumu hakkında yorum yapılabilir. Regresyon hattı y eksenini orijinde keserse dominantlık derecesi 1'dir. Bu durum;  $h = 1$  olarak ifade edilmiřtir. Bir bařka deyiřle regresyon hattı, y eksenini orijinden yukarıda keserse bu kesim noktası

$A = 1/4 (D - H_1)$ ' dir.

Böyle durumlarda dominantlığın kısmi düzeyde olduđu kabul edilmiřtir. Regresyon eđrisi y eksenini orijinden ařađı kısımda keserse üstün dominantlık olduđu kabul edilmiřtir. Ebeveynlere ait  $(W_r, V_r)$  noktaları parabol üzerinde toplanmıř ise yani bir regresyon hattı yok ise populasyonda eklemeli gen etkisinin hakim olduđu kabul edilmiřtir.

Grafik üzerinde ebeveynlere ait  $(W_r, V_r)$  noktalarının durumları da populasyonu meydana getiren ebeveynler hakkında karar vermede ařađıdaki řekilde kullanılır. Orijine yakın yerde bulunan ebeveynlerin dominant genleri tařıdıkları ve orijinden uzakta yer alan ebeveynlerin

resesif genleri taşıdıkları varsayılmıştır. Ebeveynlere ait ( $W_r, V_r$ ) noktalarının regresyon hattının üzerinde yer almaları beklendiği halde regresyon hattından uzakta yer almaları epistatik etkinin var olduğu anlamında yorumlanmıştır ( Yıldırım ve Şengonca, 1978).

### 3.4. İstatistik Değerlendirmeler

İncelenen özelliklerin Jinks-Hayman tipi diallel analizi bilgisayar için hazırlanmış paket program kullanılarak gerçekleştirilmiştir ( Özcan, 1999 ).



## 4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

Bu çalışma sekiz adet ekmeklik buğday genotipi ve bunların  $F_1$  melezlerinin meydana getirdiği populasyonun genetik yapısını araştırmak; uygun ebeveyn ve üzerinde çalışmaya değer melez seçmek amaçlarıyla yapıldığı için öncelikle genetik varyansların varlığı ve varsayım testleri yapılacaktır. Daha sonra söz konusu özellikler için ayrı ayrı genetik varyanslar, parametre tahminleri bulunduktan sonra oranlar ( $W_r, V_r$ ) grafiklerinden de yararlanılarak populasyonun genetik yapısı irdelenecektir.

### 4.1. Ön Varyans Analizi

Sekiz buğday genotipine ait tarımsal ve kalite özelliklerinin varyans analiz sonuçları Çizelge 4.1.'de özetlenmiştir. Bu çizelgede her özelliğe ait varyans ve F değerleri verilmiştir. Çizelge 4.1 de bin dane ağırlığı dışındaki diğer özellikler için ebeveyn ve mezlere ait varyansın istatistiksel olarak önemli F değerlerine sahip oldukları görülmektedir. Bu da bize incelenen özelliklerin hemen hemen tümü için Jinks- Hayman tipi diallel analizin uygulanabileceği düzeyde varyasyon olduğunu göstermektedir. Hayman'a (1954) göre önemsiz genetik varyasyon taşıyan bin dane ağırlığı için de diallel analiz yapılacaktır.

**Çizelge 4.1. İncelenen Özelliklere Ait Varyans Analizinde Genotiplere İlişkin Kareler Ortalaması**

Özellik	Kareler Ortalaması	F değeri
Bitki boyu	52.379	4,455**
Başak boyu	4.722	11,128**
Bayrak yaprak eni	0.091	4,700**
Bayrak yaprak boyu	25.468	4,847**
Kardeş sayısı	13.304	2,875**
Tek bitki dane verimi	69.504	2,738**
Bin dane ağırlığı	30.386	1,502 ns

\*\* % 1 düzeyinde önemli;\* % 5 düzeyinde önemli; ns: önemsiz

#### 4.2. Varsayım Testleri

İncelenen özellikler için diallel analiz uygulamasında gerekli olan varsayım testleri

- ( $W_r$ ,  $V_r$ ) değerlerinin varyans analizi
- ( $W_r$ ,  $V_r$ ) değerlerinin joint- regresyon analizi ve
- Her blok için ayrı regresyon değerleri elde edilerek yapılmıştır. Bunların sonuçları Ek Çizelge 2,3 ve 4'te verilmiştir.

Diallel melezlerin genetik analizlerinde önceden kabul edilen kimi varsayımların modele uygunluğunun testine ilişkin bulgular Ek Çizelge 2 ve Ek Çizelge 4 'de verilmiştir.

Varsayımların geçerli olabilmesi için ebeveynlere ilişkin ( $W_r, V_r$ ) farklarının önemsiz ve  $W_r$  (kovaryans) ile  $V_r$  (varyans) değerleri arasındaki regfesyon katsayılarının ( $b_{w_r, v_r}$ ) da istatistiksel olarak sıfırdan farklı ( $b=0$ ) fakat 1 değerinde farksız ( $b=1$ ) olmaları gerekmektedir. Buna göre iki yöntemle elde edilen bulgular birlikte dikkate alındığında ( Ek Çizelge 2 ve Ek Çizelge 4) , bayrak yaprak uzunluğu dışında kalan özellikler için varsayımların geçerli olduğu sonucuna varılmıştır. Kardeş sayısı özelliği için ise bu varsayımlardan birisi için  $b_{w_r, v_r}$  değerinin 1'den farklı olması bu varsayımın birisinin bu özellik için geçersiz sayılabileceği sonucunu ortaya çıkarmıştır. Verhalen ve Murray (1967) on pamuk genotipi arasındaki diallel melezleri değerlendirdikleri çalışmalarında, benzer şekilde kimi özellikler için varsayım testlerinin farklı sonuçlar vermesini varsayımların geçerliliğinde kısmi bir başarısızlık olarak yorumlamıştır. Bu durumda aynı olgunun bayrak yaprağı boyu içinde söz konusu olabileceği söylenebilir. Bununla birlikte Hayman (1954), varsayımların geçersiz olduğu özellikler içinde popülasyona ilişkin parametre tahminlerinin yapıp tartışılabileceğini bildirmiştir.

### 4.3. İncelenen Özellikler İçin Populasyonun Genetik Yapısı

#### 4.3.1. Bitki Boyu

Bitki boyu için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.2. de gösterilmiştir.

**Çizelge 4.2.** Bitki Boyu için Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler, Standart Hataları , Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri

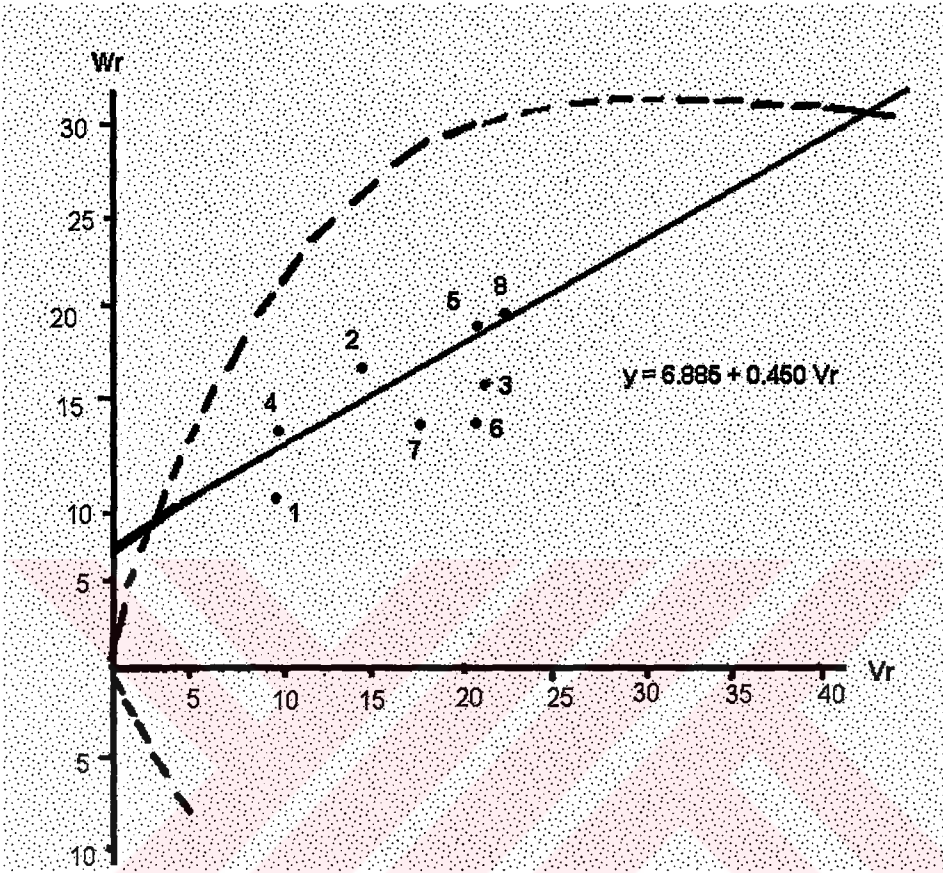
Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	36,098** ± 8,000
F (Gen dağılışı)	13,806** ± 18,903
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	40,686*±18,391
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	49,872**± 16,000
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	30,165**±10,730
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	-4,517±15,988
E (Çevre varyansı)	4,492±2,667
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	1,062
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,306
KD/KR(Dominant genlerin resesif genlere oranı)	1,439
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	0,605
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,446
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,593
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ),Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,901**



Bitki boyu için eklemeli varyans komponenti (D) 36,098; düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 49,872 ve özellikleri belirleyen genler bakımından heterozigot lokuslardaki ortalama dominant etkisini, dolayısıyla heterosisin büyüklüğünü tahminleyen dominantlık düzeyi ( $h^2$ ) 30,165 % 1 güven seviyesinde, dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 40,686 ise % 5 seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur. Eklemeli varyans dominantlık varyans farkı ( $D-H_1$ ) - 4,517 ise önemsiz bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 1,062$  dir. Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,306$  olarak bulunmuştur.  $KD/KR$  oranının 1,439 ve pozitif olması ebeveynlerde dominant genlerin çoğunlukta olduğunu ifade eder. Bu durum pozitif ve önemli, F değeri ile de uyum içindedir.

Özelliğe etki eden K katsayısı ise 0,605 olarak tespit edilmiştir. Buda bize bitki boyu karakteri en az 1 gen çifti tarafından idare edildiğini göstermektedir. Kalıtım derecesi dar anlamda 0,446; geniş anlamda 0,593' tür. Dar anlamdaki kalıtım derecesi eklemeli gen varyansını yansıtmaktadır. Yapılacak negatif seleksiyon ile kısa boylu hatların yakalanma olasılığı mevcuttur.

Üzerinde çalışılan populasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının  $r = -0.901$  negatif ve çok önemli bulunması, bitki boyu bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.



Şekil 4.1. Bitki boyu için (Wr, Vr) grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8)]

Bitki boyu bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.1' de gösterilmiştir. Şekil 4.1. deki grafikten inceleneceği gibi Cumhuriyet (1) ve Marmara (4) orijine daha yakın olup dominant genleri ; Kaşifbey (2) , Ziyabey (3) , Basribey (5) , Malabadi (6), Yüreğir (7) , Seri-82 (8) ise orijinden daha uzakta olup resesif genleri taşımaktadır. Regresyon hattının y eksenini kesim noktası orijin noktasının üstündedir ve bu da kısmi dominantlığı göstermektedir.

Nitekim bu durum dominantlık derecesinin  $(H_1/D)^{1/2}$  1' e çok yakın bir deęer olması nedeniyle tam dominantlığa çok yakın bir deęer olduęu Çizelge 4.2 de görölmektedir.

Yıldırım (1974), beş ekmeklik buęday çeşidinin diallel melez döllerinde bazı tarımsal ve kalite karakterlerinin populasyon analizleri ile ilgili yapmış olduęu çalışmada bitki boyu için eklemeli varyansın önemli olduęunu vurgulamıştır.

Balcı ve Turgut (2002), bazı ekmeklik buęday hat ve çeşitlerinin uyum yetenekleri üzerinde yaptıkları çalışmada Genel Kombinasyon Yeteneęi varyansının Özel Kombinasyon Yeteneęi varyansından yüksek olduęunu, bu özellikler yönünden eklemeli gen etkisinin hakim olduęunu göstermişlerdir.

Nazeer ve ark. (2004), Pakistan'da ekmeklik buędaylarda diallel melezleme arařtırmaları neticesinde bitki boyu için üstün dominantlığın hakim olduęunu tespit etmişlerdir. Bitki boyu için üstün dominantlık aynı şekilde Mishra ve ark.(1996), Sabour ve ark.(1996) tarafından tespit edilirken, Iqbal ve ark.(1991), Patil ve ark.(1995) ve Dhonde ve ark.(2000), bu özellik için kısmi dominantlık deęerinin hakim olduęunu bildirmişlerdir. Deęişik arařtırmacıların farklı sonuca varmalarının sebebi olarak kullanılan genetik materyal ve yetiştirme koşullarının etkili olduęu belirtilmektedir.

### 4.3.2. Başak Boyu

Başak boyu için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.3' te gösterilmiştir.

**Çizelge 4.3. Başak Boyu İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri**

Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	1,023 **± 0,357
F (Gen dağılışı)	0,271 ± 0,845
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	4,362 **± 0,822
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	4,603** ± 0,715
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	15,774** ± 0,479
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	-3,339**± 0,705
E (Çevre varyansı)	0,173 ± 0,119
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	2,065
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,264
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	1,137
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	3,427
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,176
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,596
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,889**

Başak boyu için eklemeli varyans komponenti (D) 1,023; düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 4,603 ve dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 4,362, dominantlık düzeyi ( $h^2$ ) 15,774 ve eklemeli varyans dominantlık varyansı farkı (D-H) -3,339 % 1 seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur.

Dominant ve resesif allellerin dağılışı yönünü gösteren F'nin pozitif olması anaçlarda dominant allellerin çoğunlukta olduğunu gösterir. KD/KR oranının 1,137 ve pozitif olması bunu desteklemektedir.

Dominant gen etkisinin daha önemli olması ortalama dominantlık derecesinin  $[(H_1/D)^{1/2} = 2,065]$  1'den büyük değerde olmasından anlaşılmaktadır. Bu değer 1'den büyük olması başak boyu için üstün dominantlığın geçerli olduğunu belirtmektedir. Grafik analizinde regresyon eğrisinin y eksenini orjinin altında kesmesi de bunu doğrulamaktadır.

Etkili gen çifti sayısını belirleyen K katsayısı 3,427 olup en az üç gen çiftinin kalıtımında etkili olacağını ifade etmektedir.

F değerinin pozitif olması dominant genlerin daha fazla olduğu şeklinde yorumlanabilir.

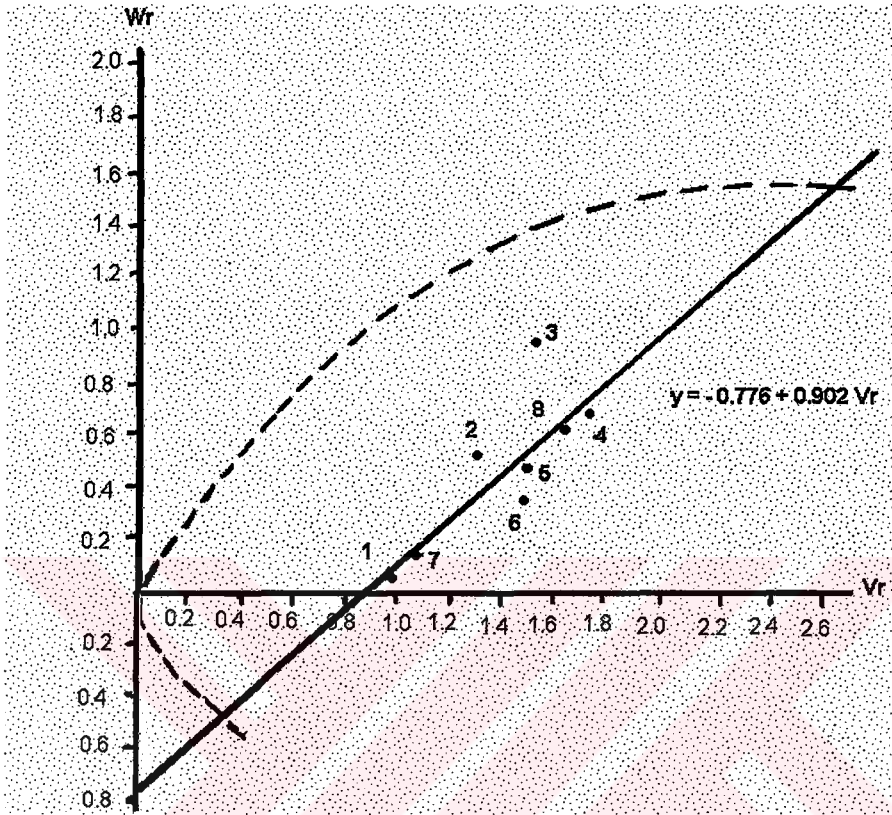
Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,264$  olarak bulunmuştur. Kalıtım derecesi geniş anlamda 0,596; dar anlamda 0,176 ' tır. Üzerinde çalışılan popülasyonda

dominantlığın yönünü belirleyen  $r = -0.889$  negatif ve çok önemli bulunması, incelenen özellik bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.

Al-Sheal ve Gamil (1980), buğdayda erkencilik, bitki boyu ve başak karakterleri için gen faaliyetlerini araştırmış oldukları diallel buğday melez çalışmasında başak uzunluğunun kalıtımında dominantlık etkilerinin yanında eklemeli gen etkilerinin de etkili olduğu sonucuna varmışlardır.

Prabhu ve Sharma (1984), Dasgupta ve Mondal, (1988), Virk ve ark. (1989), Patiel ve ark.(1995), yapmış oldukları çalışmalarda eklemeli gen etkilerinin başak uzunluğunun kalıtımında etkili olduğu sonucuna varmışlardır.

Sharma ve ark. (2003), makarnalık buğdaylarda başak uzunluğunu incelediği melez populasyonlar da eklemeli gen etkilerinin dominantlık gen etkilerine göre daha fazla oranda etkili olduğunu ifade etmektedir.



Şekil 4.2. Başak boyu için  $(W_r, V_r)$  grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8)]

Başak boyu bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.2' de gösterilmiştir. Şekil 4.2'deki grafikten inceleneceği gibi Cumhuriyet (1), Yüreğir (7), orijine daha yakın olup dominant genleri; Malabadi (6), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Seri-82 (8) ise orijinden daha uzakta olup resesif genleri taşımaktadır. Regresyon hattı y eksenini negatif tarafta keser ki bu da bize üstün dominantlığın olduğunu göstermektedir.

### 4.3.3. Bayrak Yaprağı Boyu

Bayrak yaprağı boyu için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.4' te gösterilmiştir

**Çizelge 4.4. Bayrak Yaprağı Boyu İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri**

Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	3,291 ± 6,970
F (Gen dağılışı)	-0,072 ± 16,469
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	31,353 ± 16,022
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	29,899* ± 13,939
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	79,698** ± 9,348
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	2,398 ± 2,323
E (Çevre varyansı)	-28,062 ± 13,748
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	3,086
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,238
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	0,993
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	2,666
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,501
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,074
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,751*

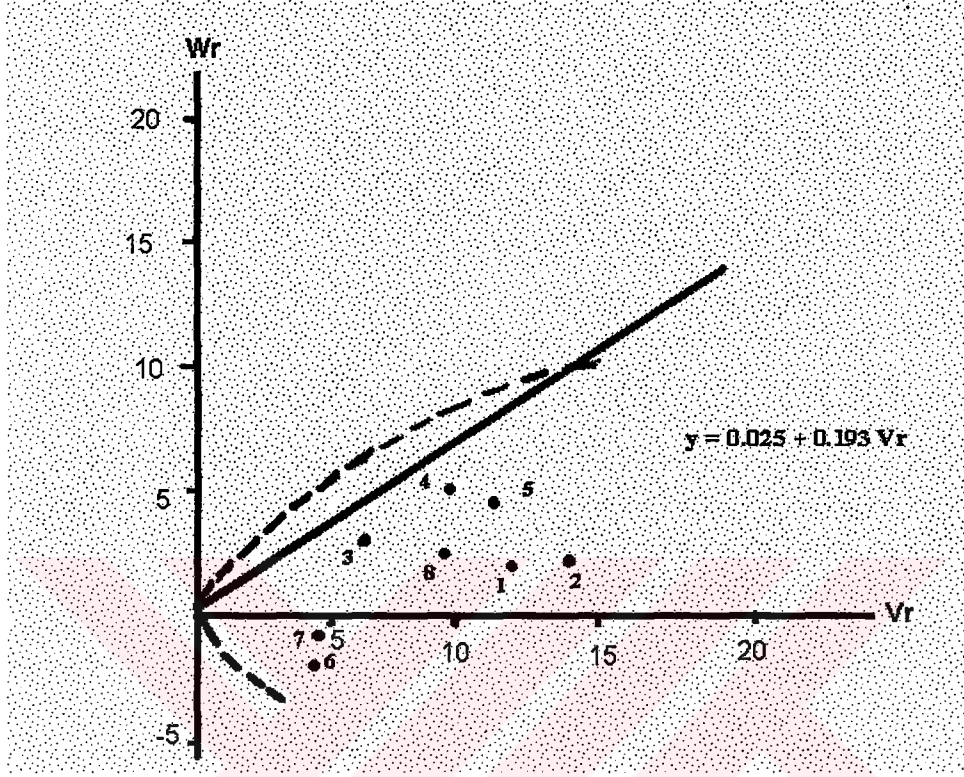


Bayrak yaprağı boyu için eklemeli varyans komponenti (D) 3,291, dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 31,353 ve eklemeli varyans dominantlık varyansı farkı önemsiz bulunurken, düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 29,899 % 5, dominantlık düzeyi ( $h^2$ ) 29,899 ise % 1 güven seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur.

Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 3,086$  olup 1'den büyüktür. Bu durumda popülasyonda üstün dominantlık olduğu yargısına varılabilir. Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,238$  olarak bulunmuştur. KD/KR oranı 0,993 pozitif olup F değerine uygun olarak bu özelliğe dominant ve resesif genlerin oranlarının birbirlerine çok yakın oldukları sonucu çıkmaktadır.

K katsayısı ise 2,666 olarak tespit edilmiştir. Buda bize bayrak yaprağına etki adet gen çifti sayısının en az 2 adet olduğunu belirtmektedir.. Kalıtım derecesi geniş anlamda 0,501; dar anlamda 0,074' tür.

Üzerinde çalışılan popülasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının  $r = -0.751$  negatif ve önemli bulunması, incelenen özellik bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.



Şekil 4.3. Bayrak yaprağı boyu için (Wr, Vr) grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8)]

Bayrak yaprağı boyu bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.3' de gösterilmiştir. Şekil 4.3. deki grafikten inceleneceği gibi Yüreğir ( 7 ) , Malabadi (6), Ziyabey (3) orijine daha yakın olup dominant genleri ; Cumhuriyet (1) , Kaşifbey (2), Marmara (4), Basribey (5), Seri-82 (8) orijinden uzak olup resesif genleri taşımaktadır.

Regresyon hattının y eksenini kesim noktası orijin noktasının üzerindedir ve bu da kısmi dominantlığı göstermektedir.

#### 4.3.4. Bayrak Yaprığı Eni

Bayrak yaprağı eni için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.5’de gösterilmiştir.

**Çizelge 4.5. Bayrak Yaprığı Eni İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri**

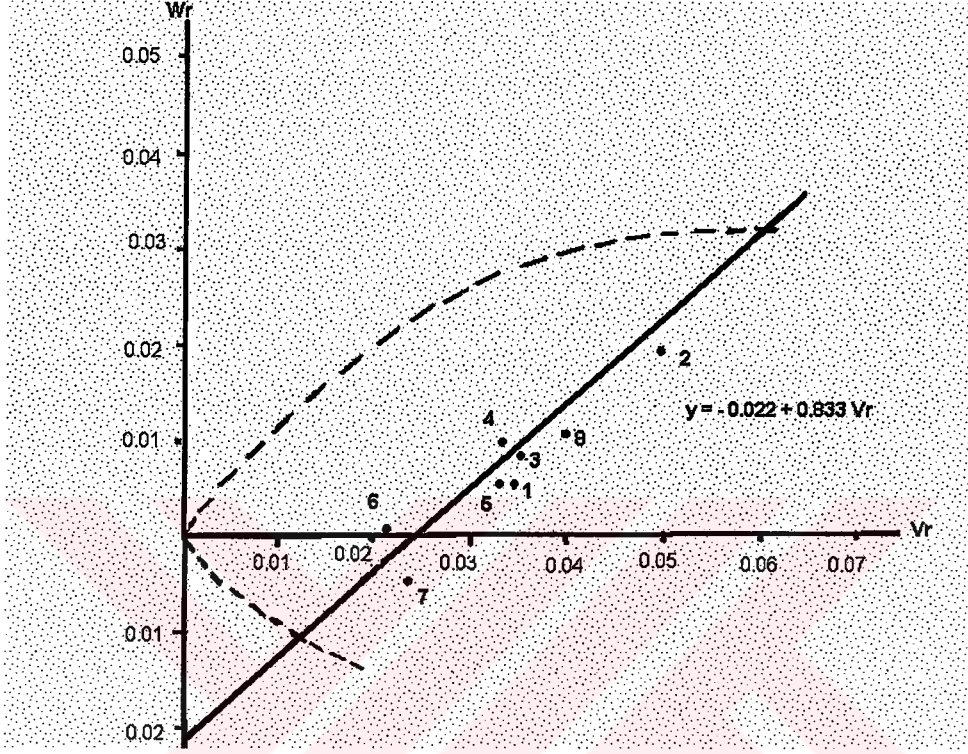
Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	0,010** $\pm$ 0,007
F (Gen dağılışı)	-0,003 $\pm$ 0,016
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	0,104** $\pm$ 0,015
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	0,099** $\pm$ 0,013
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	0,349** $\pm$ 0,009
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	0,010** $\pm$ 0,002
E (Çevre varyansı)	-0,094** $\pm$ 0,013
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	3,169
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,238
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	0,925
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	3,517
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,066
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,480
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,766*

Bayrak yaprağı eni için eklemeli varyans komponenti (D) 0,010; düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 0,099 ve dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 0,104; eklemeli varyans dominantlık varyansı farkı (D- $H_1$ ) -0,094 ve dominantlık düzeyi ( $h^2$ ) 0,349 % 1 seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 3,169$  olup 1 den büyüktür. Bu değer bize populasyonda bayrak yaprağı eni için üstün dominantlığın geçerli olduğunu belirtmektedir.

Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı (pq)  $H_2/(4 H_1) = 0,238$  olarak bulunmuştur. K katsayısı ise 3,169 olarak tespit edilmiştir. Buda bize bitki boyu için dominantlık etkisi taşıyan en az 3 gen çiftinin bulunduğunu göstermektedir.

Dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü gösteren F 'nin negatif olması anaçlarda resesif allellerin çoğunlukta olduğunu gösterir. KD/KR oranının 0,925 yani 1'den az olması bu yargıyı desteklemektedir. Kalıtım derecesi dar anlamda 0,066; geniş anlamda 0,480' tür.

Populasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının  $r = -0.766$  negatif ve önemli bulunması, incelenen özellik bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.



Şekil 4.4. Bayrak yaprağı eni için  $(W_r, V_r)$  grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8)]

Bayrak yaprağı eni bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.4' de gösterilmiştir. Şekil 4.4. deki grafikten inceleneceği gibi Cumhuriyet (1) Basribey (5), Malabadi (6) Yüreğir (7) orijine daha yakın olup dominant genleri ; Kaşifbey (2) Ziyabey (3) , Marmara (4), Seri-82 (8) ise orijinden daha uzakta olup resesif genleri taşımaktadır. Diğer tarafından regresyon hattının y eksenini kesim noktası orijin noktasının altındadır. Bu da üstün dominantlığı göstermektedir.

### 4.3.5. Kardeş Sayısı

Kardeş Sayısı için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.6. de gösterilmiştir.

**Çizelge 4.6.** Kardeş Sayısı İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri

Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	0,186 ± 4,963
F (Gen dağılışı)	0,666 ± 11,717
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	24,402*±11,410
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	20,513*± 9,926
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	34,931**± 6,657
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	1,873± 1,654
E (Çevre varyansı)	-24,215* ± 9,790
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	11,452
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,210
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	1,370
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	1,703
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,476
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,006
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,735*

Kardeş sayısı için eklemeli varyans komponenti (D) 0,186 istatistiki olarak önemsiz olup, dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 20,513, dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 24,402 ve eklemeli varyans dominantlık varyansı farkı ( $D - H_1$ ) -24,215 % 5 seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 11,452$  olup 1 den büyüktür. Bu değer bize populyasyonda bayrak yaprağı eni için üstün dominantlığın geçerli olduğunu belirtmektedir. Nitekim grafik 4.5'de görüldüğü gibi y eksenini orijinin altından kesim gerçekleşmiştir.

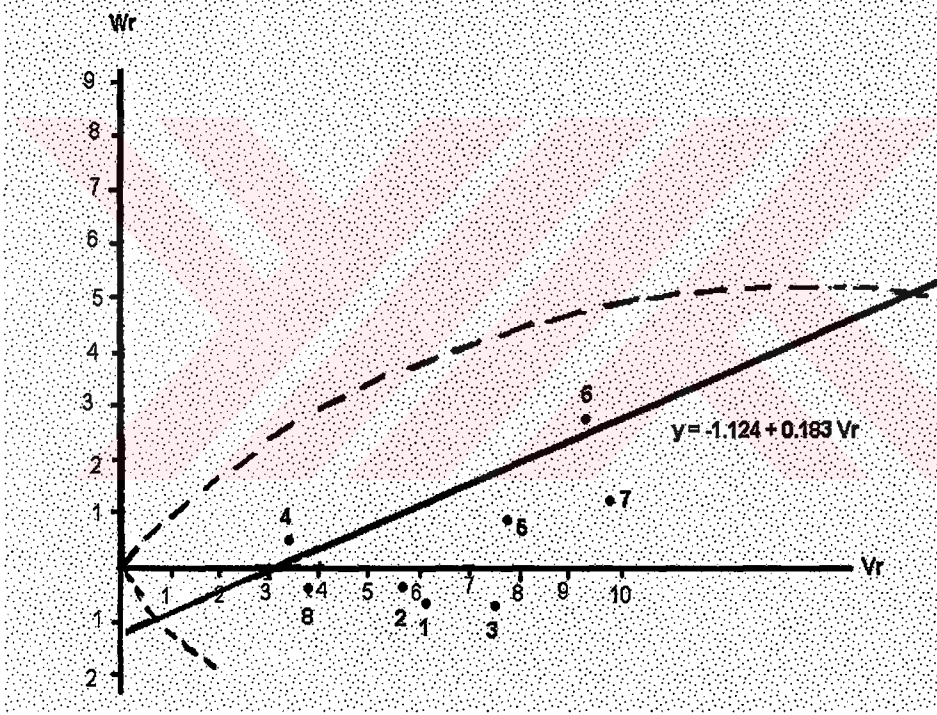
Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,210$  olarak çıkması populyasyonda resesif ve dominant allellerin frekanslarının eşit olmadığını açıklamaktadır. K katsayısı ise 1,703 olarak tespit edilmiştir. Buda bize bitki boyu için dominantlık etkisi taşıyan en az 2 çiftinin gen bulunduğunu göstermektedir.

Dominant ve resesif allellerin dağılış yönünü gösteren F 'nin pozitif olması anaçlarda dominant allellerin çoğunlukta olduğunu gösterir. KD/KR oranının 1'den büyük olması bu özelliği idare eden genlerin çoğunlukla dominant genler olduğu yada ebeveynlerde daha fazla dominant gen bulunduğunu ifade eder. Kalıtım derecesi dar anlamda 0,066; geniş anlamda 0,476' dır.

Populyasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısının  $r = -0.735$  negatif ve önemli bulunması kardeş sayısı bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.

Mishra ve ark. (1995), Mishra ve ark. (1996) ve Sabour ve ark. (1996), yaptıkları çalışmalarda bitkide kardeş sayısı bakımından üstün dominantlığın hakim olduğunu bildirmişlerdir.

Nazeer ve ark. (2004), ekmeklik buğdaylarda yaptıkları diallel melezlemelerde üstün dominantlığın var olduğunu, Shahkar-97 çeşidinin dominant genler bakımından en üst düzeyde olduğunu tespit etmişlerdir. Araştırma bulguları literatür bilgileriyle paralellik göstermektedir.



Şekil 4.5. Kardeş Sayısı için (Wr,Vr) grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8)]



Kardeş sayısı bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.5' de gösterilmiştir. Şekil 4.5. deki grafikten inceleneceği gibi Cumhuriyet (1) Kaşifbey (2) Marmara (4) Seri-82 (8) orijine daha yakın olup dominant genleri ; Ziyabey (3), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7) ise orijinden daha uzakta olup resesif genleri taşımaktadır. Diğer tarafından regresyon hattının y eksenini kesim noktası orijin noktasının altındadır. Bu da üstün dominantlığı göstermektedir.



### 4.3.6. Tek Bitki Dane Verimi

Tek bitki dane verimi için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.7. de gösterilmiştir.

**Çizelge 4.7. Tek Bitki Dane Verimi İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri**

Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	2,501 ± 20,760
F (Gen dağılışı)	-2,133 ± 49,053
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	140,959**± 47,723
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	122,537**± 41,519
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	136,009**±27,844
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	14,164±6,920
E (Çevre varyansı)	-138,459**±40,948
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	7,508
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,217
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	0,892
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	1,110
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,012
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,449
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	0,223

Tek bitki dane verimi için eklemeli varyans komponenti (D) 2,501 önemsiz bulunurken, düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 122,537 ve dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 140,959 ve eklemeli varyans dominantlık varyans farkı ( $D-H_1$ ) -138,459 % 1 önem seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 7,508$  dir. Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,217$  olarak bulunmuştur.  $KD/KR$  oranı 1 den küçük olup negatif F değerine uygun olarak bu özellikte resesif genlerin daha fazla olabileceğini göstermektedir. K katsayısı ise 1,110 olarak tespit edilmiştir. Kalıtım derecesi dar anlamda 0,012; geniş anlamda 0,449 'dur.

Kuramsal dominantlık katsayısı  $r = 0,223$  pozitif fakat önemsiz bulunmuştur. Bu durum dominantlığın yönünün ebeveynlere göre değişebildiğini göstermektedir.

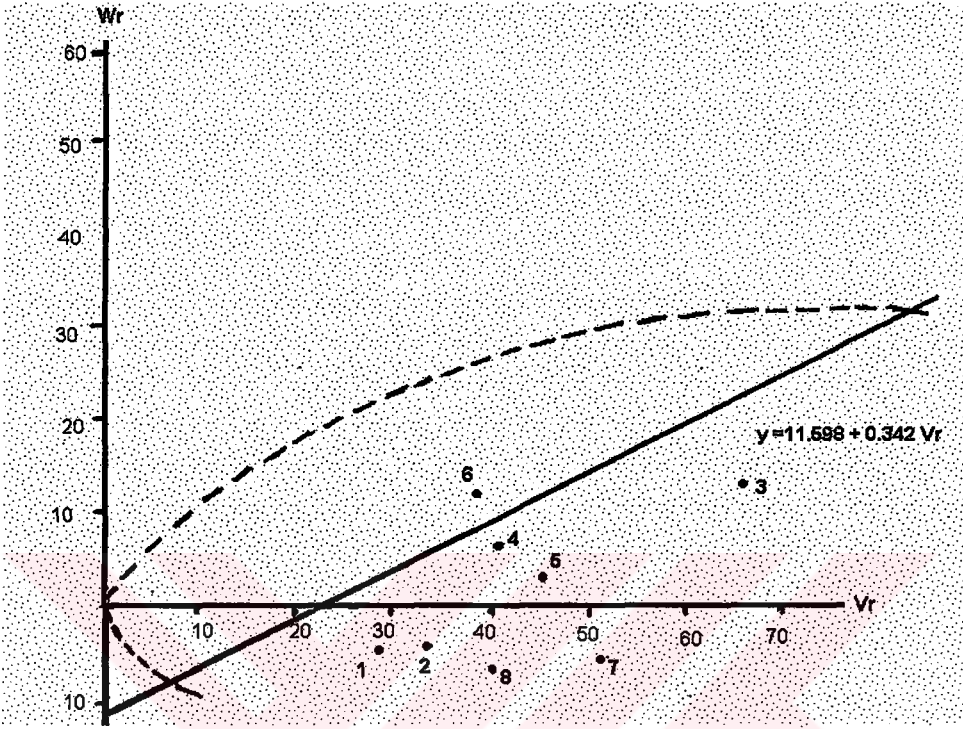
Tek bitki dane verimi için analizi yapılan 8 ebeveynli buğday populasyonunda dominantlık varyansını gösteren  $H_1$  ,  $H_2$  ye oranla daha büyüktür.  $H_1$  'in büyük olması ebeveynlerdeki pozitif ve negatif allellerin eşit oranda olmadığını göstermektedir (Hayman ,1954; Mather ve Jinks ,1971).

$KD/KR$  değeri 1 den küçük olduğu için populasyonda resesif genler çoğunluktadır. F değerinin negatif olması da ebeveynlerde resesif genlerin daha çok olması anlamına gelmektedir.

Diğer yandan dominant yönde etki eden faktörlerin sayısı  $K$  değeri ile saptanmıştır (Mather ve Jinks ,1971).  $K$  kalıtsallığın kantitatif genetik yöntemleri ile bulunabilen ve dominant etkide bulunan en küçük parçasıdır. Bunun tam olarak bulunması için genlerin dominantlık etkilerinin değer ve yön bakımından eşit olması ve gen dağılışının bağımsız olması şarttır ( Jinks, 1954).

Dominantlık ise  $F_1$  ortalaması ile tüm ebeveynlerin ortalamaları arasındaki farktır. Bu ise heterosisin varlığı önemli düzeydeki  $h^2$  değeri ile kanıtlanmıştır. Burada tek bitki verimi bakımından dominantlığın yönü pozitifdir ve heterosis bulunacağını ifade etmektedir.

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,01 olup, eklemeli gen varyansına dayanmaktadır. Gerçekte bir popülasyonda seleksiyon uygulandığında mevcut eklemeli gen varyansından faydalanılır. Dominantlık varyansı seleksiyonla popülasyonda tutulmadığı için seleksiyon çalışmalarında kalıtım derecesinin yüksek olması çevre varyansının düşük olmasıyla açıklanabilir.



Şekil 4.6. Tek bitki dane verimi için (Wr,Vr) grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7),Seri-82 (8)]

Tek bitki dane verimi bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.6' da gösterilmiştir. Şekil 4.6. daki grafikten inceleneceği gibi Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), orijine daha yakın olup dominant genleri; Marmara (4), Ziyabey (3), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7), Seri-82 (8) ise orijinden daha uzakta olup resesif genleri taşımaktadır. Regresyon hattının y eksen kesim noktası orijin noktasının altındadır ve buda üstün dominantlığı göstermektedir.

#### 4.3.7. Bin Dane Ağırlığı

Bin dane ağırlığı için saptanmış genetik parametreler ve bunlar arasındaki oranlar Çizelge 4.8' de gösterilmiştir.

**Çizelge 4.8. Bin Dane Ağırlığı İçin Tahmin Edilmiş Genetik Parametreler ve Bunlar Arasındaki Oranlar ve Kalıtım Dereceleri**

Genetik Parametre	
D (Eklemeli varyans)	17,183** ± 4,889
F (Gen dağılışı)	9,537 ± 11,552
H <sub>1</sub> (Dominantlık varyansı)	40,552**±11,239
H <sub>2</sub> (Düzeltilmiş dominantlık varyansı)	39,246**± 9,778
h <sup>2</sup> (Dominantlık düzeyi)	30,749**±6,558
D-H <sub>1</sub> (Eklemeli varyans-Dominantlık varyansı)	4,198*±1,630
E (Çevre varyansı)	-23,369* ± 9,643
(H <sub>1</sub> /D) <sup>0.5</sup> (Ortalama dominantlık derecesi)	1,536
H <sub>2</sub> /(4H <sub>1</sub> ) (Dominant ve resesif allelerin frekansları çarpımı)	0,242
KD/KR (Dominant genlerin resesif genlere oranı)	1,441
K= h <sup>2</sup> / H <sub>2</sub> (Gen sayısı)	0,783
H Kalıtım Derecesi (Dar anlamda)	0,264
H Kalıtım derecesi (Geniş anlamda)	0,516
r (W <sub>r</sub> +V <sub>r</sub> ), Y <sub>r</sub> (Kuramsal dominantlık katsayısı)	-0,288

Bin dane ağırlığı için eklemeli varyans komponenti (D) 17,183, düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) 39,246 , dominantlık varyansı ( $H_1$ ) 40,552 ve dominantlık düzeyi ( $h^2$ ) % 1 seviyesinde, eklemeli varyans dominantlık varyans farkı ( $D-H_1$ ) -23,369 % 5 seviyesinde sıfırdan farklı bulunmuştur. Ortalama dominantlık derecesi  $(H_1/D)^{1/2} = 1,536$  dir. Dominant ve resesif allellerin frekansları çarpımı ( $pq$ )  $H_2 / (4 H_1) = 0,242$  olarak bulunmuştur.  $KD/KR$  oranı 1,441 pozitif olup F değerine uygun olarak bu özellikte dominant genlerin daha çok olabileceğini göstermektedir. K katsayısının 0,783 olarak tespit edilmiş olması bin dane ağırlığı için dominantlık etkisi taşıyan en az 1 gen çiftinin bulunduğunu göstermektedir. Kalıtım derecesi dar anlamda 0,264; geniş anlamda 0,516 'dir.

Kuramsal dominantlık katsayısı  $r = -0,228$  negatif ve önemsiz bulunmuştur.

$H_1$  ve  $H_2$  arasında çok büyük bir farklılık bulunmamaktadır.  $H_2 / (4H_1)$  0.242 gibi 0.25' e çok yakın bir değer aldığı için popülasyonda pozitif ve negatif etkili allellerin hemen hemen eşit oranda bulunduğu söylenebilir.

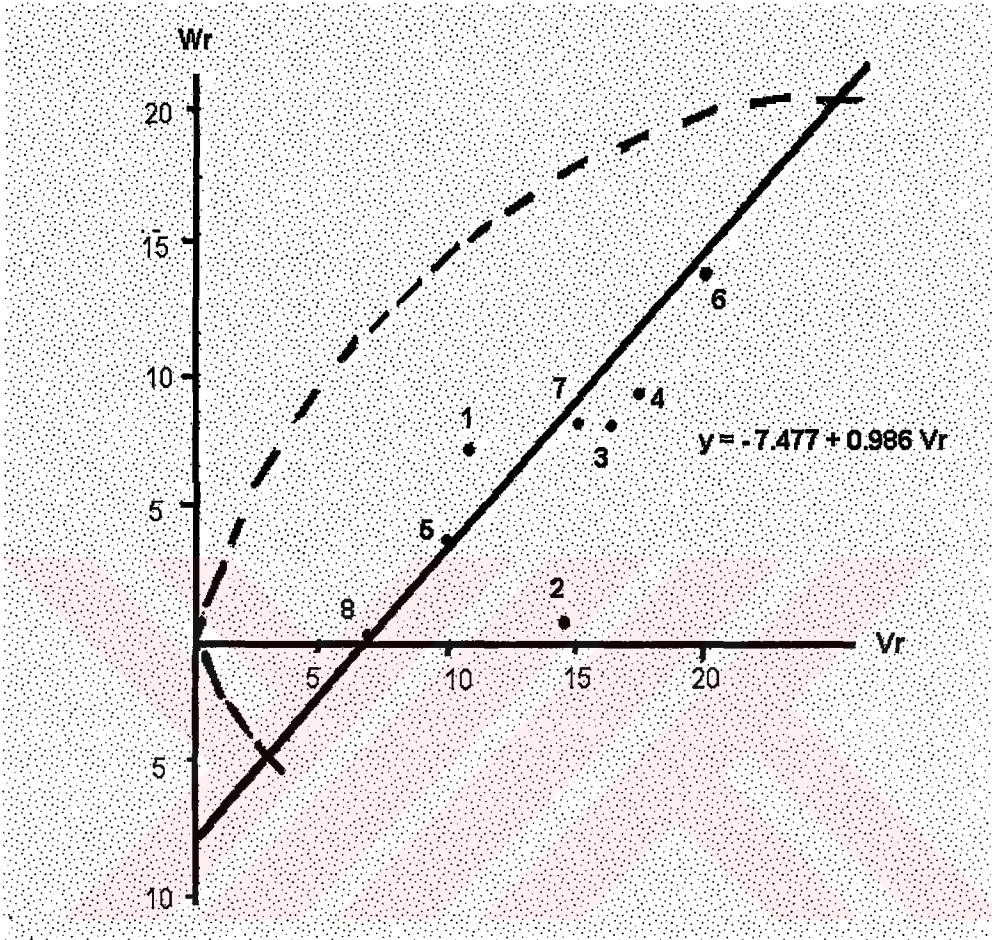
$KD/KR$  değeri 1 den büyük olduğu için popülasyonda dominant genler çoğunluktadır. F değerinin pozitif olması da ebeveynlerde genlerin daha çok dominant yönde etkili olması anlamına gelmektedir.

Öte yandan dominant yönde etki eden faktörlerin sayısı K değeri ile saptanmıştır (Mather and Jinks ,1971). Kalıtsallığın kantitatif genetik yöntemler ile bulunabilen ve dominant etkide bulunan en küçük parçasıdır. Bunun tam olarak bulunması için genlerin dominantlık etkilerinin değer ve yön bakımından eşit olması ve gen dağılışının bağımsız olması şarttır ( Jinks, 1954).

Heterosisin varlığının önemliliği  $h^2$  değeri ile kanıtlanmıştır.

Dar anlamda kalıtım derecesi 0,264 olup, eklemeli gen varyansına dayanmaktadır. Gerçekte bir populasyonda seleksiyon uygulandığında mevcut eklemeli gen varyansından faydalanılır. Dominatlık varyansı seleksiyonla populasyonda tutulamadığı için seleksiyon çalışmalarında kalıtım derecesinin yüksek olması çevre varyansının düşük olmasıyla açıklanabilir.





Şekil 4. 7. Bin dane ağırlığı için (Wr,Vr) grafiği [ Cumhuriyet (1), Kaşifbey (2), Ziyabey (3), Marmara (4), Basribey (5), Malabadi (6), Yüreğir (7),Seri-82 (8)]

Bin dane ağırlığı bakımından ebeveynlerin taşıdıkları dominant ve resesif gen durumları Şekil 4.7' de gösterilmiştir. Şekil 4.7' deki grafikten inceleneceği gibi Seri-82 (8), Basribey (5), Kaşifbey (2), Cumhuriyet (1) orijine daha yakın olup dominant genleri; ( Ziyabey (3), Marmara (4), Malabadi (6), Yüreğir (7) ise orijinden daha uzakta olup

resesif genleri taşımaktadır. Bir diğer husus ise regresyon hattının y eksenini kesim noktası orijin noktasının altındadır ve bu da  $(H_1/D)^{0.05}$  parametresinin de ifade ettiği gibi üstün dominantlığı göstermektedir.

Topal ve ark. (2004), makarnalık buğdaylarda danenin bazı fiziksel özellikleri için en iyi ebeveynin belirlenmesi ile ilgili yaptığı diallel melezlemeler neticesinde bin dane ağırlığı özelliğinin eklemeli gen etkileri altında olduğunu tespit etmişlerdir.

İncelenen 8x8 diallel ekmeleklik buğday melez populasyonundaki tarımsal özelliklerine ait tahmin edilen eklemeli varyans, dominantlık varyansı, genlerin dağılım yönü, gen sayıları ve kalıtım dereceleri genelde düşük bulunmasına rağmen karşılaştırmalar literatür bildirişleri ile uyum halinde görülmektedir. Seçilen ebeveynlerin genetik yakınlık taşımaları ve kullanılan moleküler markörlerin farklılığı ortaya koyabilen DNA bandlarını açık olarak gösteremedikleri Dere ve ark. (2003) tarafından bildirilmiştir. Nitekim ebeveynlerin çoğu Meksika'dan gönderilen ileri melez populasyonlarından seçilmiş ve tescil ettirilmiştir. Genetik yakınlığa rağmen incelenen tarımsal özellikler bakımından farklılıklar olması genetik varyasyonu arttırarak bazı özellikler için seçim şansını tanıyabilecektir.

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Sekiz ebeveynli bir diallel melez buğday populasyonu, Jinks- Hayman analiz metoduna göre değerlendirilerek populasyonun genetik yapısı hakkında bilgiler ve bunlara dayalı sonuç ve öneriler aşağıda verilmiştir.

1. İncelenen 8x8 diallel melez buğday populasyonunda bin dane ağırlığı özelliği dışındaki bütün özelliklerde bitki ıslahında yararlanılacak düzeyde bir genetik varyasyon mevcuttur. Bu varyasyondan yararlanıp ümitli hatlar geliştirilebilir.

2. Araştırılan 7 özellik arasında bayrak yaprağı boyu ve eni, kardeş sayısı, tek bitki dane verimi, bin dane ağırlığı gibi özelliklerde dominantlık varyansı ( $H_1$ ) bitki boyu, başak boyu özelliklerinde ise düzeltilmiş dominantlık varyansı ( $H_2$ ) hakim durumdadır.

3. Eklemeli etkilere bağlı olarak populasyonda teksele seçim yapılarak döl kontrolü uygulanabilir. Bitki boyu, başak boyu, bayrak yaprağı eni ve bin dane ağırlığı özelliklerinde eklemeli varyans önemli düzeydedir.

5. Grafik değerlerine göre; bitki boyu, bayrak yaprağı boyu karakterleri için kısmi dominantlık; bayrak yaprağı eni, tek bitki dane verimi, başak boyu, kardeş sayısı, bin dane ağırlığı karakterleri için ise üstün dominantlık özelliklerinin mevcut olduğu ortaya konmuştur.

6. Araştırılan özelliklerden bin dane ağırlığı, bitki boyu, tek bitki verimi için K değerleri yani dominant etkinliğe sahip gen sayısı 1'den küçük bulunmuştur. Bu da bu özelliklerin ters yönde etkili genlere ya da dominant etkisi taşımayan gen gruplarına bağlı olabileceği şeklinde yorumlanabilir.

7. İncelenen özellikler arasında dar anlamda kalıtım derecesi 0,446 ile bitki boyundan en düşük ise 0.006 değeri ile kardeş sayısından elde edilmiştir. Dar anlamda kalıtım derecesi 0,25 ten küçük olan özellikler ( düşük kalıtım derecesi); başak boyu, kardeş sayısı, tek bitki verimi, bayrak yaprağı eni, bayrak yaprağı boyu, dar anlamda kalıtım derecesi 0,25-0,50 arasında değişim gösteren özellikler (orta düzeyde kalıtım derecesi); bin dane ağırlığı (0,264) ve bitki boyu (0,446) kalıtım derecesi 0,50 den büyük olan özellikler ise yüksek kalıtım derecesi sahiptir şeklinde gruplandırılmışlardır.

8. Araştırılan özellikler için dominant genleri taşımaları beklenen ebeveynler aşağıda gösterilmiştir.

**Bitki Boyu:** Cumhuriyet, Marmara

**Başak Boyu:** Cumhuriyet, Yüreğir,

**Bayrak Yaprak Boyu :** Malabadi, Yüreğir, Ziyabey

**Bayrak Yaprak Eni:** Cumhuriyet, Basribey, Malabadi, Yüreğir

**Kardeş Sayısı:** Cumhuriyet, Marmara, Seri-82, Kaşifbey

**Tek Bitki Dane Verimi :** Cumhuriyet, Kaşifbey,

**Bin Dane Ağırlığı :** Kaşifbey, Basribey, Seri-82 ,Cumhuriyet

9. Populasyonda dominantlığın yönünü belirleyen kuramsal dominantlık katsayısı ( $r$ ) değerinin bitki boyu, başak boyu özellikleri için % 1, bayrak yaprağı eni, bayrak yaprak boyu ve kardeş sayısı için % 5 seviyesinde negatif ve önemli bulunması bu özellikler bakımından yüksek değerlere sahip anaçların aynı zamanda dominant genleri taşıdığını ortaya koymaktadır.



## KAYNAKLAR DİZİNİ

**Al-Sheal, Y.A., K.H:Gamil., 1980.** Gene Action For Earlines, Plant Height and Spike Charecterisitcs in Wheat. Wheat Information Services No:53.  
<http://www.grs.nig.ac.jp/wheat/wis/no53/p16/1.html>

**Anonymous,2003.** FAO Production Year Book. Roma.  
<http://www.fao.org>

**Attari, H.E., A. Sarrafi., S. Garrigues., G. Dechamp- Guillaume., G. Barrault. , 1996.** Diallel Analysis of Partial Resistance to an Iranian Strain of Bacterial Leaf Streak (*Xanthomonas Campestris* P.v. *Cerealis* )İn Wheat. Plant Pathology 45: 1134-1138.

**Balcı, A., İ. Turgut.,2002.** Bazı Ekmeklik Buğday ( *Triticum Aestivum* Var. *Aestivum*) Hat ve Çeşitlerinde Uyum Yetenekleri Üzerinde Araştırmalar. Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi 16: 225-234.

**Crumpacker, D.W., R.W. Allard .,1962.** A Diallel Cross Analysis of Heading Date in Wheat. Hilgardia . 52.275

**Dasgupta, T., A.B. Mondal., 1988.** Diallel in Wheat. Indian J. Genet 48 (2): 167-170.

**Demir, İ., N. Açıkgöz., H. Püskülcü.,1975.** Bazı Makarnalık Buğday Melezlerinin Çeşitli Karakterlerinde Hibrit Gücü Üzerinde Bir Araştırma. E.Ü.Z.F. Dergisi 12 (2): 69-79

**Dere, Ş., M. Erayman., M. B. Yıldırım., 2003.** Ege Bölgesinde Yaygın Olarak Yetiştirilen Ekmeklik Buğdayların Simple Sequence Repeats (SSR) Markörleri Yoluyla İncelenmesi. Türkiye 5. Tarla Bitkileri Kongresi. 13-17 Ekim 2003. Diyarbakır.

**Dhonde, S.R., N.S. Kute, D.G. Kanawade., N.D. Sarode., 2000.** Variability and Characters Association in Wheat (*Triticum aestivum L.*) Agric. Sci. Digest., 20:99-101.

**Eisenhart, C. 1947.** The Asumptions Underlying the Analysis of Variance. Biometrics 3 1-21.

**Ekiz., H., 1996.** Farklı Stoplazmaların Ekmeklik Buğdayların (*Triticum Aestivum L.*) Bazı Kalite Özellikleri Üzerine Etkileri . Doktora Tezi. Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü . Tarla Bitkileri Anabilim Dalı. Konya.

**Falconer, D.S., 1996.** Introduction to Quantitative Genetics . 4<sup>th</sup> Edition Longman House , Burnt Mill , Harlow , Essex CM20 2JE , England.

- Fedin, M.A., 1976.** Heterosis and Genetic Factors in Wheat. in: a.Janossy and F.G.H. Lupton (Eds.), Heterosis in Plant Breeding ,Pp.185-193. Proc 7th Congress of EUCAPIA, Budapest,1974. Elsevier Scientific Publishing Company.
- Fırat, A. E.,1998.** Ekmeklik Buğday Adaptasyonunda Vernelizasyona Tepkiyi Kontrol Eden Genlerin Etkisi Üzerine Araştırmalar. Doktora Tezi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı. İzmir
- Gardner, C.O., S.A. Eberhart , 1966.** Analysis and Interpretation of The Variety Cross Diallel and Related Populations. Biometrics 22: 439-452.
- Griffing, B., 1956.** Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing System. Aust.J. Biol. Sci.9:463-493.
- Gilbert, N.E. G., 1958.** Diallel Cross in Plant Breeding. Heredity 12:477-492.
- Hayman , B.I., 1954 a.** The Theory and Analysis of Diallel Crosses, Genetics,39: 789-809.
- Hayman, B.I., 1954 b.** The Theory and Analysis of Diallel Crosses. Genetics, 39: 789-809 B) The Analysis of Variance of Diallel Tables. Biometrics , 10: 235-244 ; Mather ve Jinks, 1971



( Biometrical Genetics . Chapman and Hall Ltd. London, England).

**Hayman, B.I.,1957.** Interaction , Heterosis, and Diallel Crosses  
Genetics 42: 336-355.

**Hayman, B.I.,1958.** The Theory And Analysis of Diallel Crosses . II.  
Genetics 43: 63-65

**Hayman, B.I.,1960.** The Theory and Analysis of Diallel Crosses II,  
Genetics, 45: 155-172.

**Hayman, B.I.,1961.** Notes on Diallel Cross Theory , A Symposium and  
Workshop Sponsored by The Committe on Plant Breeding And  
Genetics of The Agricultural Board at The North Caroline State  
Collega Raleigh, N.C. March,20-29.

**Hayward, M.D., 1979.** The Application of The Diallel Cross To  
Outbreeding Crop Species. Euphytica 28:729-737

**Iqbal, M., A. Khurshid, M.A. Chowdhry, M. Iqbal.,K.Asalam., 1991.**  
Genetic Analysis of Plant Height and Traits Above Flag Leaf  
Node in Bread Wheat. Sarhad J. Agric., 7:131-134

**Jinks , J.L., Hayman ,B.I.,1953.** The Analysis of Diallel Crosses. Maize  
Crop Newslett 27:48-54

**Jinks, J.L., 1954.** The Analysis of Continuous Variatiton in a Diallel Cross of *Nicotiana Rustica* Varieties , *Genetics* ,39: 767-788.

**Johnson, L.P.V., 1961,** Applications of The Diallel Cross Techniques to Plant Breeding, Statistical Genetics and Workshop Sponsered By The Committe on Plant Breeding and Agricultural Board at The North Caroline State Collage Raleigh, N.C., March 20-29

**Kempthorne, O.1956.** The Theory of The Diallel Cross. *Genetics* 41:451-459

**Kempthorne, O.1957.** An Introduction to Genetic Statistics. John Wiley and Sons INC.N.Y.

**Kılınc., M.,2001.** Ekmeklik Buğdayda Bazı Tarımsal Karakterlerin Uyum Yeteneklerinin Belirlenmesi. Mustafa Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi 6 (1-2) 51-60,2001.

**Kornegay, J.L.,S.R. Temple, 1986.** Inheritance and Combining Ability of Leafhopper Defense Mechanism in Common Bean. *Crop Science* 26: 1153-1158.

**Le Gouis, J., D. Beghin., E.Heumez., P.Pluchard, 2002.** Diallel Analysis of Winter Wheat at Two Nitrogen Levels. *Crop Science* 42: 1129-1134.

**Li ,Y. J. Peng., Z. Liu., 1995.** Heterosis And Combining Ability For Plant Height And its Components in Hybrid Wheat With Triticum Timophevi Cytoplasm. *Euphytica* 95: 337-345.

**Matzinger., D.F.,1963.** Experimental Estimates of Genetic Parameters and Their Applications in Self- Fertilizing Plants. Journal Series, Department of Genetics, North Caroline College Raleigh, North Caroline.U.S.A.

**Mather ,K.,1949.** Biometrical Genetics, Methuen and Co. London.

**Mishra, P.C, T.B. Singh.,D.P. Nema., 1995.** Gene Action in Ten Parents Diallel Cross of Bread Wheat Under Timely Sown Condition. *Crop Res. Hisar.*,10:21-27.

**Mishra.P.C., T.B. Singh, S.M. Kurmvanshi.,S. N. Soni.,1996.** Genetic Action in Diallel Cross of Wheat Under Late Sowing Conditions. *J. Soil Crop*, 6:128-131.

**Nassar, R. F., 1965.** Effect of Corelated Gene Distribution Due To Sampling on The Diallel Analysis, *Genetics*, 52 :9-20

**Nazeer. A.W., M.S. Hassan., Z. Arkam.,2004.** Genetic Architecture of Some Agronomic Traits in Diallel Cross of Bread Wheat. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 7(8): 1340-1342.

**Nelder , J.A., 1953.** Statistical Models in Biometrical Genetics.  
Heredity, 7: 111-119

**Niksarlı, F., 2000.** 8x8 Diallel Melez Arpa Populasyonunda Bazı Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Kalıtımı. Doktora Tezi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, İzmir.

**Nishimura, M., Hamamura, K., 1993.** Diallel Analysis of Cool Tolerance at The Booting Stage in Rice Varieties From Hokkaido. Japan J. Breed.43: 557-566.

**Özcan, K., 1999.** Populasyon Genetiği İçin Bir İstatistiksel Paket Program Geliştirilmesi, Doktora Tezi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü,Tarla Bitkileri Anabilim Dalı İzmir.

**Patil . M.S., B.S. Manaka , V.M. Chavan, U.G.Kachole., 1995.** Diallel Analysis in Bread. Ind. J. Genet. Pl. Breed., 56: 320-323.

**Prabhu, K.V., G.S. Sharma., 1984.** Combining Ability For Physiological Traits in Spring Wheat. Indian J. Genet 44(1):33-41.

**Rasmusson, D.C., 1985.** Barley, American Society of Agronomy of America. Soil Science Society of America , Publishers Madison , Wisconsin.

**Ronga, G., Ninno, M., Fanzo, N. De- Ninno, M., Di- Fonzo, N.,1995.**

Combining Ability as a Criterion for The Choice of Parents For Pedigree Selection Programs in Durum Wheat. *Agricoltura Mediterranea*. 125: 4,387-394. Italy.

**Sabour, M.S.A., A.M. Hassan, A.A.A. Shafi, H.S. Sherif and A.A.**

**Hamada., 1996.** Genetic Analysis of Diallel Cross in Bread Wheat Under Different Environment Condition in Egypt. *Ind. J. Genet. Pl. Breed.*, 56:49-61

**Sharma, S.N., R.S.Sain.,R.K.Sharma., 2003.** Genetics of Spike Length in Durum Wheat. *Euphytica* 130:155-166.

**Soylu, S., 1998.** Orta Anadolu Şartlarında Makarnalık Buğday Islahında Kullanılabilecek Uygun Ebeveyn ve Melezlerin Çoklu Dizi (Line X Tester ) Yöntemi ile Belirlenmesi. Doktora Tezi. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Konya.

**Stoddart, F.L., 2003.** Genetics of Starch Granule Size Distribution in Tetraploid and Hexaploid Wheats. *Australian Journal of Agricultural Research* 54 (7): 637-648.

**Topal., A., C.Aydın., N.Akgün., M.Babaoğlu., 2004.** Diallel Cross Analysis in Durum Wheat (*Triticum Durum* Dersf.): Identification of Best Parents For Some Kernel Physical Features. *Field Crop Research* 87: 1-12.

- Whitehouse, R.N.H. , J.B. Thompson., M.A. M. Riberio., 1958.**  
Studies on The Breeding of Self- Pollinating Cereals. 2. The Use of a Diallel Cross Analysis in Yield Prediction . *Euphytica* 7: 147-169.
- Verhalen, L.M.,J.C.Murray. 1967.** A Diallel Analysis Of Several Fiber Property Traits In Upland Cotton (*G. Hirsutum L.* ) *Crop. Sci.* 7: 501-505.
- Viana, J.M.S., C.D. Cruz., A.A. Cardose.,1999.** Theory And Analysis of Partial Diallel Crosses. *Genetics and Molecular Biology*, 22 (4); 591-599.
- Virk,D.S., S.P. Virk., H.S.Aulakh., 1989.** Detection of Additive, Dominance and Epistatic Variation Using Single Tester Analysis in Bread Wheat. *Indian J. Genet* 9:213-217.
- Wells, D.G., Lay,C.L. 1970.** Hiybrid Vigor in Hard Red Spring Wheat Crosses. *Crop Sci.* 10:200-223
- Yağbasanlar, T., 1990.** Çukurova Koşullarında Bazı Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Melezlerinde F<sub>1</sub> Populasyonunun Bitkisel Özellikleri ve Melez Gücü Üzerinde Bir Araştırma. *Ç.Ü. Ziraat Fak. Derg. ,* 11: 81-93.

**Yağdı, K., H.R. Ekingen, 1995.** Beş Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Döllerinde Bazı Agronomik Özelliklerin Kalıtımı. Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi. Dergisi, 11: 81-93.

**Yates,1947.** Analysis of Data From All Possible Resiprocal Crosses Between a Set of Parental Lines . Heredity. 1, 287-301.

**Yıldırım, M.B., 1974.** Beş Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Döllerinde Bazı Tarımsal Karakterlerin Populasyon Analizleri. Doçentlik Tezi. E.Ü. Ziraat Fakültesi. Agronomi Genetik Kürsüsü Bornova- İzmir.

**Yıldırım, M.B., 1975 a.** Beş Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Döllerinde Bazı Tarımsal Karakterlerin Populasyon Analizleri. II. Jinks- Hayman Tipi Analiz İçin Varsayımların Kontrolü Bitki, 2(3), 232-250.

**Yıldırım, M.B., 1975 b.** Beş Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Döllerinde Bazı Tarımsal Özelliklerin Populasyon Analizleri I. Heterosis ve Kombinasyon Uyuşması , Bitki, (2):204-220

**Yıldırım, M.B., Şengonca, H., 1978.** Diallel Analizler Jinks – Hayman Tipi Diallel Analiz Metodu, Ege Üniversitesi Hesap Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 1(1) 19-30.

**Yıldırım, M.B., 1985.** Populasyon Genetiği- 2 ( Kantitatif Genetik), Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Ders Kitabı. Bornova- İzmir

**EKLER**

**Ek Çizelge 1. Bornova'da 2000-2003 Dönemlerine Ait Bazı İklim Verileri (Bornova Meteoroloji Müdürlüğü Kayıtları )**

2000 yılı				2001 yılı			
Aylar	Ort. Sıcaklık (°C)	Toplam Yağış (mm)	Nispi Nem (%)	Aylar	Ort. Sıcaklık (°C)	Toplam Yağış (mm)	Nispi Nem (%)
Ocak	4.9	79.3	61	Ocak	9.9	74.9	65
Şubat	7.8	92.2	61	Şubat	9.4	90.3	64
Mart	10.3	79.4	61	Mart	15.4	15.5	60
Nisan	16.8	62.3	64	Nisan	15.6	69.2	61
Mayıs	21.1	2.6	51	Mayıs	20.8	28.7	49
Haziran	26.2	0.0	45	Haziran	26.2	13.2	42
Temmuz	29.7	3.0	41	Temmuz	30.1	-	43
Ağustos	28.6	-	47	Ağustos	28.8	19.4	47
Eylül	23.3	-	52	Eylül	23.6	66.3	56
Ekim	17.5	63.0	61	Ekim	19.0	0.6	54
Kasım	14.0	115.4	64	Kasım	12.6	300.6	65
Aralık	10.1	33.0	63	Aralık	7.6	192.8	67



## Ek Çizelge 1'in devamı

2002 yılı

2003 yılı

Aylar	Ortalama Sıcaklık (°C)	Toplam Yağış (mm)	Nispi Nem (%)	Aylar	Ortalama Sıcaklık (°C)	Toplam Yağış (mm)	Nispi Nem (%)
Ocak	6.3	51.8	59	Ocak	11.1	112.6	62
Şubat	11.4	33	59	Şubat	4.9	153.3	60
Mart	12.3	94	60	Mart	8.6	12.1	52
Nisan	14.7	45.1	60	Nisan	12.7	109.7	61
Mayıs	20.4	16.7	49	Mayıs	21.3	8.5	52
Haziran	26.5	0.1	39	Haziran	27.2	0.8	38
Temmuz	28.8	9.5	47	Temmuz	28.6	-	37
Ağustos	28	-	48	Ağustos	28.5	-	38
Eylül	22.4	49.5	59	Eylül	22.5	-	47
Ekim	17.7	54.8	60	Ekim	19.7	68.5	52
Kasım	13.1	107.4	65	Kasım	13.1	18	62
Aralık	7.9	140.3	60	Aralık	9.5	95.6	64

**Ek Çizelge 2. Ebeveyn Dizileri İçin Bulunmuş ( $W_r, V_r$ ) Değerlerinin Varyans Analizi Sonucu Elde Edilen F Değerleri**

<b>Özellik</b>	<b>Dizilere ait F değerleri</b>
Bitki Boyu	1,366 ns
Başak Boyu	0,636 ns
Bayrak yaprak eni	0,153 ns
Bayrak yaprak boyu	4,764**
Kardeş sayısı	0,814 ns
Bin dane ağırlığı	0,417 ns
Tek bitki dane verimi	0,397 ns

\*\* : %1 düzeyinde önemli

\* : % 5 düzeyinde önemli

ns: önemsiz

**Ek Çizelge 3.** 8x8 Ekmeklik Buğday Yarım Diallel Analizinde Her Blok İçin Bulunmuş ( $W_r, V_r$ ) Regresyon Katsayıları ve  $b=1$  Hipotezi İçin Hesaplanmış  $t$  Değerleri

Özellik	I. Blok		II. Blok		III. Blok	
	b	t	b	t	b	t
Bitki Boyu	0,548±0,162	2,792	0,779±0,473	0,466	0,763±0,239	0,992
Başak Boyu	0,385±0,238	0,201	0,799±0,201	0,999	0,663±162	2,080
Bayrak yaprak eni	0,558±0,215	2,056	0,323±0,387	1,750	0,453±0,145	3,773
Bayrak yaprak boyu	0,137±0,142	6,065	0,559±0,186	2,376	0,230±0,188	4,105
Kardeş sayısı	0,38±0,148	4,686	0,047±0,109	8,757	-0,012±0,122	8,311
Bin dane ağır.	0,142±0,398	2,154	0,731±0,259	1,038	1,443±0,240	-1,847
Tek bitki dane verimi	0,147±0,260	3,282	0,048±0,083	11,535	0,064±0,048	19,463

$t_{0.05} = 4,303$  (3 blok için) ;  $t_{0.05} = 12,706$  (2 blok için)

**Ek Çizelge 4. Bloklar Üzerinden Alınmış Ortalama ( $W_r, V_r$ ) Değerleri Arasındaki Regresyon Katsayıları ve  $b=1$  Hipotezi İçin  $t$  Değerleri**

Özellik	$b_{(w_r, v_r)}$	$t$
Bitki Boyu	0,450±0,265	2,076
Başak boyu	0,902±0,247	0,395
Bayrak yaprak eni	0,833±0,123	1,362
Bayrak yaprak boyu	0,193±0,164	4,931*
Kardeş sayısı	0,183± 0,141	5,787*
Bin dane ağırlığı	0,986±0,229	0,061
Tek bitki dane verimi	0,205±0,329	2,419

$$t_{0,05;6} = 2,447$$

## ÖZGEÇMİŞ

Şahin Dere, 15-07-1969 tarihinde Seyitgazi, Eskişehir’de doğdu. İlk ve orta öğrenimini Eskişehir’de tamamladıktan sonra 1988 yılında 19 Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümüne girerek 1992 yılında Ziraat Mühendisi olarak mezun oldu. Aynı yıl adı geçen Üniversitenin Fen Bilimleri Enstitüsü’nün Tarla Bitkileri Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başladı. 1995 yılında yüksek lisans eğitimini tamamlayarak Yüksek Ziraat Mühendisi unvanını aldı. Kasım 1995’ de Karadeniz Teknik Üniversitesi Ordu Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde araştırma görevlisi olarak göreve atandı ve aynı yıl 247. kısa dönem askerlik eğitimine başlayarak 1996 temmuzda bu görevini tamamladı. 2547 sayılı yüksek öğretim kurulunun 35. maddesi gereğince Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Bitki Islahı ve Genetiği Bilim Dalında Prof. Dr. Metin Birkan Yıldırım danışmanlığında Kasım 1996’da doktora eğitimime başladı. 2000-2001 yılları arasında bir yıl süreyle TÜBİTAK (NATO-A2) bursuyla doktora çalışması ile ilgili deneyimlerini arttırmak için ABD Nebraska Üniversitesinde bulundu. Eylül 2004’ te “8x8 Diallyle Ekmeklik Buğday (*Tr. aestivum* L.) Melez Populasyonunda Bazı Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Kalıtımı“ konulu doktora tezi ile Doktora programını tamamladı.