



T.C.
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ALLELE ÖZEL DNA MARKÖRLERİ VE TARIMSAL
ÖZELLİKLERE GÖRE BELİRLENEN EKMEKLİK
BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLERİNİN
DİALLEL ANALİZLERİ**

HARUN OCAKTAN

**DOKTORA TEZİ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANA BİLİM DALI**

KAHRAMANMARAŞ 2021

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

**ALLELE ÖZEL DNA MARKÖRLERİ VE TARIMSAL
ÖZELLİKLERE GÖRE BELİRLENEN EKMEKLİK
BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.) GENOTİPLERİNİN
DİALLEL ANALİZLERİ**

HARUN OCAKTAN

**DOKTORA TEZİ
Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı**

KAHRAMANMARAŞ 2021

**ALLELE ÖZEL DNA MARKÖRLERİ VE TARIMSAL ÖZELLİKLERE GÖRE
BELİRLENEN EKMEKLİK BUĞDAY (*TRITICUM AESTIVUM* L.)
GENOTİPLERİNİN DİALLEL ANALİZLERİ**

(DOKTORA)

HARUN OCAKTAN

ÖZET

Bu çalışma 76 yerel ve 20 standart ekmeklik buğday genotipinin morfolojik ve fizyolojik gözlemleri ve bu genotiplerin yedi allel spesifik DNA markörü ile taranmasıyla elde edilen veriler ışığında belirlenen altı ekmeklik buğday genotipi (Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635 ve 2115) ve 15 F₁ melezini içeren yarım diallel melez buğday popülasyonunda, buğdayda bazı önemli özelliklerde genetik yapı ve kalıtım mekanizmasını ortaya koymak ve uygun ebeveyn ve ümitvar melez kombinasyonlarını belirlemek amacıyla yürütülmüştür. Elde edilen melezler ve ebevenyeleri 2019-2020 ürün yetiştirme sezonunda bazı tarımsal özellikler bakımından Kahramanmaraş koşullarında değerlendirilmiştir. Araştırma tesadüf blokları deneme desenine göre üç tekerrürlü olarak yürütülmüştür.

Doksan altı ekmeklik buğday genotipinin morfolojik ve fizyolojik özelliklere göre standart çeşit ortalamaları başaklanma süresi (BS), ekim olgunlaşma süresi (EOS), bitki boyu (BB) ve yatma (Y) özelliklerinde yerel ekmeklik buğday hatlarından düşük bulunurken, tane dolum periyodu (TDP), başak uzunluğu (BU), başaktaki tane sayısı (BTS), başaktaki tane ağırlığı (BTA), bin tane ağırlığı (BinTA), tek bitki verimi (TBV) ve bayrak yaprak klorofil içeriği (Kİ) özelliklerinde ise daha yüksek olmuştur.

Ekmeklik buğday genotiplerinin yedi allel spesifik DNA markörü ile moleküler karakterizasyonu neticesinde toplam 148 allel elde edilmiş, markör başına allel sayısı ortalama 21.14 olarak tespit edilmiş ve ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri ise 0.5625 olarak saptanmıştır.

Diallel analizlere göre incelenen özelliklerden BS, EOS, TDP, BB, BTA ve Kİ eklemeli ve dominant; BU, BTS, BinTA ve TBV için ise dominant gen etkilerinin önemli olduğu saptanmıştır. İncelenen özelliklerden BS, EOS, BB, BTA, TBV ve Kİ için kısmi dominantlık, TDP, BU, BTS ve BinTA özelliklerinde ise üstün dominantlık saptanmıştır. Çalışmada genel uyum yeteneği (GUY) ve özel uyum yeteneği (ÖUY) etkileri incelenen bütün özelliklerde önemli bulunmuştur. Başaktaki tane sayısı, BTA, BinTA ve TBV özelliklerinde ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerlerinin pozitif olduğu saptanmıştır.

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik buğday, tarımsal özellikler, allel spesifik markör, diallel analiz, uyuşma yetenekleri

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Şubat, 2021

Danışman: Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR

İkinci Danışman: Doç. Dr. Hüseyin GÜNGÖR

Sayfa Numarası: 153

**DIALLELE ANALYSIS OF BREAD WHEAT (*Triticum aestivum* L.) GENOTYPES
DETERMINED BY ALLELE SPESIFIC DNA MARKERS AND AGRONOMICAL
TRAITS**

(Ph.D. THESIS)

HARUN OCAKTAN

ABSTRACT

This study was carried out to find out suitable parents and promising hybrid combinations by genetic mechanism and structure of a half diallele population consisting of 15 F₁ progenies and their six parents (Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635 and 2115) determined as evaluating 76 local and 20 standard bread wheat genotypes for morphological and physiological traits besides characterizing with seven allele spesific DNA markers. The hybrid combinations and their parents were evaluated for some agronomical traits in 2019-2020 cropping season under Kahramanmaras conditions. The experiment was arranged in a randomized complete block design with three replications.

According to evaluation of 96 bread wheat genotypes for morphological and physiological traits the mean performance of standard cultivars were lower for heading date (HD), days to maturity (DM), plant height (PH) and lodging (L) and performed higher for grain filling period (GFP), spike lenght (SL), grain number per spike (GNS), grain weight per spike (GWS), thousan kernel weight (TKW), single plant yield (SPY) and flag leaf chlorophyll content (CC).

Based on molecular characterization of bread wheat genotypes with seven allele spesific DNA markers, a total number of 148 allele was found and the average allele number per marker was determined as 21.14, while the polymorphism information content (PIC) was determined as 0.5625.

As a result of diallele analysis the additive and dominance gene effects were found significant for HD, DM, GFP, PH, GWS and CC, while dominance gene effect was significant for SL, GNS, TKW and SKW. Partial dominance was found for HD, DM, PH, GWS, SPY, and CC, while superior dominance effect was determined for GFP, SL, GNS, and TKW. In the study the general combining ability (GCA) and special combining ability (SCA) effects were found significant for all investigated traits. The average heterosis and heterobelthiosis effects of GNS, TKW and SPY traits were found positive.

Keywords: Bread wheat, agronomical traits, allele spesific marker, diallele analysis, combining abilities

Kahramanmaraş Sütçü İmam University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Agricultural Biotechnology, February, 2021

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Ziya DUMLUPINAR

Co-Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Hüseyin GÜNGÖR

Page numbers: 153

TEŞEKKÜR

Tez çalışmamın planlanmasında, araştırılmasında ve yürütülmesinde ilgi ve desteğini esirgemeyen,engin bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım danışman hocalarım Sayın Doç. Dr. Ziya DÜMLUPINAR' a ve Sayın Doç. Dr. Hüseyin GÜNGÖR'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Doktora tez çalışmam boyunca her türlü desteği esirgemedi sunan tez izleme komitesi ve doktora tez jürimde yer alan hocalarım; Sayın Doç. Dr. Mustafa KÜSEK'e; Sayın Dr. Öğr. Üyesi Adem BARDAK'a yaptığı değerli katkılarından dolayı teşekkür ederim.

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı öğretim üyeleri ve desteklerini esirgemeyen diğer Anabilim Dalı öğretim üyelerine teşekkür ederim.

Çalışmam süresince manevi desteğini esirgemeyen, beni daima çalışmalarım konusunda destekleyen eşim Hatice OCAKTAN'a kızım Hafsa'ya ve oğlum Talha'ya teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

ÖZET	I
ABSTRACT	II
TEŞEKKÜR	III
İÇİNDEKİLER	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ	VII
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	XIV
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	6
3. MATERYAL METOT	17
3.1. Materyal	17
3.1.1. Deneme yeri ve yılı	19
3.1.2. Deneme yerinin iklim özellikleri	19
3.1.3. Deneme yerinin toprak özellikleri	20
3.2. Metot	21
3.2.1. Tarla denemesi	21
3.2.1.1. Ekim ve kültürel işlemler, Moleküler çalışmalar ve Diallel analizler	21
3.2.1.2. İncelenen özellikler: morfolojik ve fizyolojik gözlemler	21
3.2.1.2.1. Başaklanma süresi (gün)	21
3.2.1.2.2. Tane dolum periyodu (gün)	21
3.2.1.2.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün)	22
3.2.1.2.4. Bitki boyu (cm)	22
3.2.1.2.5. Başak uzunluğu (cm)	22
3.2.1.2.6. Başaktaki tane sayısı (adet)	22
3.2.1.2.7. Başaktaki tane ağırlığı (gram)	22
3.2.1.2.8. Bin tane ağırlığı (gram)	22
3.2.1.2.9. Tek bitki tane verimi (gram)	22
3.2.1.2.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)	22
3.2.1.2.11. Yatma (Skala)	23
3.2.2. Moleküler analizler	23
3.2.2.1. Yaprak örneklerinin alınması	23
3.2.2.2. DNA izolasyonu	23
3.2.3. DNA primerleri	26
3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonları (PZR) ve Fragment analizleri	26
3.3. İstatistiksel Analizler	27
3.3.1. Moleküler verilerin değerlendirmesi	27
3.3.1.1. DNA bantlarının skorlanması	27
3.3.1.2. Polimorfizm bilgi içeriklerinin hesaplanması	27
3.3.1.3. Diallel melezleme ve F ₁ melez tohumlarının elde edilmesi	28

3.4. Verilerin Değerlendirilmesi	28
3.4.1. Tesadüf blokları ön varyans analizi	28
3.4.1.1. Melez azmanlığı	29
3.4.1.1.1. Heterosis (Ht).....	29
3.4.1.1.2. Heterobeltiosis (Hb).....	29
3.4.1.2. Yarım diallel tabloların varyans analizi	30
3.4.1.3. Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi	31
3.4.1.4. W _r /V _r grafiği ve yorumlanması	35
3.4.1.5. Uyuşma yetenekleri analizi	36
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	39
4.1. İncelenen Tarımsal Özellikler.....	39
4.1.1. Başaklanma süresi (gün)	39
4.1.2. Tane dolum periyodu (gün).....	40
4.1.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün).....	42
4.1.4. Bitki boyu (cm)	43
4.1.5. Başak uzunluğu (cm).....	45
4.1.6. Başaktaki tane sayısı (adet)	46
4.1.7. Başaktaki tane ağırlığı (g)	48
4.1.8. Bin tane ağırlığı (g)	49
4.1.9. Tek bitki tane verimi (g).....	51
4.1.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)	52
4.1.11. Yatma (Skala).....	53
4.2. Moleküler Çalışmalar	55
4.2.1. Kullanılan markörlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) ve allel sayıları ...	55
4.2.2. Taranan SSR primerlerine ait görüntüler	56
4.2.3. Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç ve genotipler arasındaki genetik benzerliklerin değerlendirilmesi	61
4.3. Araştırmaya Alınan Özelliklerde Biyometrik Genetik Değerlendirmeler	65
4.3.1. Başaklanma süresi (gün)	65
4.3.2. Tane dolum periyodu (gün).....	73
4.3.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün).....	80
4.3.4. Bitki boyu (cm)	87
4.3.5. Başak uzunluğu (cm).....	93
4.3.6. Başaktaki Tane Sayısı (adet)	100
4.3.7. Başaktaki tane ağırlığı (g)	107
4.3.8. Bin tane ağırlığı (g)	114
4.3.9. Tek bitki tane verimi (g).....	121
4.3.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)	128
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	135
5.1. En Uygun Anaç Seçimi	138
5.2. Ümitvar Melezlerin Seçimi.....	139
KAYNAKLAR.....	142
ÖZGEÇMİŞ.....	152

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 4.1. Bx7OE primerine ait jel görüntüsü.	56
Şekil 4.2. Sun104 primerine ait jel görüntüsü.	57
Şekil 4.3. Sun209 primerine ait jel görüntüsü.	57
Şekil 4.4. DF-MR2 primerine ait jel görüntüsü.	58
Şekil 4.5. NOR primerine ait jel görüntüsü.	59
Şekil 4.6. Pina primerine ait jel görüntüsü.	59
Şekil 4.7. Sun1 primerine ait jel görüntüsü.	60
Şekil 4.8. Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç.	62
Şekil 4.9. Başaklanma süresi için W_r/V_r grafiği	70
Şekil 4.10. Tane dolum periyodu için W_r/V_r grafiği	77
Şekil 4.11. Ekim olgunlaşma süresi için W_r/V_r grafiği	84
Şekil 4.12. Bitki boyu uzunluğu için W_r/V_r grafiği	91
Şekil 4.13. Başak uzunluğu için W_r/V_r grafiği	98
Şekil 4.14. Başaktaki tane sayısı için W_r/V_r grafiği	105
Şekil 4.15. Başaktaki tane ağırlığı için W_r/V_r grafiği	111
Şekil 4.16. Başaktaki tane ağırlığı için W_r/V_r grafiği	118
Şekil 4.17. Tek bitki tane verimi için W_r/V_r grafiği	125
Şekil 4.18. Bayrak yaprak klorofil içeriği için W_r/V_r grafiği	132

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan yerel buğday genotipler ve ticari çeşitler	17
Çizelge 3.2. Deneme yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait bazı iklim verileri	20
Çizelge 3.3. Deneme alanı topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri.....	20
Çizelge 3.4. 96 buğday genotipine ait DNA konsantrasyonları (ng/ μ l)	24
Çizelge 3.5. Moleküler karakterizasyonda kullanılan DNA primerleri	26
Çizelge 3.6. 6x6 Yarıml Diallel melezleme çizelgesi.	28
Çizelge 3.7. Tesadüf Blokları Ön Varyans Analizinde, Varyasyon Kaynakları (V.K.), Serbestlik Dereceleri (S.D.) ile Kareler Ortalamaları ve Beklenen Değerleri.	29
Çizelge 3.8. Kareler toplamlarına ve serbestlik derecelerine ilişkin eşitlikler ve elde edilecek istatistikler	30
Çizelge 3.9. Genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analiz tablosu.	38
Çizelge 4.1. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait başaklanma süreleri.	40
Çizelge 4.2. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait tane dolum periyodu süreleri.	41
Çizelge 4.3. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ekim olgunlaşma süreleri.	42
Çizelge 4.4. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bitki boyları.	44
Çizelge 4.5. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başak boyları.	45
Çizelge 4.6. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başaktaki tane sayısı.	47
Çizelge 4.7. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başaktaki tane ağırlığı.	48
Çizelge 4.8. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bin tane ağırlığı.....	50
Çizelge 4.9. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama tek bitki tane verimi.....	51

Çizelge 4.10. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bayrak yaprak klorofil içeriği.	53
Çizelge 4.11. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine yatma özelliğine ait ortalama değerler.	54
Çizelge 4.12. Genotiplerin taranmasında kullanılan DNA primerleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri.	55
Çizelge 4.13. SSR markör taraması sonucunda spesifik alel gen veren bantların dağılımı.	63
Çizelge 4.14. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V _r) ve kovaryans (W _r) değerleri.	67
Çizelge 4.15. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin heterosis (H _t) ve heterobeltiosis (H _b) değerleri (%).	67
Çizelge 4.16. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin Diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik Dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	68
Çizelge 4.17. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	69
Çizelge 4.18. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	70
Çizelge 4.19. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	71
Çizelge 4.20. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V _r) ve kovaryans (W _r) değerleri.	74
Çizelge 4.21. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin heterosis (H _t) ve heterobeltiosis (H _b) değerleri (%).	75
Çizelge 4.22. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	75
Çizelge 4.23. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tane dolum periyodu (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	76

Çizelge 4.24. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	78
Çizelge 4.25. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	79
Çizelge 4.26. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	81
Çizelge 4.27. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	82
Çizelge 4.28. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	83
Çizelge 4.29. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	83
Çizelge 4.30. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	85
Çizelge 4.31. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	86
Çizelge 4.32. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	88
Çizelge 4.33. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	88
Çizelge 4.34. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	89
Çizelge 4.35. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	90

Çizelge 4.36. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	91
Çizelge 4.37. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	92
Çizelge 4.38. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	94
Çizelge 4.39. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	95
Çizelge 4.40. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	96
Çizelge 4.41. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	97
Çizelge 4.42. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	98
Çizelge 4.43. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	99
Çizelge 4.44. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	101
Çizelge 4.45. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	102
Çizelge 4.46. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	103
Çizelge 4.47. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	104

Çizelge 4.48. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	105
Çizelge 4.49. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	106
Çizelge 4.50. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	108
Çizelge 4.51. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	109
Çizelge 4.52. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin Diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	109
Çizelge 4.53. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	110
Çizelge 4.54. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	112
Çizelge 4.55. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	113
Çizelge 4.56. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri.	115
Çizelge 4.57. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).	116
Çizelge 4.58. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	116
Çizelge 4.59. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	117

Çizelge 4.60. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	119
Çizelge 4.61. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	120
Çizelge 4.62. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V _r) ve kovaryans (W _r) değerleri.	122
Çizelge 4.63. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin heterosis (H _t) ve heterobeltiosis (H _b) değerleri (%).	122
Çizelge 4.64. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	123
Çizelge 4.65. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimi (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	124
Çizelge 4.66. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.	125
Çizelge 4.67. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.	126
Çizelge 4.68. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (V _r) ve kovaryans (W _r) değerleri.	128
Çizelge 4.69. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin heterosis (H _t) ve heterobeltiosis (H _b) değerleri (%).	129
Çizelge 4.70. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.	130
Çizelge 4.71. 6x6 Yarım Diallel F ₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.	131

- Çizelge 4.72. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı..... 132
- Çizelge 4.73. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri. 133
- Çizelge 5.1. Üç yöntemle göre hesaplanan genetik varyans komponentlerinin önemlilikleri ve diallel melez analizindeki genetik parametreler arasındaki oranlar..... 137



SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

%	: Yüzde
° C	: Santigrat Derece
a	: Eklemeli Gen Etkisi ve Genel Kombinasyon Yeteneğinin Tahminleyicisi
AO	: Anaç Ortalaması
b	: Dominant Gen Etkisi
b ₁	: Ortalama Dominantlık Varyansı
b ₂	: Bir Ebeveyndeki Dominant Allellerin Toplanması
b ₃	: Özel Uyum Yeteneği
BB	: Bitki Boyu
BinTA	: Bin Tane Ağırlığı
BS	: Başaklanma Süresi
BTA	: Başaktaki Tane Ağırlığı
BTS	: Başaktaki Tane Sayısı
BU	: Başak Uzunluğu
cm	: Santimetre
D	: Eklemeli Gen Etkileri
da	: Dekar
dH ₂ O	: Saf Su
DNA	: Deoksiribonükleik asit
D-H ₁	: Eklemeli ile Dominant Gen Etkileri Farkı
E	: Çevre Varyansı
F	: Genlerin Dağılım Yönü
g	: Gram
GUY	: Genel Uyuşma Yeteneği
H ₁	: Dominant Gen Etkileri

$H_1/D^{1/2}$	: Ortalama Dominantlık Derecesi
H_2	: Gen Dağılışına Göre Düzeltilmiş Dominantlık
$H_2/4H_1$	: Dominant ve Resesif Allellerin Frekansı
h^2	: Heterozigot Lokusun Dominantlık Etkisi
Hb	: Heterobeltiosis
Hd	: Dar Anlamda Kalıtım Derecesi
Hg	: Geniş Anlamda Kalıtım Derecesi
Ht	: Heterosis
K	: Etkili Gen Sayısı
K_2O	: Potasyum
KD/KR	: Dominant Allellerin Resesif Allellere Oranı
Kİ	: Bayrak Yaprak Klorofil İçeriği
ml	: Mililitre
ÖUY	: Özel Uyum Yeteneği
P_2O_5	: Fosfor
PIC	: Polimorfizm bilgi içeriği (Polymorphism information content)
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase chain reaction)
r	: Korelasyon katsayısı
$r(Y_r, (W_r + V_r))$	: Kuramsal Dominantlık Sıra Katsayısı
Rpm	: Dakikadaki devir sayısı
SSR	: Basit Dizi Tekrarları (Simple sequence repeats)
TBV	: Tek Bitki Tane Verimi
TDP	: Tane Dolum Periyodu
ÜA	: Üstün Anaç
V_r	: Varyans
W_r	: Kovaryans
Y	: Yatma

1. GİRİŞ

Tahıllar, dünyada en önemli protein ve kalori kaynağı olan başlıca besin maddelerindendir. Kişi başına alınan günlük protein miktarının % 47'si, kalori miktarının ise % 52'si tahıl ürünlerinden karşılanmaktadır. Tahıl ürünlerinden buğday, kolay yetişmesi, taşıma, beslenme değeri, saklama kolaylığı ve geniş adaptasyonundan dolayı dünyadaki birçok ülkenin temel besin kaynağını oluşturmaktadır (Demir, 2015).

Buğday, geçmişte ve günümüzde hem bütün Dünya'da hem de ülkemizde ekimi geniş bir coğrafyada yapılan, insan ve hayvan beslenmesinde önemli bir yere sahip kültür bitkisidir. Adaptasyon yeteneği, üretimindeki kolaylık, depolama, taşıma ve işleme kolaylığı ve ekmek, makarna, bisküvi gibi ürünlere dönüştürülebilme özellikleri göz önünde bulundurulduğunda diğer tahıllara göre ön plana çıkmaktadır (Kan ve Sade 2002).

Dünyada buğday ekim alanı 215.9 milyon hektar ve üretimi 765.7 milyon ton olup dekara dane verimi 354 kg'dır (FAO, 2019). Ülkemizde 2019 yılı verilerine göre buğday ekim alanı 6.84 milyon hektar, üretim miktarı 19 milyon ton ve ortalama verimi ise 278 kg/da'dır (TÜİK 2019). Ülkemizde toplam ekili alanın % 26'sı gibi önemli bir kısmında ekmeklik buğday üretimi yapılmakta olup, 271 kg/da verimle toplam 16.5 milyon ton ekmeklik buğday üretimi elde edilmektedir. Ülkemizde yıllar geçtikçe buğday verimi artmasına rağmen, dünya verim ortalamasının altında bir verim oranı alınmaktadır.

Buğdayda bulunan kromozom sayısına göre diploid ($2n=2x=14$), tetraploid ($2n=4x=28$) ve hekzaploid ($2n=6x=42$) olmak üzere 3 gruba ayrılır. Diploid buğdayda A, B ve D genomlarından sadece biri bulunur. Triticum durum (makarnalık buğday) tetraploid özellikte olup A ve B genomları birlikte bulunmaktadır. Triticum aestivum (ekmeklik buğday) türü hekzaploid A, B ve D genomlarını birlikte bulundurmaktadır (Kaya, 2018).

Dünya nüfusu 2018 yılı itibari ile 7.6 milyar kişi olup, hızlı bir şekilde artmaya devam etmektedir. Dünya nüfusunun 2050 yılından 9.7 milyar kişi olması beklenmektedir (Birleşmiş Milletler 2019). Dünya nüfusunun zaman içindeki artışı, dünya üzerindeki toplam nüfus için gerekli besin ihtiyacının karşılanmasını zamanla zorlaştırmıştır.

Nüfusunun artışıyla birlikte, dünyadaki mevcut tarım alanlarının hızlı bir şekilde azalması ve tarım alanlarını arttırma olanaklarının yetersiz kalması, mevcut tarım alanlarının korunmasını, ayrıca mevcut tarım alanlarının en iyi şekilde değerlendirilmesini zorunlu kılmaktadır. Bunun yanında dünya üzerinde etkisi bulunan küresel ısınma ve kuraklık tehlikesi, yeni hastalık ırklarının ortaya çıkması ve mevcut buğday çeşitlerinin hastalığa duyarlı olması dünya buğday üretimini ileriye dönük olarak olumsuz etkileyecektir (Divitlioğlu, 2020).

Yıllar ilerledikçe ülkemizde buğday ekim alanları genişlemekte olup, günümüzde son sınırlarına varmıştır. Ekim alanlarını dahada fazla genişletme imkânımız olmadığından birim alandan alınabilecek verim miktarı artırılmalıdır. Yalnızca verim artışı günümüzdeki buğday tüketim koşullarında yetersiz olarak görülmektedir. Birim alandan elde edilen ürünün yüksek verimliliği ile birlikte, biyotik ve abiyotik stres koşullarına dayanıklılığı, üstün kalite özelliklerine sahip olması da istenmektedir. Ülkemizin, farklı toprak ve iklim özelliklerine sahip bölgelerden oluştuğu göz önünde bulundurulduğunda, çeşitli iklim şartlarına uyum sağlayabilecek, kalite değerleri yüksek çeşitlerin geliştirilmesi son derece önem arz etmektedir. Çünkü buğday üretiminde; çeşit, tarımsal uygulamalar ve çevresel faktörlerin önemli düzeyde etkisi bulunmaktadır (Aktaş ve ark., 2017, Güngör ve Dumlupınar, 2019).

Ülkemizde buğday ıslahı 1925 yılında başlamıştır. 1970 yılında başlayan “Yeşil Devrim” den sonra ülkemizde yapılan buğday ıslahı çalışmaları hız kazanmıştır. Kaliteli ürün elde etmek ve verimi arttırmak için yeni çözüm yollarına denenmiştir ve geneksel ıslah metodları hızla yayılmıştır. Islah çalışmalarında birinci öncelik ilk olarak verim artışı olarak kabul edilirken; günümüzde ise yüksek verimin yanında hastalıklara dayanıklı çeşitler geliştirmek ve kaliteyi arttırmak son derece önemli bir hale gelmiştir. Geleneksel ıslah yöntemleri ve mevcut tarım alanlarında kullanılan tarımsal tekniklerle önümüzdeki çeyrek asır içerisinde artacak dünya nüfusuna yetecek besin maddeleri üretimi mümkün görülememektedir. Bu nedenle moleküler ıslah yöntemleri, kuraklık ve tuzluluk gibi çevre koşullarına; hastalık ve zararlılara dayanıklı, bitki besin maddeleri içeriği geliştirilmiş yüksek verimli ve kaliteli yeni çeşitlerin geliştirilmesi için, ıslahçılara büyük kolaylıklar sağlayacak yeni yöntemler olarak uygulamaya alınmıştır (Çetiner 2015).

Klasik ıslah çalışmaları; iş gücü gerektiren, oldukça maliyetli ve uzun zaman alan araştırmalardır. Islahın temel prensibinde iyi bir çeşit ortaya çıkarmak için gayenin iyi belirlenmesi, iyi gözlem, uygun lokasyon ve uygun ebeveyn seçimi gibi ilkeler olarak ifade

edilir. Bu amaçla, ıslah alıřmalarında başarı iin, muhtemel varyasyon kaynaklarının varlıęı ve bu kaynakların etkin bir řekilde kullanımı ile gerekleřtirilebilir. Ebeveynlerin hedefe uygun olarak belirlenen niteliklerinin kalıtım derecelerinin bilinmesi, gereksiz kombinasyonları ortadan kaldırmakta ve hangi nesilde seime bařlanacaęı yönünde görüř vermektedir (Toklu ve Yaębasanlar, 2005).

Son eyrek asırda, DNA teknolojileri ve moleküler markörlerin ıslah alıřmalarında kullanılmaya bařlamasıyla, markör destekli seleksiyon (MAS) hız kazanmıřtır. Özellikle tahıllarda kalite, verim ile zararlılara ve hastalıklara dayanıklılık gibi mevzularda yapılan alıřmalar oęalmıř ve bu alıřmaların sonucunda bařarılı neticeler elde edilmiřtir. Markör destekli seleksiyon (MAS) ile ıslah alıřmaları daha az iřgücü ve daha kısa sürede ile tamamlanabilmekte ve bu avantajlarının yanı sıra gereksinim duyulan popülasyon büyüklüęü de geleneksel ıslaha kıyasla ok daha küçük olmaktadır (Gupta ve Varshney 2000, Babu ve ark. 2004).

Son senelerde moleküler markör teknolojilerinin kullanılmaya bařlanmasıyla beraber, ıslah sürelerinde kısalmalar ortaya ıkmıřtır. Sık olarak kullanılan markör teknolojilerinden birisi de basit dizi tekrarlarıdır (Simple Sequence Repeats –SSR) (Dede, 2007).

Genetik metaryelin bir lokusunda, arka arkaya geliřigüzel bulunan tekrar dizilerine Short Tandem Repeat (STR) denmektedir. STR'lerin 1-6 baz iftinden oluřan markörlerine de SSR ya da mikrosatelit denilmektedir (Özşensoy, 2012).

Mikrosatelit markörlerde allel büyüklüęü elektroforez aracılıęıyla belirlenebilir. Mikrosatelitler kodominanttır yani heterozigot karakterleri homozigot karakterlerden ayırabilir. Sonuç olarak SSR markörleri, standardizasyonu kolay, polimorfizm oranları, tekrarlanabilirlięi yüksek ve kodominanttır. Mikrosatelitler, bu üstün özelliklerinden dolayı karakterizasyon alıřmalarında sık bir řekilde tercih edilirler (Geboloęlu, 2016).

Ebeveynlerin seiminde en sık kullanılan yöntem, diallel analiz yöntemidir. Bu metod, popülasyon analizlerinde ıslahıların en geniř ölçüde kullanıldıkları yöntemdir. Anaların ele alınacak özelliklerin kalıtım yetenekleri ve genetik yapısı eřitli yöntemlerle önceden tayin edilebilirse, bu bilgilere dayandırılan ıslah programlarının bařarılı olma oranı da yüksek olur.

Çünkü bir nesilde görülen genetik aşama bir önceki nesilde yapılmış olan seleksiyonlara bağlıdır. Islah çalışmalarında popülasyonlarının genetik yapılarını araştırmak, ideal ebeveynleri seçmek ve uygun melez kombinasyonu, ebeveynlerin genel ve özel kombinasyon uyumlarını belirlemek amacıyla en çok kullanılan yöntem diallel analiz yöntemidir (Yıldırım ve ark. 1979).

Saf iki hattın melezlenmesiyle elde edilen F_1 melezi gücünün ebeveynlerin ortalamasından üstün olması heterosis (Ht) olarak, F_1 melez gücünün üstün olan ebeveyninden daha üstün olması ise heterobeltiosis (Hb) olarak ifade edilmektedir. (Dumlupınar ve ark., 2015). Araştırılan özellikler açısından anaçlara ait ortalama değerler, melez performanslarının tahmin edilebilmesi ve üstün anaçların belirlenebilmesi bakımından önemlidir (Poehlman ve Sleeper, 1995). Anaçların melez performansını belirleyebilmek için, heterosis kavramından yararlanılır. Yüksek verimli ve kaliteli melez genotiplerin belirlenmesinde heterosis değerinin yüksek olması tercih edilir (Knott, 1965).

Bu çalışmanın amacı, ekmeklik buğdayda genetik varyasyonu artırmak amacıyla 96 ekmeklik buğday genotipi (76 adet yerel genotip ve 20 standart çeşit) içinden seçilen 6 genotip ve bu genotipler arasında 6x6 yarım diallel melezleme ile yerli ve yabancı orijinlileri de içine alan geniş bir varyasyona sahip melez popülasyonlar meydana getirmek ve bu melez popülasyonlardan Türkiye'nin farklı bölgelerine adaptasyon sağlayabilecek, yüksek verim ve üstün kaliteli yeni yerli ekmeklik buğday genotipleri geliştirmektir.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Kan (2000), 1995-1996 yetiştirme yılında Orta Anadolu iklim kuşağına elverişli ekmeklik buğday ve melezlerini belirlemek amacıyla 3 ekmeklik buğday çeşidi ve 10 ekmeklik buğday hattı arasında, çoklu dizi yöntemine göre melezlemeler yapmıştır. Elde edilen melezler ve anaçları 1996-1997 yıllarında yetiştirilmiş, F_1 ve anaçların bitki boyu, tek bitki tane verimi, başak uzunluğu, başaktaki başakçık sayısı, başakta tane sayısı, başakta tane ağırlığı, fertil kardeş sayısı, üst boğum arası uzunluğu, bin tane ağırlığı, ham protein oranı, gluten ve sedimantasyon ölçüm, için gerekli işlemleri gerçekleştirmiştir. Ayrıca genel ve özel kombinasyon unsurlarını, heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, dar ve geniş anlamda kalıtım yeteneklerini ortaya koymuş ve özellikler arası bağlantılarını belirlemiştir. Elde edilen sonuçlara göre, 3 ve 7 no'lu hatlar hem kalite hem de verimde, Kırış 66 çeşidi ile 2 ve 5 no'lu hatlar sadece yüksek kalite yönüyle, 6 ve 9 no'lu hatlar sadece verim potansiyeli açısından ekmeklik buğday ıslahında kullanılabilecek anaçlar olarak belirtmiştir.

Eren (2000), 1994-1996 yıllarında Şanlıurfa koşullarında, dört çeşit makarnalık buğday ile bu buğdayların tam diallel melezlerinden elde edilen popülasyondaki kalıtsal yapıyı incelemek, incelenen özellikler yönünden uygun ebeveyn ve melez kombinasyonlarını belirlemeyi amaçlamıştır. Elde ettiği 10 agronomik karakterde varyans analizi, GUY ve ÖUY etkileri, GUY/ÖUY, kalıtım dereceleri, kritik farklılık, heterosis ve heterobeltiosis değerlerini Griffing Diallel Analiz yönteminde incelemiştir. F_1 kombinasyonları ve ebeveynlerin agronomik özelliklerinin tamamında önemli varyasyonlar elde etmiştir. Başakta başakçık sayısı, başaklanma süresi, başakta dane sayısı, başakta dane ağırlığı ve bin tane ağırlığında pozitif heterosis değerleri bulmuştur. Geniş anlamda incelenen tüm agronomik karakterlerde kalıtım dereceleri yüksek bulmuş, dar anlamda kalıtım derecelerini ise en yüksek olarak, başakta dane ağırlığı (0.84), bitki boyu (0.79) ve kardeş sayısı (0.78)' ndan elde ettiğini rapor etmiştir.

Prasad ve ark. (2000), 29 farklı ülkeden topladıkları 55 çeşit seçkin buğday genotipini belirlemek, DNA polimorfizm oranlarını ortaya çıkarmak ve genetik çeşitliliğini tespit etmek için 20 adet SSR markörü kullanarak gerçekleştirdikleri çalışmada 21 lokusta toplamda 155 adet allel saptamışlardır. Her lokus için allel sayısını ortalama 7.4 olarak tespit edilmiştir. Kullanılan markörlerin polimorfizm bilgi içeriği (PIC) ortalama değeri % 71, markör indeksi (MI) % 70 olarak saptamışlardır. Genetik benzerlik oranı % 23'lük

ortalamayla % 5-88 arasında belirlemişlerdir. Elde edilen veriler ile genotiplerin tanımlanması ve genetik çeşitliliğin belirlenmesine olanak sağlayan polimorfizmi saptamak için mikrosatelit kullanımının yararlı olduğunu ifade etmişlerdir.

Manifesto ve ark. (2001), Arjantin’de geliştirilmiş olan 105 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşidini çoğaltılan parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) ve basit dizi tekrarları (SSR) markörleri (mikrosatelit) kullanarak özelliklerini belirlemişlerdir. Sonuçta araştırmacılar SSR’ların ekmeklik buğday genotiplerini belirlemede son derece etkili markörler olduğunu bildirmişlerdir.

Röder ve ark. (2002), ekmeklik buğday germplazmanın genetik çeşitliliğini belirlemek için yaptıkları çalışmada 998 adet ekmeklik buğday çeşidi üzerinde 24 adet SSR markörü ile çalışma yapmışlardır. Ortalama olarak her lokus için 18.1 allel ve toplamda da 470 adet allel tespit etmişlerdir. Her lokustaki en yüksek allel sayısı ise A ve D genomlarıyla karşılaştırıldığında sırasıyla 17.4 allel ve 16.5 allel, B genomundaysa 19.9 allel olarak ifade etmişlerdir. Yürütülen çalışma neticesinde en iyi çeşitliliğin kromozomların sentromerik olmayan bölgelerinde olduğu saptamışlardır. Ayrıca allel sayısının mikrosatelitlerin tekrar sayısı ile arttığı ve gen çeşitliliğinin allel sayıları ile doğru orantılı olduğunu belirtmişlerdir.

Maccaferri ve ark. (2003), 58 adet makarnalık buğday genotipi üzerine 70 adet SSR markörü kullanarak karakterize etmişlerdir. Ortalama olarak SSR markörleri için çeşitlilik indeksi (DI) %56 olarak bulmuşlardır. Çalışmalarında ortalama benzerlik değeri %44 olarak hesaplanmışlardır. Son yayınlanan çeşitlerin özellikleri göz önünde bulundurulduğunda, makarnalık buğday gen kaynaklarının kalıtsal çeşitliliğinin zamanla bir artış göstereceğini öngörmüşlerdir.

Dere (2004), sekiz çeşit ekmeklik buğday genotipi ve bu çeşitlerden elde edilen yarım diallel F_1 melezleri kalite özellikleri açısından incelenmiştir. Diallel melez buğday popülasyonunda, araştırılan özellikler arasında bayrak yaprağı uzunluğu ve bitki boyu için kısmi dominantlık; başak uzunluğu, bayrak yaprağı eni, tek bitki dane verimi, kardeş sayısı ve bin dane ağırlığı için ise üstün dominantlık özelliklerinin egemen olduğunu bulmuştur. Bitki boyu için Marmara ve Cumhuriyet, başak uzunluğu için, Yüreğir ve Cumhuriyet, bayrak yaprağı eni için Basribey ve Cumhuriyet, bayrak yaprağı boyu için ise Yüreğir, Ziyabey ve Malabadi çeşitleri önemli olarak saptamıştır.

Yıldırım (2005), 6x6 yarım diallel melezleme yaptığı, aralarında yakın akrabalık ilişkisi bulunmayan Gerek-79, Altay-2000, Bezostaya-1, Süzen-97, Harmankaya-99 ve Sultan-95 kışlık ekmeklik buğday çeşitleri kullanmıştır. Elde ettiği F₁ melez popülasyonunu bazı tarımsal, fizyolojik ve kalite karakterleri açısından kalıtsal yapılarını incelenmiş ve en uygun anaç ve melez kombinasyonlarını seçmeyi hedeflenmiştir. Genetik parametrelerdeki verilere göre; toplam kardeş sayısı, bitki tane verimi, başak uzunluğu, translokasyon oranı, üst boğum arası uzunluğu, bitki örtü sıcaklığı, başakta fertil başakçık sayısı, gluten ve SDS Sedimentasyonu gibi karakterler açısından yapılacak seleksiyonların başarılı olabileceğini ifade etmiştir. En önemli kalite kriteri olarak kabul edilen tane protein oranı için ise seleksiyonun zor olduğunu belirtmiştir. Araştırılan bütün karakterler için anaçların uyum yetenekleri farklı değerlerde saptanmıştır. Fizyolojik karakterler bakımından Harmankaya-99, Altay-2000 ve Bezostaya-1'in iyi birer ebeveyn olabilecekleri bulunmuştur. Kalite karakterleri açısından, dane kalitesi yüksek olan Bezostaya-1 genotipi bulunduğu kombinasyonlarda ön plana çıkmış ve tane kalitesi çalışmalarında kullanılabilecek iyi bir ebeveyn olabileceğini ortaya koymuş, ayrıca agronomik karakterler bakımından ise Gerek-79 genotipi dışında diğer tüm genotiplerin uygun birer anaç olabileceğini belirtmiştir. Çünkü Harmankaya-99 ile Süzen-97'in Ne₂ geni ve Gerek-79'in Ne₁ geni bulundurmalarından dolayı, meydana getirdikleri kombinasyonlarda tamamlayıcı dominant gen etkisiyle melez uyuşmazlığı oluşmuş ve bu kombinasyonlar birçok karakter için uç değerler bulmuştur. Çalışmanın sonucunda, ekmeklik buğday ıslah çalışmalarında anaç tercihinin çok önemli olduğu kanıtlamışlardır.

Özbek ve ark. (2006) İsrail Ammiad' da 6 değişik habitattan temin edilen 60 bitki örneği ile Türkiye'nin Diyarbakır yöresindeki 7 değişik habitatta yetişen 56 adet tetraploid yabancı buğday genotipinden yalıtılan DNA'lar AFLP markörleri ile taranmışlardır. Çalışmalarının sonucunda 788 bant elde etmişlerdir. Türkiye'den temin edilen materyallerde % 40.5 polimorfizm saptamışlarken, İsrail'den alınan materyallerden % 48.6 polimorfizm tespit etmişlerdir.

Çağlar ve ark. (2006), 2002 ve 2003 yetiştirme yıllarında Erzurum koşullarına uyumlarını belirlemek için 25 ekmeklik buğday geneotipi üzerinde çalışmışlardır. Doğu 88 çeşidinin tane verimi, m²'deki başak sayısı, en uzun tane dolum süresi ve hektolitire ağırlığında en yüksek değerlere sahip olduğu ifade edilmiştir. Ham protein oranına bakımından Alparslan ve Türkmen, bin tane ağırlığı bakımından Dağdaş 94 ve başaktaki tane sayısı bakımından ise Kate A-1 çeşitlerinin öne çıktığını ifade etmişlerdir.

Dede (2007), Ülkemizin farklı bölgelerinden temin edilen 20 farklı genotip yerel ekmeklik buğday çeşidinin moleküler tanımlamalarını yapmayı amaçlamıştır. Bu amaçla önceden geliştirilen SSR lokusundan en fazla polimorfik özellik gösteren 7 tanesini kullanmıştır. Üretilen bantlar arasındaki polimorfizm ilişkileri Vilber Lourmat, Bio 1D, 11.04 programı kullanılarak ve bununla birlikte çıplak gözle skorlayarak belirlemiştir. Bant büyüklükleri temel alınarak oluşturulan verilerin dendogramı NTSYSpc 2.1 programı ile yapmıştır. Yaptığı analizler sonucunda yerel çeşitlerin arasında çok fazla genetik farklılık saptamıştır. Sonuç olarak, yerel ekmeklik buğday çeşitlerini genetik olarak tanımlamada mikrosatelit DNA markörlerinin başarılı bir şekilde kullanılabileceğini ifade etmiştir.

Salem ve ark. (2008), 7 adet buğday çeşidinin (*Triticum aestivum* L.) genetik çeşitliliğini belirlenmek amacıyla 48 adet SSR markörünü kullanmışlardır. Araştırma sonucunda her lokus için ortalama 3.2 allel tespit belirlemişler ve toplamda ise 48 adet allel belirlemişlerdir. Polimorfizm bilgi içeriğinin ortalama değeri % 54.8 olarak bulunmuş, ayrıca Xgwm95 ve Xgwm437 DNA markörleri için PIC değerleri sırasıyla % 27.8 ve % 81.6 olarak belirlemişlerdir. Çalışmalarının sonucunda buğdayda mikrosatelit markörlerin genotipler arasındaki polimorfizmin hesaplanmasında etkili bir şekilde kullanılabileceği belirlenmiştir.

Yücel ve ark. (2009), kalıtım derecelerini, uyum kabiliyetleri ve fiziksel özellikleri arasındaki bağlantılarını belirlemek amacıyla beş adet ekmeklik buğday çeşidi resiproklü olarak melezlenmiş ve varyans analizi uygulamışlardır. Uyum yeteneği ile ilgili yapılan varyans analizinde, araştırılan özelliklerin büyük çoğunluğu için hem epistatik hem de eklemeli gen etkisi tarafından kontrol edildiği belirlenmiştir. Genel uyum yeteneği (GUY) değeri, tane ağırlığı (TA) ve tane yüksekliği (TY) dışındaki tüm özellikler için Özel uyum yeteneği (ÖUY) değerinden daha üstün olarak saptanmıştır. GUY/ÖUY oranına göre araştırılan 10 özelliğin 8'inde GUY daha fazla tespit edilmiştir. Yapılan Path analizi sonuçlarına değerlendirildiğinde ise tane yüksekliği (TY), tane genişliği (TG) ve başaktaki tane sayısı (BTS) diğer özellikler üzerinde doğrudan ve dolaylı etkisinin olduğu belirtilmiştir. Sonuç olarak, ıslahçıların buğdayın öğütme ve pişirme kalitesini geliştirmek için, daha nitelikli tane kalitesine sahip yeni çeşitleri geliştirme aşamasında yardımcı olabileceğini ifade etmişlerdir.

İlker ve ark. (2010), 3 çeşit ve 5 hat ekmeklik buğday ve bunların 15 adet F₁ melezi ile yapılan çalışmada, heterosis değer veren melezler belirlenmiştir. Çalışmalarının sonucunda başak başına başakçık sayısı için, 70 x Basribey, başak uzunluğu için, 70 x

Golia, bitki boyu için, 72 x Golia melezleri heterosis değeri göstermesiyle; yeni çeşitler ve daha uzun boylu bitkiler ıslah edebilmek için ümitvar melezler olabileceklerini belirtmişlerdir.

Akram ve ark. (2011), 8x8 resiproklı yazlık buğday melezlerinde, bazı kalite özellikleri ve verimde olgunlaşma gün sayısı hariç olmak üzere incelenen diğer tüm özelliklerde genel kombinasyon yeteneği (GKY) etkilerinin önemli olarak bulunduğunu, başakta başakçık sayısı, bayrak yaprağı alanı, tane verimi, lisin ve protein içeriği dışında kalan diğer tüm özellikler için ise özel kombinasyon yeteneği (ÖKY) etkilerinin önemli değerlerde olduğunu rapor etmişlerdir.

Karnwal ve ark. (2011), 10x10 resiproksuz olarak gerçekleştirilen on buğday genotipi ile yapılan melez analizi ile verim ve verim özelliklerini araştırmışlar ve değerlendirmeye tabi tutmuşlardır. Araştırılan karakterler arasında bin tane ağırlığı, bitkide tane verimi ve başakta tane verimi nitelikleri için üstün dominant gen etkisinin bu özelliklerde bulunduğunu ifade etmişlerdir.

Taner ve ark. (2012), 5 adet hekzaploid buğday genotipinin anaç olarak kullanıldığı 5x5 resiproklı melezlemeden elde edilen 10 adet F₁ bireyinin verim ve bazı verim unsurlarını araştırmışlardır. Araştırmada kullanılan materyallerden Ahmetağa çeşidi, başaktaki tane sayısı, bayrak yaprak klorofil içeriği ve bayrak yaprak kül içeriği açısından, Konya 2002 çeşidi ise, bayrak yaprak kül içeriği, bayrak yaprak yeşil kalma süresi, bayrak yaprak klorofil içeriği, tane verimi ve bin tane ağırlığı yönünden, uygun ebeveyn olabileceği belirtmişlerdir. Bununla beraber YÇ52 genotipinin bin tane ağırlığı ve bitki boyu, YÇ45 genotipi ise üst başaktaki tane sayısı, boğum arası uzunluğu ve bitki boyu yönünden ıslah çalışmalarında alınabilecek ümitvar melezler olduğunu ifade etmişlerdir.

Morojele ve Labuschagne (2013), 5 çeşit ekmeklik buğday genotipinin ebeveyn olarak kullanıldığı 5x5 resiproklı melezlenmeleriyle elde edilen 38 F₁ ve F₂ melezin heterosis ve heterobeltiosis performanslarını inceledikleri çalışmalarında araştırıldıkları özelliklerin tümü için F₁ ve F₂ melezleri arasında mühim farklılıklar olduğunu ifade etmişlerdir. F₁ ve F₂ generasyonlarında, tane ağırlığı ve SDS sedimentasyon değeri için pozitif yönde heterosis ve heterobeltiosis değeri saptandığını belirtmişlerdir.

Hammad ve ark. (2013), 5 çeşit buğday genotipi (9247, PR-94, V-04189, V-04022 ve V-03138) 5x5 resiproklı olarak melezlemişlerdir. Bitki boyu, başak uzunluğu, başaklanma süresi, başaktaki başakçık sayısı, bitki kardeşlenme sayısı, ekim olgunlaşma

süresi, bitki başına tane verimi ve tohum indeksi özelliklerini araştırmışlardır. Araştırılan tüm özellikler için, uyum yeteneği özelliklerinin önemli olarak belirlenmişlerdir. Özel uyum yeteneği (ÖUY) özelliği açısından araştırılan tüm özellikler için pozitif değer olarak bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Hocaoğlu (2013), Türkiye'nin dört farklı ilinde (Denizli, Kahramanmaraş, Konya ve Edirne) elde edilen 49 farklı yerel ekmeklik buğday genotipi ve yedi standart genotip ekmeklik buğdayda bazı verim ve verim özelliklerini incelemiştir. Bazı yerel ekmeklik buğdayların bitki boyu, biyolojik verim, başaktaki başakçık sayısı, protein ve başak uzunluğu yüzdesi yönünden bazı çeşitleri geçtiğini ifade ederken; hasat indeksi, başaktaki tane ağırlığı, 1000 tane ağırlığı, verim ve başaktaki tane verimi unsurlarında incelenen standart çeşitlerden daha düşük performans gösterdiklerini ifade etmiştir.

Doğan ve ark. (2014), 15 adet tescilli hekzaploid buğday genotipi kullanarak bu çeşitlerin bitki boyu, başak uzunluğu, biyolojik verim, tane verimi, başaktaki tane sayısı, 1000 tane ağırlığı ve hasat indeksi özelliklerini incelemişler ve ölçüm değerlerini saptamışlardır. Çalışılan bölge koşullarında en az tane verimini Bayraktar genotipi ile birinci yıl 210.8 da/kg; ikinci yılda ise 212.7 kg/da olarak elde etmişlerdir. En yüksek tane verimini ise birinci yıl Tosunbey genotipi ile 430.5 kg/da, ikinci yıl da 448.8 kg/da ile yine aynı genotipte elde edildiğini bildirmişlerdir.

Yıldırım ve ark. (2014), 7 farklı genotip (Adana, Ceyhan, Dariel, Genç, Golia, Pehlivan ve Seyhan) ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) 7x7 resiproksuz melezleme ile bitki boyu, tane verimi ve verim unsurlarını saptamak amacıyla yapılan çalışmada, buğdayda bitki boyu, tane verimi ve verim unsurları açısından genel kombinasyon yeteneği ve özel kombinasyon yeteneği unsurlarını belirlenmeye çalışmışlardır. Bitki başına fertile kardeş sayısı, başak uzunluğu, başaktaki tane sayısı, başaktaki başakçık sayısı ve bin tane ağırlığı özellikleri çalışılan verim unsurları olarak belirlenmişlerdir. Varyans analiz sonucuna göre, genel uyum yeteneği (GUY) ve özel uyum yeteneği (ÖUY) etkileri önemli olarak bulduklarını ifade etmişlerdir. Bin tane ağırlığı özelliği hariç, GUY / ÖUY oranı incelenen tüm özelliklerin eklemeli gen tesiri altında olduğunu ortaya koymuşlardır. Genel uyum yeteneği (GUY) etkilerine göre, Pehlivan ve Golia en iyi uyuma kabiliyetine sahip ebeveynler olarak belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda elde edilen verilerin bitki ıslahçıların ıslah programları geliştirmede kullanabileceklerini ifade etmişlerdir.

Kutlu ve ark. (2015), Flamura-85, Krasunia, Bezostaja-1, Pehlivan ve Sana ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşitleri ve bunların resiproksuz melez döllerinde, bazı verim karakterlerinin kalıtımında etkili olan genetik parametreler ile F₂ ve F₃ populasyonlarda ortaya çıkan özelliklerin belirlenmesini amaçlamışlardır. Çalışmalarında başakçık sayısı, başak uzunluğu, başakta tane ağırlığı, başakta tane sayısı, başak yoğunluğu, başak hasat indeksi ve parsel verimi özellikleri araştırmışlardır. Araştırılan özelliklerin kalıtımında eklemeli gen etkisinin yanında eklemeli olmayan gen etkilerini de saptamışlardır. İncelenen tüm özellikler için üstün dominantlık saptamışken, dar anlamda kalıtım derecelerinin düşük değerlerde belirlenmesi nedeniyle seleksiyonun ileri generasyonlarda bırakılmasının faydalı olacağını ifade etmişlerdir.

Yazıcı (2015), 7 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genotipinin yarım diallel melez F₂ döllerinde genel kombinasyon yeteneği ile özel kombinasyon yeteneği, heterosis değerlerinin kalite ve bazı agronomik özellikleri açısından araştırılmasını hedeflemiştir. İncelenen özellikler için Genel Kombinasyon Yeteneği (GKY) istatistiki olarak önemli bulmuştur. Özel Kombinasyon Yeteneği (ÖKY) etkileri ise gluten/sedim oranı ve başak uzunluğu hariç diğer araştırılan özellikler için önemli bulmuştur. Başakta tane ağırlığı bakımından, ebeveyn ortalamasına göre kombinasyonların heterosis değerleri % -16.66 ile % 40.21 arasında değişik değerler aldığını ve genel ortalama heterosis değeri olarak % 11.64 bulunduğunu rapor etmiştir. Çalışmada bitki boyu bakımından, ebeveyn ortalamasına göre kombinasyonların heterosis değerleri % -4.51 ile 17.43 arasında tespit etmiş ve genel ortalama heterosis değeri ise % 7.51 olarak bildirmiştir. Başak uzunluğu bakımından heterosis değerlerini ise % -8.92 ile 20.77 arasında belirlemiş ve genel ortalama heterosis değeri ise % 1.17 olarak hesaplamıştır. Başakta tane sayısı bakımından, ebeveyn ortalamasına göre tüm melezlerin genel ortalamasını % 8.90 olarak hesapladığını ifade etmiştir.

Güngör ve ark. (2016), 6 makarnalık buğday genotipi ve bu genotiplerin 15 F₁ melezlerini içeren 6x6 resiproksuz melez popülasyonunda, tane renk özellikleri bakımından; genetik yapıyı, genotiplerin genel uyum yeteneğini (GUY) ve özel uyum yeteneğini (ÖUY), melezlerin heterosis değerini ve heterobeltosis değerini araştırmak amacıyla gerçekleştirmişlerdir. Çalışma sonucunda, incelenen özelliklerden b (sarı renk) değeri için ise hem eklemeli ve hem de dominant, a (kırmızı renk) değeri için dominant, L (parlaklık) değeri için eklemeli gen etkilerinin önemli olduğu saptamışlardır. GUY ve ÖUY unsurlarının araştırılan tüm özelliklerde önemli bulunduğu ifade etmişlerdir. Cesare

x Saragolla (% 3.28 ve 0.48) ile Cesare x Ecem (% 2.9 ve 2.03) kombinasyonlarında sarı tane rengi için en yüksek heterosis ve heterobeltiosis değerleri belirleniler, mor tane renkli B27 genotipi ile elde edilen melez kombinasyonlarda mor renk en düşük heterosis ve heterobeltiosis değerleri (% -19.9 ve -48.06) B27xZenit kombinasyonunda belirlendiğini ifade etmişlerdir.

Çelik (2016), 2014-2015 ve 2015-2016 yetiştirme yıllarında Kahramanmaraş ilinde 6 adet makarnalık buğday genotipini (Zenit, Saragolla, Cesare, Ecem, Ege-88 ve B27) 6x6 resiproksuz olarak melezlenmiş ve 15 F₁ melezi elde etmiştir. Melez kombinasyonlarında bazı fenolojik (ekim olgunlaşma süresi (EOS), vejetatif periyod (VP) ve tane dolum periyodu (TDP) ve tarımsal (tane verimi (TV), başaktaki tane sayısı (BTS), bitki boyu (BB), başaktaki tane ağırlığı (BTA) ve bin tane ağırlığı (BinTA)) özellikleri incelemiştir. Araştırmada genel uyum yeteneği (GUY) ve özel uyum yeteneği (ÖUY) (BinTA hariç) bakımından istatistiki olarak önemli bulmuştur. Çalışmada incelenen özelliklerin GUY/ÖUY oranı 1'den büyük olduğu için (BinTA özelliği hariç) eklemeli gen etkisinin üstün olduğunu saptamıştır. Tane verimi açısından anaçların ortalaması 402.28 kg/da, F₁ melezlerinin ortalaması 541.75 kg/da olurken, deneme ortalaması ise 501.90 kg/da olarak bulunduğunu rapor etmiştir. Tane veriminde en düşük heretoris ve heterobeltiosis değerleri B27 ebeveyninin kullanıldığı melez kombinasyonlarında elde etmişken, en yüksek değerleri ise Zenit anacının kullanıldığı melez kombinasyonlarından elde etmiştir. Tane verimi açısından ortalama heterosis değeri % 34.29 olarak hesaplanmışken, heterobeltiosis değeri olarak ise % 18.24 tespit etmiştir. Melezlerden elde edilen en yüksek heterosis değeri ve heterobeltiosis değerleri Cesare x Zenit ve Ege-88 x Ecem melez kombinasyonlarından sırasıyla % 83.88 ve 71.56 olarak elde etmiştir.

Kara ve ark. (2016), Kahramanmaraş ekolojik koşullarında 2012-2013 ve 2013-2014 yetiştirme dönemlerinde üç tekerrürlü olarak tesadüf blokları deneme desenine göre 17 çeşit hekzaploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) verim ve bazı verim unsurlarını belirlemek amacıyla yapmışlardır. Çalışma sonucunda incelenen özellikler dikkate alınarak yapılan değerlendirmelerinde her iki vejetasyon yılında da iyi performans gösteren Meta-2002, Basribey-95 ve Kaşifbey-98 çeşitlerinin, Kahramanmaraş bölgesinde ekmeklik buğday yetiştiriciliği için tavsiye edilebilecek çeşitler olarak ifade etmişlerdir.

Afradi ve ark. (2017), 6 buğday genotipi ve bu genotiplerin resiproksuz melezlenmesiyle elde edilen F₁ ve F₂ populasyonunda verim ve bazı verim unsurları araştırmışlardır. Her iki generasyonda da araştırılan özelliklerin büyük bir bölümünde

eklemeli gen varyansı (D) ve dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) istatistiki olarak önemli olarak bulunmuştur. Eklemeli gen etkisi F_1 generasyonunda bitki boyu ve başaklanma süresi özelliği için önemli olarak bulunmuş iken, F_2 generasyonunda tek bitki tane verimi ve kardeşlenme sayısı özelliği için önemli olarak bulunduğunu rapor etmişlerdir.

Güngör ve ark. (2018), 2016-2017 yetiştirme döneminde Kırklareli / Lüleburgaz şartlarında, 8 ekmeklik buğday genotipi ve bu anaçlardan elde edilen 28 F_3 melezinde; genetik yapıyı, genel ve özel uyum yeteneği (GUY, ÖUY) ve bazı verim unsurlarını araştırmışlardır. Çalışmalarını tesadüf blokları deneme desenine göre 4 tekrarlı olarak yürütmüşlerdir. İncelenen bütün özelliklerde varyans analizine göre önemli farklılıklar tespit etmişler ve araştırılan özelliklerin tamamında dominant gen etkisinin hâkim olduğunu saptamışlardır. İncelenen özelliklerin tamamında, dar anlamda kalıtım derecesini düşük olarak bulduklarını ve GUY ile ÖUY etkilerini önemli olarak saptadıklarını rapor etmişlerdir.

Güngör ve Dumlupınar (2019), 2016-2017 ve 2017-2018 yetiştirme yıllarında Bolu şartlarında 18 ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşidinde verim ve bazı verim unsurları (Bitki boyu, başaklanma süresi, başak uzunluğu, başakta başakçık sayısı, başakta tane sayısı, başakta tane ağırlığı, bin tane ağırlığı, hektolitreye ağırlığı, protein oranı, yaş gluten oranı ve tane verimi) ile kalite özelliklerini belirlemek amacıyla çalışmalarını yapmışlardır. İncelenen tüm özellikleri istatiki olarak önemli bulmuşlardır. Araştırma sonuçlarına göre, en yüksek tane verimini Lucilla, Rumeli ve Aslı çeşitlerinden elde etmişlerdir.

Güngör (2019), 2015-2016 ve 2016-2017 vejetasyon döneminde 12 çeşit makarnalık buğday (Güney Yıldızı, Sarı Başak, Sarıçanak 98, Zenit, Burgos, Saragolla, Cesare, Zühre, Levante, Ecem, Svevo, Dumlupınar), bir eski çeşit (Kundur-1149) ve bir yerel çeşit (Karakılçık) olmak üzere toplam 14 buğday genotipi üzerine allel varyasyonlarını ve agronomik özelliklerini belirlemek için çalışmasını tesadüf blokları deneme desenine göre 4 tekerrürlü olarak gerçekleştirmiştir. 14 genotipin allellik durumlarını belirlemek için 11 DNA makörü kullanmıştır. İki yıl sonunda elde edilen verilere göre; en fazla tane verimini sırasıyla Cesare 5568 kg/ha, Burgos 5080 kg/ha ve Svevo 5027 kg/ha genotiplerinden elde etmiştir. Protein oranlarının değeri % 10 ve % 14.8 arasında değiştiğini ifade etmiş ve en yüksek protein oranına sahip genotiplerin Cesare ve Karakılçık olduğunu bildirmiştir. Ayrıca 11 spesifik DNA markör ile 20 lokus bölgesini

taramış ve markör başına 1.8 allel tespit etmiştir. Ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) % 72.5 olarak saptamıştır.

Uysal (2019), 59 buğday (55 ekmeklik ve 4 makarnalık) genotipini allellere özel 14 SSR primeri ile taranmıştır. Araştırma sonuçlarına göre, yüksek protein Gpc-B19 (UHW89 primeri) 59 genotipte, kahverengi pas Lr34 alleli (XGWM130 primeri) 16 genotipte, fusaryum başak yanıklığına dayanıklılık alleli (XGWM129 primeri) dört genotipte, Sarı pasa dayanıklılık allelleri Yr15 (XGWM18 primeri) 17 genotipte, Yr45 (XGWM47 primeri) 17 genotipte, Kara pasa dayanıklılık alleli Sr49 (SUN479 ve SUN 209 primeri) sırasıyla 19 ve 33 genotipte istenilen bant uzunluğunu elde etmiştir. 14 markör toplam 68 adet allel ürettiğini saptamış, bunlardan 67 tanesi polimorfik bant üretirken, 1 tanesi ise monomorfik olarak bildirmiştir. Ortalama allel sayısı ise 4.78 olarak tespit etmiş ve ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) 0.57 olarak saptamıştır.

Koçyiğit (2019), B35 genotipi ve Seri-82 çeşidinin melezlenmesiyle elde edilen 6 adet F4 bitkisi ve ebeveynlerini kullanmıştır. Araştırmada kullanılan 8 adet ekmeklik buğday genotipinde, 16 adet DNA markörü kullanarak taramalar yapmış ve sonucunda 182 adet polimorfik bant elde etmiştir. Çalışmada kullanılan ekmeklik buğday genotiplerinde, Bx7OE (Gluten mukavemeti), VRN1 (Vernalizasyon Vrn-A1), BF-WR1 (Cücelik (Uzun) Rht-B1a), DF- MR2 (Cücelik (Kısa) Rht-D1b), UHW89 (Yüksek protein Gpc-B1), Pina (Dane sertliği) ve Sun1(Waxy(Wx-A1)) primerlerinde istenilen bç uzunluğunda bant elde edememiş, Sun104 (Sarı pas Yr51) primerinde 2 genotipde sarı pasa dayanıklılık geni, Sun479 (Kara pas Sr49) primerinde 6 genotipde kara pas hastalığına dayanıklılık geni, Sun209 (Kara pas Sr49) primerinde 2 genotipde kara pasa dayanıklılık geni, BF-MR1(Cücelik (Kısa) Rht- B1b) primerinde 6 genotipde cücelik (Kısa) geni, DF2-WR2(Cücelik(Uzun) Rht-D1a) primerinde 4 genotipde cücelik (Uzun) geni, WMS261 (Cücelik (Rht8)) primerinde 4 genotipde cücelik geni, NOR (Çavdar Translokasyonları) primerinde 3 genotipde çavdar translokasyonları geni tespit etmiştir. Ayrıca, RIS (Çavdar Translokasyonları) ve SCM9 (Çavdar Translokasyonları) primerlerinde is 8 adet ekmeklik buğday genotipinin tamamında çavdar translokasyonu geni tespit ettiğini bildirmiştir.

Dumlupınar ve ark. (2020), 2012-2013 vejetasyon döneminde makarnalık buğday B28 ve Kunduru-1149 anaçları ve bu anaçlardan elde edilen 13 F₅ melezini 10 adet fonksiyonel DNA markörleri ile taramışlardır. Çalışmalarında, Gluten mukavemeti (Bx7^{OE}), sarı pas (Sun104, Xgwm18, Xwgp115 ve Xgwm47), kahverengi pas (Sun209 ve Sun479), yüksek protein oranı (UHW89), küllenme (Xgwm66) ve yaprak pası

(Xgwm130) markörlerini kullanmışlardır. Ortalama polimorfizm bilgi içeriğini (PIC) 0.98 olarak hesaplamışlardır. En düşük PIC değerini Xwgp115 maköründen 0.96 olarak elde etmişken, geri kalan diğer markörlerin PIC değerini ise 0.99 olarak hesaplamışlardır.

Güngör ve ark. (2020), 2017-2018 vejetasyon döneminde Kırklareli / Lüleburgaz şartlarında sekiz ekmeklik buğday genotipi (Midas, As-14, Rumeli, Esperia, G1-14, Krasunia odes'ka, Masaccio ve Lucilla) ve bu anaçların 8x8 yarım diallel melezlenmesiyle elde edilen 28 adet F_4 melezinde, sulanan ve yağmura dayalı şartlar altında tane verimi açısından heterotik etkilerini ve kuraklığa toleranslarını belirlemek amacıyla yapmışlardır. Çalışmalarını tesadüf blokları deneme desenine göre 4 tekerrürlü olarak gerçekleştirmişlerdir. Çalışma sonucunda, tane verimi açısından sulanan şartlarda negatif, yağmura dayalı şartlarda ise pozitif heterosis ve heterobeltiosis değeri saptamışlardır. Kuraklığa direnç göstergelerinden kuraklığa tolerans etkinliği % 62.39 ile 83.11 aralığında bulmuşlarken, kuraklığa duyarlılık indeksi 0.624 ile 1.390 arasında değiştiğini ifade etmişlerdir. Rumeli×Lucilla, Midas×As-14, Midas×Lucilla, G1-14×Masaccio ve Masaccio×Lucilla melezlerine ait F_4 döl kuşağı popülasyonlarının, ümitvar popülasyonlar olarak öne çıktığını ifade etmişlerdir.

3. MATERYAL METOT

3.1. Materyal

Araştırmada, Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Bitki Genetik Kaynakları bünyesindeki Ulusal Tohum Gen Bankası'ndan Türkiye'nin farklı illerine ait 76 adet yerel ekmeklik buğday genotipi ile 10 adet kışlık ve 10 adet yazlık ticari ekmeklik buğday çeşidi kullanılmıştır (Çizelge 3.1.).

Çizelge 3.1. Araştırmada kullanılan yerel buğday genotipler ve ticari çeşitler

<i>Genotip</i>	<i>Menşei İl</i>	<i>Yöresel Adı veya ID</i>	<i>Türü ve Alt Türü</i>
130	Nevşehir	Yumuşak	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
161	Konya	Ak	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
183	Konya	Kırmızı Bolvadin	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
270	Sivas	Zeran	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
279	Sivas	Kırmızı Topbaş	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
286	Sivas	Kırık Guruk	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
400	Antalya	Kaymakam	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
468	Balıkesir	Kızılca	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
556	Eskişehir	Kızılca	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
624	Afyon	Ak	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
672	Bayburt	Kirik	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
706	Erzincan	Yumuşak	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
878	Antalya	Gokala	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
884	Antalya	Yumuşak	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1058	Mersin	Kırım	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1079	Ankara	3879	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1080	Erzincan	3880	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1086	Konya	3889	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1160	Ağrı	4086	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1224	Ankara	4234	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1232	Sivas	4247	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1238	Konya	4256	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1306	Bayburt	3934	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1322	Ankara	4109	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1325	Konya	4115	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1326	Konya	4118	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1342	Konya	4265	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1381	K.Maraş	Alibayır	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1392	Elazığ	Çankırı	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1615	Ağrı	Kırık	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
1635	Denizli	4458	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3659	Zonguldak	5388	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>

Çizelge 3.1. (Devam) Araştırmada kullanılan yerel genotipler ve ticari çeşitler

Genotip	Menşei İl	Yöresel Adı veya ID	Türü ve Alt Türü
2115	Erzurum	B-927	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2190	Erzurum	B-1008	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2542	K.Maraş	Beyaz Tır	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2675	Bitlis	79TK034-1005	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2693	Bitlis	79TK040-1013	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2700	Van	79TK042-263A	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2714	Van	79TK048-1025	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2715	Van	79TK049-291	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2738	Van	79TK052-294	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2742	Van	79TK52-1049	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2872	Kars	79TK098-517-10	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2897	Kars	79TK104-549	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2946	Erzurum	79TK112-1068B	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2959	Erzurum	79TK113-1079	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2960	Erzurum	79TK113-1080	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2976	Erzurum	79TK116-1094	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2985	Erzurum	79TK121-629-1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
2999	Gümüşhane	79TK123-651A	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3042	Sivas	79TK130-684A	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3050	Sivas	79TK131-704A	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3070	Yozgat	79TK134-728B	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3088	Erzincan	79TK125-1108	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3241	Ağrı	84TK602-002.0	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3247	Erzurum	84TK617-001.0	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3250	Erzurum	84TK624-004.0	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3295	Hakkari	TU85-027-01-1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3304	Van	TU85-032-03	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3309	Van	TU85-033-02-2	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3334	Hakkari	TU85-048-03-1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3359	Muş	Bahare	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3377	Bitlis	TU85-078-03-1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3384	Ağrı	TU85-088-01-4	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3387	Ağrı	TU85-088-01-7	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3414	Hakkari	TU86-07-01-1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3432	Siirt	TU86-14-04-3	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3453	Hakkari	TU86-33-01	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3454	Hakkari	TU86-33-02	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3455	Hakkari	TU86-35-01	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3457	Hakkari	Poize	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3469	Hakkari	TU86-42-01-5	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3652	Tekirdağ	5415	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3477	Hakkari	TU86-44-02-2	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
3524	Elazığ	Menceki	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>

Çizelge 3.1. (Devam) Araştırmada kullanılan yerel genotipler ve ticari çeşitler

Genotip	Menşei İl	Yöresel Adı veya ID	Türü ve Alt Türü
3541	Hatay	84TK060-160.1	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Konya-2002	Bahri Dağdaş Uluslararası Tar. Araş. Ens. M.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Selimiye	Trakya Tarımsal Araştırma Ens.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Bayraktar 2000	Tarla Bitkileri Merkez Arş.Enst. Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Tosunbey	Tarla Bitkileri Merkez Arş.Enst. Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Flamura 85	Tareks Tar.Ür. A. G. İth.İhr.Tic.A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Rumeli	Trakya Tarım ve Vet Tic. Ltd.Şti.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Krasunia odes'ka	Marmara Tohum Geliştirme A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Sönmez 2001	Geçit Kuşağı Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Esperia	Tasaco Tarım Sanayi ve Tic.Ltd.Şti.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Lucilla	ProGen Tohum A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Seri 2013	Doğu Akdeniz Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Cemre	GAP Uluslar arası Tarımsal Araş. Ve eğitim Merk. Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Sagittario	Tasaco Tarım Sanayi ve Tic.Ltd.Şti.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Dariel	Hazera Tohumculuk ve Tic. A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Osmaniyem	Doğu Akdeniz Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Karatopak	Doğu Akdeniz Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Ceyhan-99	Doğu Akdeniz Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Vittorio	Progen Tohum A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Masaccio	Progen Tohum A.Ş.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>
Adana-99	Doğu Akdeniz Tarımsal Arş.Enst.Müd.	Ticari Çeşit	<i>T.aestivum</i> subsp. <i>aestivum</i>

3.1.1. Deneme yeri ve yılı

Araştırmanın tarla denemeleri Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi deneme alanı olarak kullanılan Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsünde 2016-2017, 2018-2019 ve 2019-2020 ürün yetiştirme sezonlarında yürütülmüştür. Araştırmanın laboratuvar çalışmaları ise 2017-2018 yıllarında KSÜ Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji laboratuvarında yürütülmüştür.

3.1.2. Deneme yerinin iklim özellikleri

Denemenin gerçekleştirildiği Kahramanmaraş ili Türkiye'nin Doğu-Akdeniz Bölgesinde 37° 38' kuzey paralelleri ve 36° 37' doğu meridyenleri arasında bulunmakta olup, rakımı ortalama olarak 568 metredir. Kahramanmaraş yöresinde Akdeniz iklimi etkili olup, gece-gündüz arası sıcaklık farkı düşükken, mevsimler arası sıcaklık farkı ise yüksektir. Kışları genellikle itibariyle ılık ve yağışlı, yazları ise sıcak ve kuraktır. Kahramanmaraş iline ait 2016-2017, 2018-2019, 2019-2020 ve uzun yıllara ait iklim verileri Çizelge 3.2'de verilmiştir (Anonim, 2017, 2019, 2020).

Çizelge 3.2. Deneme yılları ve uzun yıllar ortalamasına ait bazı iklim verileri

Aylar	Yağış (mm)			Sıcaklık (°C)			Nispi Nem (%)		
	2016-17	2019-20	Uzun	2016-17	2019-20	Uzun	2016-17	2019-20	Uzun
			Yıllar			Yıllar			Yıllar
Kasım	36.80	39.10	72.28	11.10	13.50	12.06	49.50	29.20	60.49
Aralık	105.00	198.50	131.88	4.50	8.40	7.31	67.90	61.80	67.15
Ocak	126.70	88.00	112.15	3.80	6.30	5.42	65.90	47.40	69.13
Şubat	3.70	72.70	106.58	7.40	6.10	7.62	44.00	43.20	66.01
Mart	74.50	173.40	97.74	12.20	12.50	12.00	55.40	40.00	59.65
Nisan	67.80	61.80	58.56	15.80	15.90	16.25	49.00	29.50	55.70
Mayıs	105.00	18.50	39.66	19.60	21.60	20.41	55.00	23.70	53.47
Haziran	3.10	4.10	6.71	26.40	25.00	25.99	42.90	22.20	49.45
Toplam	522.60	492.10	625.56	100.8	109.5	107.06	429.6	479.5	481.05
Ort.	65.32	82.01	78.19	12.60	13.66	13.38	53.70	37.12	60.13

3.1.3. Deneme yerinin toprak özellikleri

Denemenin gerçekleştirildiği Kahramanmaraş Doğu Akdeniz Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü deneme alanı arazisinden alınan toprak örneklerinin fiziksel ve kimyasal analizleri, Araştırma Enstitüsü bünyesindeki laboratuvarında yapılmıştır (Anonim., 2011). Yapılan toprak analizlerine göre; deneme topraklarının fiziksel ve kimyasal yapısı, Çizelge 3.3'te verilmiştir.

Çizelge 3.3. Deneme alanı topraklarının bazı fiziksel ve kimyasal özellikleri.

Özellikler	2016-2017	2016-2017	2019-2020	2019-2020
Saturasyon (Su) %	-	Killi-Tınlı	58	Killi-Tınlı
pH	7.52	Hafif Alkali	7.75	Hafif Alkali
EC dS.m⁻¹	1.63	Tuzsuz	0.42	Tuzsuz
CaCO₃ %	15.71	Fazla Kireçli	20.3	Fazla Kireçli
Organik Madde %	0.65	Az	0.57	Çok Az
P₂O₅ kg/da	12.52	Az	3.38	Az
K₂O kg/da	167.5	Orta	47.96	Yüksek
Ca (ppm)	4427.5	İyi	10671	İyi
Mg (ppm)	1570	İyi	574	İyi
Cu (ppm)	0.32	Yeterli	2.16	Yeterli
Fe (ppm)	0.99	İyi	5.93	İyi
Mn (ppm)	-	Çok Az	7.52	Az
Zn (ppm)	0.09	Az	0.92	Yeterli

3.2. Metot

3.2.1. Tarla denemesi

3.2.1.1. Ekim ve kültürel işlemler

Araştırmanın ilk yılında (2016-2017) 1 m uzunluğunda 20 cm ara ile 4 sıralı 76 adet yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 adet standart çeşidin 4 tekerrürlü olarak 20.01.2017 tarihinde ekimi gerçekleştirilmiştir. Birinci yılsonunda elde edilen üstün fenotipik değerlere sahip ve moleküler analizler neticesinde genetik olarak birbirlerine uzak akrabalık içerisinde olan 6 genotip seçilmiştir (Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635 ve 2115). Çalışmanın ikinci yılında (2018-2019), seçilen bu genotiplerin ekimleri 23.01.2019 ve 05.02.2019 olmak üzere iki farklı tarihte yapılmıştır. Seçilen bu genotiplerin emaskülasyonları 14.05.2019 tarihinde, 6x6 yarım diallel melezlenmeleri ise 16.05.2019 tarihinde yapılmıştır. Çalışmanın üçüncü yılında (2019-2020) ise, ikinci yıl elde edilen F₁ tohumları ve ebeveynleri ile beraber 1 m uzunluğunda ve 20 cm sıra aralığında 2 sıralı tesadüf blokları deneme planına göre 3 tekerrürlü olarak 22.12.2019 tarihinde ekilmiştir. Ekimle birlikte 8 kg/da fosfor (P₂O₅) ve 8 kg/da net azot (N) 20-20-0, üst gübre olarak % 33 amonyum nitrat gübresinden (NH₄NO₃) 10 kg/da N olacak şekilde kompoze gübre deneme alanına uygulanmıştır. Yabancı ot mücadelesi kardeşlenme döneminde kimyasal yöntemle ilk yıl, 28.03.2017 ikinci yıl 25.03.2019 ve üçüncü yıl ise 10.03.2020 tarihinde yapılmış ve deneme yağmura bağımlı olarak yürütülmüştür. Hasat ilk yıl 05.07.2017, ikinci yıl 07.06.2019 ve üçüncü yıl ise 13.05.2020 tarihinde elle yapılmıştır.

3.2.1.2. Morfolojik ve fizyolojik gözlemler

Araştırmada Sade (1999), Dokuyucu ve ark., (2004a) ve Dokuyucu ve ark., (2004b), esas alınarak aşağıdaki verim ve verim unsurları incelenmiştir.

3.2.1.2.1. Başaklanma süresi (gün)

Ekimden itibaren her bir sıradaki bitkilerin % 75'i başaklanıncaya kadar geçen süre hesaplanarak belirlenmiştir.

3.2.1.2.2. Tane dolum periyodu (gün)

Başaklanmadan olgunlaşma tarihine kadar geçen süre hesaplanarak belirlenmiştir.

3.2.1.2.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün)

Ekimden her bir sıradaki bitkilerin % 75'i olgunlaşmaya kadar geçen süre hesaplanarak belirlenmiştir.

3.2.1.2.4. Bitki boyu (cm)

Her sıradan 5 bitkinin ana sapında toprak seviyesiyle başak ucu (kılçık dahil) arasındaki mesafe ölçülerek cm cinsinden belirlenmiştir.

3.2.1.2.5. Başak uzunluğu (cm)

Bitki boyu ölçülen bitkilerde ayrıca başak uzunluğu da ölçülmüştür.

3.2.1.2.6. Başaktaki tane sayısı (adet)

Hasattan önce her parselden ana saplardan olmak üzere 5 başak alınarak ve tanelerinin sayılmasıdır.

3.2.1.2.7. Başaktaki tane ağırlığı (gram)

Başaktaki tane sayısı belirlenen örneklerin tartılarak gram cinsinden bulunmasıdır.

3.2.1.2.8. Bin tane ağırlığı (gram)

Parsel ürünlerinden 4 kez 100 tane sayılıp, ortalaması alınıp, 1000 tane ağırlığına gram cinsinden çevrilmiştir.

3.2.1.2.9. Tek bitki tane verimi (gram)

Her tekerrürde hasat ve harman edilen bitkilerden elde edilen tohumlara ana sap başağındaki tohumlarda ilave edilip, tartılıp ortalaması alınarak gram cinsinden hesaplanmasıdır (Ekse ve Demir, 1985).

3.2.1.2.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)

Bayrak Yaprak Klorofil içeriği, yapraktaki klorofil miktarını dolaylı olarak ölçen, taşınabilir klorofil metre cihazı (Minolta SPAD-502, Osaka, Japan) ile yapıldı. Ölçümler başaklanma (GS 55) ve erken hamur olum (GS 80) dönemlerinde olmak üzere parselde rastgele seçilen beş bitkinin ana sap bayrak yaprağında öğleden sonra (11:00-15:00) açık havada yapıldı. Cihazdan okunan değerler SPAD değeri olarak ifade edildi (Yıldırım ve ark., 2009).

3.2.1.2.11. Yatma (Skala)

Her bir yerel genotip ve 20 standart çeşitte yatmaya dayanıklılıkları, 1-9 skalasına göre belirlenmiştir. Buna göre; 1- yatma yok, 3- düşük, 5- orta, 7- yüksek ve 9- çok yüksek olarak değerlendirilmiştir.

3.2.2. Moleküler analizler

3.2.2.1. Yaprak örneklerinin alınması

Tarlaya ekilen buğday çeşitleri 2 yapraklı dönemde iken yaprak örnekleri toplanarak 2.ml'lik eppendorf tüplere konularak DNA izolasyonu gerçekleştirinceye kadar -80 °C de muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonu cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) metoduna göre Oliver ve ark. (2010)'a göre yapılmıştır.

3.2.2.2. DNA izolasyonu

1. Ekmeklik buğday çeşitlerine ait örnekler -80 °C de bekletilmiş ve sıvı azot içinde steril çubuk yardımıyla 2 ml'lik eppendorf tüplerde parçalanarak öğütülmüştür.
2. Eppendorf tüplerde öğütülmüş olan yaprakların üzerine 1 ml izolasyon solüsyonu (1 M Tris-HCl (pH:8), 0,5 M EDTA (pH:8), 5M NaCl, %2 w/vc cTAB, %2 Polyvinylpyrrolidone 40, % 5 sarcosyl) eklenerek 65°C de 1 saat su banyosunda bekletilmiştir (20 dakikada bir alt üst edilerek).
3. Su banyosundan alınan örneklerin üzerine çeker ocakta 1 ml kloroform: izoamil alkol (24:1) eklenerek 30 dk karanlıkta alt üst edilerek karıştırılmıştır.
4. 20 dk. 10000 rpm de santrifüj işlemi gerçekleştirilmiştir.
5. Santrifüj sonucunda üstte kalan saydam sıvı pipet yardımıyla boş steril tüplere aktarıldı, daha sonra üzerlerine 1'er ml -20°C de beklettiğimiz isopropanol eklenmiş ve yavaş yavaş alt üst edilmiştir.
6. 30 dk 10000 rpm de santrifüj işlemi gerçekleştirilmiştir.
7. Pelete zarar vermeden süpernatant tüplerden uzaklaştırılmıştır.
8. Tüpte kalan pelletler üzerine 2 ml %70 EtOH eklenerek 2 dk 13000 rpm de santrifüj edilerek yıkandı ve tüp içindeki % 70 EtOH pellete zarar vermeden dökülmüştür.
9. Peletler kuruduktan sonra 10 mM TrisHCl (pH 8.0) ve RNase (RNA'ları yok etmek için) eklenerek çözünmeleri gerçekleştirilmiştir.

10. Elde edilen DNA'ların miktarları ve kaliteleri Nanodrop cihazında ölçülmüş ve sonuçlar Çizelge 3.4.'te verilmiştir.

Çizelge 3.4. 96 buğday genotipine ait DNA miktarları ve konsantrasyonları

<i>No</i>	<i>Genotip</i>	<i>ng/μl</i>	<i>260 / 280</i>
1	130	221	1.69
2	161	271.1	0.59
3	183	201.2	1.92
4	270	320	1.89
5	279	275.8	1.87
6	286	339.7	1.89
7	400	237.2	1.9
8	468	299.4	1.91
9	556	239.1	1.87
10	624	329.2	1.93
11	672	297.1	1.86
12	706	121.7	1.9
13	878	431.5	1.89
14	884	253	1.87
15	1058	358.8	1.92
16	1079	491.1	1.95
17	1080	182.3	1.92
18	1086	372.5	1.92
19	1160	338.8	1.91
20	1224	357.8	1.92
21	1232	373.8	1.92
22	1238	272.5	1.91
23	1306	205.8	1.93
24	1322	207.7	1.92
25	1325	359.4	1.93
26	1326	250.9	1.86
27	1342	692.5	2.09
28	1381	418.1	2.06
29	1392	285.2	0.16
30	1615	282.3	2.04
31	1635	343.1	1.94
32	3659	263.1	1.89
33	2115	284.1	1.94
34	2190	260	1.91
35	2542	313	1.91
36	2675	321.7	1.91
37	2693	362.5	1.06
38	2700	473	1.24
39	2714	330.6	1.29
40	2715	305.4	1.94
41	2738	290.8	1.15
42	2742	249.2	1.27
43	2872	298.3	1.23

Çizelge 3.4. Devamı

No	Genotip	ng/µl	260 / 280
44	2897	237.5	1.89
45	2946	217.1	1.91
46	2959	412.2	1.92
47	2960	308	1.93
48	2976	290.6	1.93
49	2985	290.8	1.92
50	2999	332.7	1.91
51	3042	349.5	1.91
52	3050	288.2	1.9
53	3070	237.2	1.9
54	3088	324.6	1.91
55	3241	217.4	1.91
56	3247	229	1.93
57	3250	113.9	1.91
58	3295	229	1.87
59	3304	314.1	1.89
60	3309	94.9	1.92
61	3334	142.4	1.91
62	3359	316.7	1.9
63	3377	327.2	1.91
64	3384	885.2	1.97
65	3387	104	1.9
66	3414	261.3	1.88
67	3432	251.9	1.9
68	3453	247.5	1.93
69	3454	76.4	1.92
70	3455	323.8	1.91
71	3457	287.5	1.88
72	3469	228.9	1.83
73	3652	422.4	1.92
74	3477	312.7	1.9
75	3524	231.9	1.87
76	3541	392.4	1.89
77	Konya-2002	212.1	1.89
78	Selimiye	207	1.91
79	Bayraktar-2000	97.1	1.88
80	Tosunbey	327.6	1.91
81	Flamura 85	418.5	1.93
82	Rumeli	309.8	1.91
83	Krasunia odes'ka	229.4	1.9
84	Sönmez-2001	224.9	1.87
85	Esperia	275.5	1.9
86	Lucilla	175.8	1.89
87	Seri-2013	222.9	1.9
88	Cemre	188.3	1.95
89	Sagittario	262.4	1.86

Çizelge 3.4. Devamı

No	Genotip	ng/μl	260 / 280
90	Dariel	110.9	1.93
91	Osmaniyem	261.6	1.91
92	Karatoprak	229.4	1.91
93	Ceyhan-99	220.5	1.89
94	Vittorio	249.9	1.91
95	Masaccio	349.6	1.94
96	Adana-99	180.2	1.91

3.2.3. DNA primerleri

Çalışmada 96 ekmeklik buğday çeşidinde kalite ile ilgili özelliklerin, bazı hastalık ve akrabalık derecelerinin belirlenilmesi için 7 adet allel spesifik DNA markörü kullanılmıştır. Kullanılan DNA markörleri Çizelge 3.5’te verilmiştir.

Çizelge 3.5. Moleküler karakterizasyonda kullanılan DNA primerleri

No	Primer Adı	Primer Dizisi (5'-3')	Gen Bölgesi	Referans	Beklenen Bant Uzunluğu (bp)	Marker
1	Bx7OE_F	CCTCAGCATGCAAACATGCAGC	Gluten	Butow ve ark., 2003	563	Eş-baskın
2	Bx7OE_R	CTGAAACCTTTGGCCAGTCATGTC	Mukavemeti			
2	sun104_F	TGCTATGTGCGTGATGATGA	Sarı pas Yr51	Randhawa ve ark., 2014	225	Baskın
2	sun104_R	TTACATGCTCCAGCGACTTG				
3	sun209_F	AG CTATGAGCTTCGCTATTG	Kara pas Sr49	Bansal ve ark., 2015	148	Eş-baskın
4	sun209_R	GTGATTGGTTCGGATTACTTA				
4	DF	CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG	Cücelik (Kısa)	Ellis ve ark., 2002	254	Baskın
5	MR2	CCCCATGGCCATCTCGAGCTGCTA	Rht-D1b			
5	NOR_F	GCATGTAGCGACTAACTCATC	Çavdar	Koebner, 1995	400, 600, 700, 800	Baskın
5	NOR_R	CCCAGTTTCCATGTCGC	Translokasyonları			
6	PinaD1_F	CCCTGTAGAGACAAAGCTAA	Dane Sertliği	Gautier ve ark., 1994	330	Baskın
6	PinaD2_R	TCACCAGTAATAGCCAATAGT	Pina			
7	Sun1_F	CGCTCCCTGAAGAGAGAAAGAA	Waxy	Sharoflou ve Sharp, 1999	Xsun-7A, 219, 233, 260, 271, 275, 285 ve 289	Eş-baskın
7	Sun1_R	ATAGGCACAACCCCTAAC	Wx-A1			

3.2.4. Polimeraz zincir reaksiyonları (PZR) ve Fragment analizleri

PZR işlemi; 96’lık PZR platelerine; 1 μl dNTP karışımı (2,5 mM karışım (A+T+G+C)), 2 μl 10x buffer, 0.1 μl MgCl₂, SSR primer çifti (5 μl F ve 5 μl R), 5 μl (60 ng) genomik DNA, 1.8 μl ddH₂O ve 0.1 μl DNA polimeraz (5U/μl, Fermentas) gelecek şekilde toplam 20 μl solüsyon hazırlandı.

PZR reaksiyonları (“ABI”) marka PZR cihazında; 94 °C’de 5 dakika çalıştıktan sonra 94 °C (DNA iplikçiklerinin ayrışması) 1 dakika, 55 °C (primerlerin yapışması (tavlama)) 1 dakika ve 72 °C (DNA eşleşmesi)’de 2 dakika çalışarak, ikinci 94°C ile 72°C arasında 40 döngü yapması sağlandı ve son aşamada 72 °C’de 10 dakika çalıştırılarak tamamlandı. Bitirilen PZR ürünleri kullanıma kadar -20 C° bekletildi.

PZR işleminden sonra elde edilen ürünler fragment analizi için kullanıldı. Analiz, Qiagen firmasına ait “QIAxcel Advanced System” fragment analiz cihazında yapılmış ve çeşitlere ait DNA bantları elde edilmiştir.

3.3. İstatistiksel Analizler

3.3.1. Moleküler verilerin değerlendirmesi

3.3.1.1. DNA bantlarının skorlanması

Çalışmada, okuma aralığını belirleyebilmek için çeşitlerin fragment analizi sonuçlarına bakılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre okuma aralığı 15 ile 5000 baz çifti arası seçilmiştir. Skorlama esnasında hassasiyet ± 4 baz çifti olarak kabul edilmiş ve alleller buna göre değerlendirilmiştir. Veri analizi yaptığımız çalışmalar, kullandığımız çeşitler arasındaki benzer yönleri ve bu çeşitlere ait alleller hakkında bizlere bilgi vermiştir. NTSYSpc 2.21q (Rohlf, 2005) programında Dice indeks (Dice, 1945) kullanılarak bu çeşitlerin birbirleriyle benzerlikleri hesaplanmıştır. Elde edilen çeşitlere ait DNA bantları “0” veya “1” olarak kodlanmış ve ikili (binary) veri matriksi oluşturulmuştur. Oluşturulan matriks yardımıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average) kullanılarak, çeşitlerin benzerliklerini gösteren dendrogram elde edilmiştir.

3.3.1.2. Polimorfizm bilgi içeriklerinin hesaplanması

Moleküler analizlerde kullanılacak her bir SSR markörü için polimorfizm bilgi içerikleri Weir (1996)’e göre aşağıda verilen formül ile hesaplanmıştır.

$$PIC=1-\sum P_i^2$$

P_i; araştırmada çalışılan 96 ekmeklik buğday genotipinde i’inci allelin frekansıdır.

3.3.1.3. Diallel melezleme ve F₁ melez tohumlarının elde edilmesi

6 ekmeklik buğday (Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635 ve 2115) genotipi arasında yarım diallel analiz yöntemi uyarınca, $P_x(P-1)/2$ adet melez kombinasyon (15 melez) ve kendilenen anaçlar, Çizelge 3.6'da verilmiştir. Böylece, gerekli olan F₁ tohumları ve anaçlara ilişkin kendilenmiş tohumlar elde edilmiştir.

Çizelge 3.6. 6x6 Yarım Diallel melezleme çizelgesi.

♀/♂	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115
Adana-99	s	x	x	x	x	x
Flamura-85		s	x	x	x	x
Masaccio			s	x	x	x
Lucilla				s	x	x
1635					s	x
2115						s

3.4. Verilerin Değerlendirilmesi

İncelemesi yapılan özelliklerden elde edilen verilerin istatistiksel hesaplamaları PRODIANc 1.0 (Efe, 1994), TARPOGEN (Özcan, 1999) ve JMP (Kalaycı, 2005) istatistik paket programları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu değerlendirmeler sırasıyla aşağıdaki gibi açıklanmıştır.

3.4.1. Tesadüf blokları ön varyans analizi

Bu diallel melezleme çalışmasından elde edilen fenotipik değerlerde, aşağıdaki istatistik modele uygun varyans analizi yapılmıştır. Anaçlar ve F₁ melez genotipleri arasındaki farklılığın önemliliği test edilmiştir.

$$X_{ij} = u + v_i + b_j + e_{ij}$$

Bu modelde: X_{ij} = j inci blokta i inci melezin fenotipik değeri u = populasyonun ortalama etkisi v_i = i inci ebevyin etkisi b_j = j inci blok etkisi e_{ij} = Hata varyansı, çevre varyansı olarak kabul edilir (Aksel ve Johnson, 1963). Tesadüf blokları deneme deseninin varyans analizini tanımlayan bu model Çizelge 3.7'deki varyasyon kaynaklarından oluşmaktadır (Steel ve Torrie, 1960).

Çizelge 3.7. Tesadüf Blokları Ön Varyans Analizinde, Varyasyon Kaynakları (V.K.), Serbestlik Dereceleri (S.D.) ile Kareler Ortalamaları ve Beklenen Değerleri.

Varyasyon kaynakları	Serbestlik dereceleri	Kareler ortalamaları	Kareler ort. 'nın beklenen değerleri
Bloklar	b-1	Mb	$\delta e^2 + v\delta b^2$
Genotipler	v-1	Mv	$\delta e^2 + b\delta v^2$
Hata	(b-1)(v-1)	Me	δe^2
Genel	(bv-1)		

Ön varyans analizi sonucunda F_1 ve ebeveynler arasındaki varyans, istatistiki olarak önemli çıkan özellikler için her blok için yapılacak diallel tablolar oluşturulmuş analiz edilmiştir (Hayman, 1954a; Aksel ve Johnson, 1963).

3.4.1.1. Melez azmanlığı

Melez azmanlığı heterosis ve heterobeltiosis olarak saptanmıştır. Melez gücü etkileri excel sayfasında oluşturulan formül ile hesaplanmıştır.

3.4.1.1.1. Heterosis (Ht)

Çalışmada incelenen her bir özellik yönünden, F_1 döl kuşağı ortalamasının, anaç ortalamasına olan (%) artışı olarak aşağıdaki eşitlik uyarınca hesaplanmıştır (Chang ve Smith, 1967).

$$Ht = ((F_1 - AO) / AO) \times 100 \quad AO = (A_1 + A_2) / 2$$

Eşitlikte;

Ht : Heterosis değerini,

F_1 : F_1 döl kuşağı ortalama değerini,

A_1 ve A_2 = F_1 'i oluşturan anaçlardır.

AO: Anaçların ortalama değerleridir.

3.4.1.1.2. Heterobeltiosis (Hb)

Çalışmada incelenen her bir özellik yönünden, F_1 döl kuşağı ortalamasının, üstün anaca % artışı olarak, aşağıdaki formül uyarınca hesaplanmıştır (Fonseca ve Patterson, 1968).

$$Hb = ((F_1 - \bar{U}A) / \bar{U}A) \times 100$$

Eşitlikte;

Hb : Heterobeltiosis değerini,

F₁: F₁ döl kuşağı ortalama değerini,

ÜA: Üstün anacın ortalama değerlerini belirtmektedir.

3.4.1.2. Yarım diallel tabloların varyans analizi

Yarım diallel melezleme sonucu elde edilen verilerin analizi Jinks-Hayman (1953) ve Jones (1965) tarafından önerilen yöntemle göre Yıldırım ve Şengonca (1980)'den faydalanılarak yapılmıştır.

Her blok için, parsel ortalama değerlerinden ayrı ayrı oluşturulan yarım diallel tabloların ortalamaları bulunmuş ve bu ortalama değerler üzerinden analize esas olacak yarım diallel tablo oluşturulmuştur.

Yarım diallel tablonun varyans analizinde, kareler toplamlarına ve serbestlik derecelerine ilişkin eşitlikler ve elde edilecek istatistikler Çizelge 3.8'de verilmiştir.

Çizelge 3.8. Kareler toplamlarına ve serbestlik derecelerine ilişkin eşitlikler ve elde edilecek istatistikler

Varyasyon Kaynağı	Kareler Toplamı	Serbestlik Derecesi
a	$((\sum U_r^2) - (\sum U_r)^2/n)/(n+2)$	(n-1)
b	$b_1 + b_2 + b_3$	$(b_1 + b_2 + b_3)$
b ₁	$(2Y_{..} - (n+1)Y_{.})^2/(n^2-1)/n$	1
b ₂	$(\sum Tr^2 - (\sum Tr)^2/n)/(n^2-4)$	(n-1)
b ₃	$GKT - (a + b_1 + b_2)$	$(n(n-3)/2)$
Hata	M_e	$(b-1)(v-1)$
Genel	$\sum Y_{rs}^2 - (\sum Y_{rs})^2/(n(n+1)/2)$	$(n(n-1)/2) + (n-1)$

Çizelge 3.8.'de kullanılan kısaltmalar ve ifade ettikleri aşağıda özetlenmiştir.

a : Eklemeli gen etkisi varyansının tahminleyicisi olup, genel uyum yeteneğini (GUY) de açıklar.

b : Dominant gen etkisi varyansının tahminleyicisi olup (b₁), (b₂) ve (b₃) olarak 3 komponente ayrılır.

b₁: Ortalama dominantlık varyansını gösterir. Melezlerin kendi ebeveynlerinin ortalama değerlerinden olan ortalama sapmalarının önemli olup olmadığını belirler ve h²'ye eşdeğerdir.

b_2 : Bir ebeveynde dominant allellerin toplanmasını belirler (anaçların farklı gene sahip olup olmadıklarını).

b_3 : Dominant allellerin ebeveynler arasında dağılmış olduğunu gösterir. Özel uyum yeteneğini (ÖUY) de açıklar.

U_r : $Y_r + Y_{rr}$

Y_r : r inci dizi toplamı

Y_{rr} : r inci ebeveyn değeri

n : ebeveyn sayısı

$Y_{..}$: Yarım diallel tablo toplamı

$Y_{..}$: Ebeveyn değerleri toplamı

Tr : $2Y_r - nY_{rr}$

GKT : Genel kareler toplamı

3.4.1.3. Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi

Bir diallel melezin biyometriksele genetik analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilebileceđi, Hayman (1954b) tarafından önerilmiştir. Birçok araştırmacı Jinks ve Hayman (1953), Hayman (1954b, 1958, 1960) ve Jinks (1954, 1956) tarafından tartışılan genetik analizler, ikinci derece istatistiklerden genetik parametrelerin tahmini temeline göre yapılmaktadır. Bu çalışmadaki analizler ve değerlendirmeler, Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak yapılmıştır. Değerlendirmelerde parsel ortalama değerleri kullanılmıştır.

Genetik parametrelerin tahmin edilmesi için yapılan diallel melez analizinde her diallel tablo aşağıdaki varsayımların geçerliliđi açısından kontrol edilmiştir (Hayman, 1954b).

1-Ebeveynler homozigottur

2-Diploid açılma vardır

3-Resiproklar arasında fark yoktur

4-Multiple (çoklu) allelizm yoktur

5-Genler, ebeveynler arasında birbirinden bağımsız olarak dağılmıştır.

6-Epistatik gen etkisi yoktur (allel olmayan genlerin davranışları birbirinden bağımsızdır).

Açıklanacak biyometrikse genetik yöntemlerle yapılacak değerdendirmelerden elde edilen sonuçların güvenirliliğı bu varsayımların geçerliliğıne bağılıdır.

Multiple allelizmin yokluğu, genlerin ebeveynler arasında birbirlerinden bağımsız olarak dağıldıkları ve epistatik etkinin yokluğu varsayımlarının geçerli olup olmadığı;

a-Her dizi için bulunmuş W_r değerdinin o diziye ait V_r değeri üzerine olan regresyon katsayısı (bW_r/V_r)'nın 1 değerdine eşit olup olmamasına;

b-Diallel tabloların her birinde her dizi için bulunan (W_r-V_r) değerdlerinin, tesadüf bloklarına göre yapılan varyans analizinde, dizi varyansının F değerdinin önemliliğıne göre incelenmiştir.

Her blok ve bloklar ortalaması için ayrı ayrı hesaplanan regresyon katsayısının l'den önemli sapma göstermesi veya (W_r-V_r) değerdlerinin istatistiki olarak tekdüze olmaması durumunda; varsayımların geçerliliğı sağlanıncaya kadar en büyük (W_r-V_r) değerdlerine sahip diziler önce birer birer, gerektiğinde ikişer ikişer değerdendirme dışı bırakılmalıdır. Ancak varsayımların geçerli olmadığı durumda dahi genetik parametrelerin saptanarak populasyon üzerinde tartışılabilceğı önerilmiştir (Hayman, 1954 b). Bu çalışmada varsayımların kontrolü 't' cetveli ile yapılmıştır (Singh ve Chaudhary, 1985).

Yukarıda belirtilen varsayımların geçerlilikleri saptandıktan sonra, genetik parametrelerin tahmin edilmesi için diallel melez analizleri, ele alınan tüm özellikler için, diallel tabloların her birinde ayrı ayrı yapılmıştır. Bu analizler sonucunda aşağıdaki istatistikler hesaplanmıştır.

V_r = Dizi varyansı

W_r = Dizi kovaryansı

$VOLO$ = Ebeveynlerin varyansı

$VILI$ = Dizi varyanslarının ortalaması

$WOLOI$ = Ebeveynlerle dizilerdeki döller arasında ortalama kovaryans

$VOLI$ = Dizi ortalamalarının varyansı

$(MLI-MLO)^2$ = Ebeveyn ortalamaları ile bunların $n(n-1)/2$ miktarındaki döllerinin ortalamaları arasındaki fark

E= Çevre koşullarının varyansı

Her blok için ayrı ayrı bulunmuş yukarıdaki istatistiklerin ortalamaları kullanılarak aşağıdaki genetik parametreler tahmin edilmiştir.

D (Eklemeli gen etkilerinin varyansı) = VOLO – E

H₁ (Genlerin dominant etkilerinin varyansı) = VOLO-4WOLOI+4VILI-(5n-4/n)E

H₂ (Gen dağılışına göre düzeltilmiş dominantlık varyansı) = 4VILI-VOLI-4(n²

-n-)E/n² = H₁ (1-(u-v)²)

u: anaçta olumlu genlerin payı

v: anaçta olumsuz genlerin payı

F (Dominant ve resesif genlerin dağılışı yönü) = 2(VOLO-WOLOI+VILI-W_r-V_r)-

2(n-2)E/n

h² (Heterozigot lokusun dominantlık etkisi) = 4(MLI-MLO)²-4(n-1)E/n²

E (Çevre varyansı) = [(Hata KT + Tekerrür KT)/(Hata s.d + Tekerrür s.d.)]/
Tekerrür sayısı

Genetik varyans komponentlerinin önem kontrolleri ‘t’ testi ile değerlendirilmiştir. Standart hataları ise hata varyansı ve kovaryans katsayısı aracılığı ile belirlenmiştir (Hayman 1954 a ; Demir ve Forkman, 1975; Aksel ve ark. 1982). Standart hata aşağıdaki formül ile bulunmuştur.

Standart hata = [(Hata varyansı) x (Kovaryans katsayısı)]^{1/2}

Formülde, hata varyansı; diallel tablodan elde edilmiş varyansların beklenen değerleri ile deneysel olarak bulunan değerler arasındaki farkın karesinin serbestlik derecesine bölünmesi ile elde edilmiştir.

Varsayımların beklenen değerleri aşağıdaki formüller uyarınca belirlenmiştir.

W_r = (WOLOI – VILI + W_r + V_r)/2

V_r = (VILI – WOLOI + W_r + V_r)/2

VOLO = D+E

VOLI = 1/4*D-1/4*F+1/4*H1+E/2n

Yukarıdaki denklemde kullanılan kovaryans katsayıları ise, her genetik komponent için, kovaryans matrisi köşegeninde yer alan eşitliklerin anaç sayısı (n) temeline göre çözümlenmeleri ile elde edilmiştir (Hayman, 1954a).

$$D \text{ için, } CD = (n^5 + n^4) / n^5$$

$$F \text{ için, } CF = (4n^5 + 20n^4 - 16n^3 + 16n^2) / n^5$$

$$H_1 \text{ için, } C_{H1} = (n^5 + 41n^4 - 12n^3 + 4n^2) / n^5$$

$$H_2 \text{ için, } C_{H2} = 36n^4 / n^5$$

$$h^2 \text{ için, } C_{h2} = (16n^4 + 16n^2 - 32n + 16) / n^5$$

$$E \text{ için, } C_E = n^4 / n^5$$

$$D-H1 \text{ için, } C_{D-H1} = 4(9n^2 - 2n + 1) / n^3$$

Burada n, diallel melez analizine giren anaç sayısıdır.

Saptanan genetik komponentlerden faydalanılarak populasyonun genetik yapısını tanımlamada kullanılan çeşitli oranlar hesaplanmıştır (Hayman, 1954a,b, 1957; Jinks, 1956; Singh ve Chaudary, 1976,1985). Populasyonun genetik yapısını tanımlamada bu oranlardan istifade edilir.

Genetik parametrelerin önemliliğini incelerken aşağıdaki formülde görüldüğü gibi parametrelerin kendi standart hatalarına oranları kullanılmıştır.

$$\text{Standart hata} = \text{Tahminlenen genetik parametre} / \text{Standart hata}$$

Formülünden elde edilen değer, n-2 serbestlik derecesindeki 't' cetvel değeriyle karşılaştırılarak önemlilik kontrolü yapılmıştır.

$(H_1/D)^{0.5} = \text{Ortalama dominantlık derecesi}$. Bu oran 1 e eşit olduğunda tam dominantlık, birden küçük olduğunda eksik dominantlık, birden büyük olduğunda üstün dominantlık etkisinin varlığı kabul edilir.

$(H_2/4H_1) = (u_i v_i) = \text{Dominant ve resesif allellerin frekansı}$. Bu değer 0.25 olduğunda dominant ve resesif allellerin eşit frekansta, ($u_i = v_i = 0.5$) oldukları kabul edilir ve bu değere yakın oranların bulunması seleksiyonda başarılı olunabileceğini gösterir.

$KD/KR = [(4DH_1)^{0.5} + F] / [(4DH_1)^{0.5} - F] = \text{Ebeveynlerdeki dominant genlerin sayısının resesif gen sayısına oranıdır}$. Eğer, bu değer 1'e eşit ise ebeveynlerin dominant ve

resesif gen sayıları eşit, küçük ise resesif allellerin gen frekansları üstün ve büyük ise dominant allellerin gen frekansları üstün kabul edilir.

$K = (h^2 / H_2) =$ Etkili gen sayısı veya dominantlığı gösteren gen grupları sayısıdır. Ebeveynin incelenen özelliğini etkileyen gen sayısını verir.

$$(K = h^2 / H = h^2 / 16u^2 v^2 h^2 = 1/16u^2 v^2)$$

$D-H_1 =$ Değerin sıfır çıkması eklemeli ve dominant gen etkilerinin eşit olduğunu, negatif çıkması dominant gen etkisinin eklemeli etkiye göre daha önemli ve pozitif çıkması ise dominant gen etkisinin eklemeli etkiye göre daha önemsiz rol oynadığını göstermektedir.

$H_g =$ Geniş anlamda kalıtım derecesi.

$$= (0.5D+0.5H_1-0.25H_2 -0.5F)/(0.5D+0.5H_1 -0.25H_2 -0.5F+E)$$

$H_d =$ Dar anlamda kalıtım derecesi.

$$= (0.5D+0.5H_1-0.5H_2 -0.5F)/(0.5D+0.5H_1 -0.25H_2 -0.5F+E)$$

$r(Y_r, (W_r + V_r)) =$ Kuramsal dominantlık sıra katsayısı dominantlığın yönü hakkında bilgi verir. Korelasyon katsayısı değerinin pozitif bulunması, resesif genlerin yüksek olan ebeveynlerde toplandığını, negatif bulunması ise özelliğin yüksek olduğu ebeveynlerde dominant genlerin bulunduğunu göstermektedir.

3.4.1.4. W_r/V_r grafiği ve yorumlanması

Dizi varyans ve kovaryansları arasındaki ilişkiden yararlanılarak çizilecek grafikten yola çıkılarak ebeveynler için genetik bilgiler tahmin edilebilir (Hayman, 1954a; Aksel ve Johnson, 1963; Mather ve Jinks, 1971).

Diallel tablolarda dizilerdeki kombinasyon değeriyle kombinasyonlarda tekrarlanmayan ebeveyn değerleri arasındaki kovaryans (W_r) ile dizilerin varyanslarından (V_r) elde edilen regresyondan yararlanılarak genetik yorumlar yapılabilir. W_r-V_r grafiği çizilirken W_r değeri bağımlı değişken gibi kabul edilerek Y eksenini üzerinde; V_r değeri ise bağımsız değişken gibi kabul edilerek X eksenini üzerinde gösterilir. Grafiğin çiziminde W_r değerlerinin V_r değerleri üzerinde regresyon katsayısı, grafikteki eğimi belirlemek için kullanılır.

W_r-V_r grafiğinden popülasyon hakkında aşağıdaki yargılara varılabilir.

Regresyon hattına ve W_r-V_r noktalarına bakılarak varılabilecek yargılardır.

Regresyon hattına göre bakıldığında;

Regresyon hattının Y eksenini kesme durumuna göre populasyondaki dominantlık durumu hakkında aşağıdaki yorumlar yapılabilir.

Regresyon hattı Y eksenini orjinde keserse dominantlık derecesinin tam dominant olduğu yani “ $h=1$ ” olduğu kararlaştırılır.

Regresyon hattı Y eksenini orjinden yukarıda keserse, bu kesim noktası “ $a=1/4$ (D-H1)” olmakta ve böylece kısmi dominantlıktan söz edilebilmektedir.

Regresyon hattı Y eksenini negatif tarafta keserse, “ $h>1$ ” üstün dominantlık durumu bulunur.

Ebeveynlere ait noktalar parabol üzerinde toplanmış ise yani bir regresyon hattı mevcut değilse $h=0$ dır. Populasyonda dominantlığın olmadığı, eklemeli gen etkisinin bulunduğu varsayılır.

Wr-Vr noktalarına göre bakıldığında;

Grafik üzerinde ebeveynlerin değerlerine ait noktaların (W_r-V_r) durumları da populasyon hakkında yorum yapmada kullanılır. Ebeveynlere ait W_r-V_r noktalarının sınırlayıcı parabol eğrisinin regresyon hattının kesim noktalarına göre parabolün başlangıç noktasından uzaklıkları ebeveynlerin dominant ve resesif genleri taşıyıp taşımadıkları hakkında yargıda bulunmayı sağlar.

Parabolün başlangıç noktasına yakın olan ebeveynlerin dominant genleri taşıdıkları ve parabolün başlangıç noktasından uzakta yer alan ebeveynlerin resesif genleri taşıdıkları kabul edilir.

Ebeveynlere ait W_r-V_r noktalarının regresyon hattının üzerinde bulundukları beklendiği halde bu noktaların regresyon hattından uzakta yer almaları epistatik etkinin var olması olarak yorumlanabilir.

W_r-V_r grafiğinin çizimi, Jinks ve Hayman (1953)’in önerdiği şekilde Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak yapılmıştır.

3.4.1.5. Uyuşma yetenekleri analizi

Griffing tipi diallel analiz yöntemi ile diallel melezlemelerde kullanılan ebeveynlerin kombinasyon uyuşmaları belirlemektedir. Griffing (1956) tarafından önerilen

bu yöntemde, ebeveynlerin bilinçli ya da rastgele olarak seçilme durumuna göre “Model 1” ve “Model 2” olarak 2 değerlendirme metodu ortaya konmuştur. Ayrıca diallel tablonun oluşturulmasında 4 ayrı yöntem önerilmiştir. Bu çalışmada “Model 1”, “Yöntem 2” kullanılmıştır. Yani bilinçli olarak seçilen n sayıda ebeveyn ve bunların melez döllerini içeren $n(n-1)/2$ kombinasyonu ifade eder. Bu yönteme ilişkin matematik model;

$$X_{ij} = U + g_i + g_j + S_{ij} + 1/bc \sum_k \sum_l e_{ijkl} \text{ dir.}$$

Eşitlikte;

X_{ij} : i’inci ve j’inci ebeveynler arasındaki F_1 melezlerinin değerini,

U: Populasyon ortalamasını,

$g_i + g_j$: i’inci ve j’inci anaçların genel uyuşma yeteneği etkilerini,

S_{ij} : i’inci ve j’inci ebeveynler arasındaki melezlerin özel uyuşma yeteneği etkilerini,

i, j : 1.....p (anaç sayısı),

k : 1.....b (blok sayısı),

ı : 1..... c (parseldeki gözlem sayısı),

e_{ijkl} : Çevre koşulları etkisini tanımlamaktadır.

$(\sum_{xij}) = X_{..}$ = Genel toplam,

$(\sum_{xij})^2 = X_{..}^2$ = Genel toplamın karesi,

$\sum x_i.^2$ = Mezlere ait dizilerdeki değerlerin kareleri toplamı,

$\sum x_{ij}^2$ = i ve j değerlerinin kareleri toplamı,

$(\sum x_i.)^2$ = Mezlere ait dizilerdeki değerlerin toplamlarının kareleri,

$\sum (x_i. + x_{ii})^2$ = Bir dizinin kareleri toplamı eşitliklerinden yararlanılmıştır.

Bu yönteme ilişkin varyans analizi ve beklenen kareler ortalaması, Çizelge 3.9’da verilmiştir.

Çizelge 3.9. Genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analiz tablosu.

Varyans Kaynağı	S.D.	K.T.	K.O.	Beklenen Kareler Ortalaması
Genel Uyuşma Yeteneği	p-1	Sg	Mg	$S^2 + (p+2)(1/p-1)\sum g_i^2$
Özel Uyuşma Yeteneği	p(p-1)/2	Ss	Ms	$S^2 + (1/p(p-1))\sum_i \sum_j S_{ij}$
Hata	m	Se	Me	S^2

Genel ve Özel uyuşma yeteneği etkileri kareler toplamı, aşağıda verilmiş olan eşitlikler kullanılarak saptanmıştır.

$$GUYKT = 1/(p+2)([\sum_i (x_i + x_{ij})^2 - (4X^2 \dots /p)])$$

$$\text{ÖUYKT} = [\sum x_{ij}^2 - 1/(p+2)] [\sum_i (x_i + x_{ij})^2 + (2 x^2 \dots / (p-1)(p-2))]$$

Genel ve özel uyuşma yetenekleri kareler ortalamaları hata kareler ortalamasına bölünerek bulunan F değeri, tablo F değeri ile karşılaştırılarak önem kontrolü yapılmıştır. Genel ve özel uyuşma yeteneği etkilerinin bulunmasında ise aşağıdaki eşitlikler kullanılmıştır.

$$g_i = 1/(p+2)(X_i + X_{ij}) - (2X \dots /p)$$

$$S_{ij} = X_{ij} - 1/(p+2)(X_i + X_{ii} + X_j + X_{jj}) + 2X \dots / (p+1)(p+2)$$

Anaçlara ve melezlere ait standart hataların hesaplanmasında ise aşağıdaki eşitlikler kullanılmıştır. (Singh ve Chaudhary, 1985).

$$S.E.(g_i) = [(p-1) \sigma^2_e / p(p+2)]^{1/2}$$

$$S.E.(s_{ij}) = [(p(p-1) \sigma^2_e (p+1)(p+2))]^{1/2}$$

Genel ve özel uyum yeteneği etkilerine ait önemliliklerin belirlenmesinde ise “t” testi kullanılır.

Yukarıda açıklanmaya çalışılan hesaplamalardan genel ve özel uyum yeteneği etkileri Özcan (1999) tarafından geliştirilen TARPOGEN istatistik paket programı kullanılarak yapılmıştır.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

4.1. Tarımsal Özellikler

2016-2017 yetiştirme döneminde, 76 adet yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 adet standart çeşit üzerinde bazı tarımsal özelliklere (başaklanma süresi, ekim olgunlaşma süresi, tane dolum periyodu, bitki boyu, başak uzunluğu, başaktaki tane sayısı, başaktaki tane ağırlığı, bin tane ağırlığı, tek bitki tane verimi, bayrak yaprak klorofil içeriği ve yatma) ait elde edilen veriler değerlendirilerek aşağıda verilmiştir.

4.1.1. Başaklanma süresi (gün)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) başaklanma süresine ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama başaklanma süresi 115.71 gün olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 118.64 gün, standart çeşitlerin ortalaması ise 104.6 gün olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 3309 nolu hat 142 gün başaklanma süresi ile en geççi genotip olurken, 400 nolu hat ise 102 gün ile en erkenci başaklanma süresine sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Flamura-85 çeşidi 131 gün ile başaklanma süresi ile en geççi genotip olurken, Dariel çeşidi ise 92 gün ile en erkenci başaklanma süresine sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Başaklanma süresi için yapılan çalışmalarda, Kutlu (2012) 143.5 gün, Hoccoğlu (2013) 122.51 gün, Taş (2019) 163.3 gün, Malçok (2019) 140.0 gün olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.1. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait başaklanma süreleri.

No	Genotip	Başaklanma süresi (gün)	No	Genotip	Başaklanma süresi (gün)	No	Genotip	Başaklanma süresi (gün)
1	130	122	34	2190	108	67	3432	118
2	161	108	35	2542	110	68	3453	121
3	183	121	36	2675	105	69	3454	128
4	270	123	37	2693	111	70	3455	102
5	279	122	38	2700	109	71	3457	129
6	286	120	39	2714	118	72	3469	127
7	400	102	40	2715	123	73	3652	121
8	468	109	41	2738	122	74	3477	124
9	556	110	42	2742	111	75	3524	125
10	624	125	43	2872	125	76	3541	106
11	672	108	44	2897	111	Yerel Hat. ort.		118.64
12	706	107	45	2946	119	No	Standart Çeşitler	Başaklanma süresi (gün)
13	878	109	46	2959	111	77	Konya-2002	103
14	884	109	47	2960	124	78	Selimiye	104
15	1058	108	48	2976	112	79	Bayraktar-2000	100
16	1079	126	49	2985	113	80	Tosunbey	110
17	1080	108	50	2999	127	81	Flamura-85	131
18	1086	126	51	3042	123	82	Rumeli	109
19	1160	127	52	3050	110	83	Krasunia odes'ka	123
20	1224	103	53	3070	126	84	Sönmez-2001	107
21	1232	124	54	3088	128	85	Esperia	105
22	1238	120	55	3241	126	86	Lucilla	104
23	1306	125	56	3247	127	87	Seri-2013	101
24	1322	128	57	3250	131	88	Cemre	107
25	1325	120	58	3295	120	89	Sagittario	108
26	1326	110	59	3304	129	90	Dariel	92
27	1342	119	60	3309	142	91	Osmaniyem	99
28	1381	108	61	3334	131	92	Karatopak	95
29	1392	125	62	3359	111	93	Ceyhan-99	98
30	1615	120	63	3377	129	94	Vittorio	94
31	1635	126	64	3384	128	95	Masaccio	102
32	3659	121	65	3387	123	96	Adana-99	100
33	2115	127	66	3414	107	Standartlar ort.		104.6
						Deneme ort.		115.71

4.1.2. Tane dolum periyodu (gün)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait tane dolum periyoduna ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama tane dolum periyodu süresi 34.08 gün olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması

32.92 gün, standart çeşitlerin ortalaması ise 38.5 gün olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 3309 nolu hat 54 gün tane dolum periyodu ile en geççi genotip olurken, 1086 nolu hat ise 16 gün ile en erkenci tane dolum periyoduna sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Bayraktar-2000 ve Seri-2013 hatları 47 gün ile tane dolum periyodu süresi ile en geççi genotipler olurken, Krasunia odes'ka çeşidi ise 25 gün ile en erkenci tane dolum periyodu sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Tane dolum periyodu için yapılan çalışmalarda, Çelik (2016) 39.52 gün, Gezginç (2018) 54.2 gün olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.2. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait tane dolum periyodu süreleri.

No	Genotip	T. Dolum periyodu (gün)	No	Genotip	T. Dolum periyodu (gün)	No	Genotip	T. Dolum periyodu (gün)
1	130	27	34	2190	35	67	3432	33
2	161	40	35	2542	39	68	3453	31
3	183	29	36	2675	42	69	3454	49
4	270	24	37	2693	41	70	3455	46
5	279	31	38	2700	37	71	3457	47
6	286	30	39	2714	32	72	3469	32
7	400	44	40	2715	28	73	3652	30
8	468	31	41	2738	23	74	3477	28
9	556	37	42	2742	36	75	3524	25
10	624	24	43	2872	23	76	3541	42
11	672	40	44	2897	36	Yerel Hat. ort.		32.92
12	706	40	45	2946	29	No	Standart Çeşitler	T. Dolum periyodu (gün)
13	878	40	46	2959	39	77	Konya-2002	44
14	884	41	47	2960	25	78	Selimiye	44
15	1058	40	48	2976	36	79	Bayraktar-2000	47
16	1079	24	49	2985	40	80	Tosunbey	40
17	1080	33	50	2999	23	81	Flamura-85	30
18	1086	16	51	3042	30	82	Rumeli	29
19	1160	23	52	3050	38	83	Krasunia odes'ka	25
20	1224	41	53	3070	23	84	Sönmez-2001	43
21	1232	30	54	3088	18	85	Esperia	40
22	1238	33	55	3241	23	86	Lucilla	43
23	1306	23	56	3247	24	87	Seri-2013	47
24	1322	19	57	3250	40	88	Cemre	35
25	1325	31	58	3295	32	89	Sagittario	36
26	1326	41	59	3304	21	90	Dariel	48
27	1342	33	60	3309	54	91	Osmaniyem	35
28	1381	38	61	3334	53	92	Karatopak	38

Çizelge 4.2. Devamı

29	1392	28	62	3359	40	93	Ceyhan-99	36
30	1615	28	63	3377	47	94	Vittorio	39
31	1635	22	64	3384	27	95	Masaccio	36
32	3659	28	65	3387	30	96	Adana-99	35
33	2115	19	66	3414	47	Standartlar ort.		38.5
Deneme ort.								34.08

4.1.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ekim olgunlaşma süresine ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.3’de verilmiştir.

Çizelge 4.3’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama ekim olgunlaşma süresi 139.61 gün olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 141.3 gün, standart çeşitlerin ortalaması ise 133.2 gün olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 3309 nolu hat 186 gün ekim olgunlaşma süresi ile en geççi genotip olurken, 1080 nolu hat ise 131 gün ile en erkenci ekim olgunlaşma süresine sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Flamura-85 genotipi 151 gün ile ekim olgunlaşma süresi ile en geççi genotip olurken, Karatopak ve Vittorio genotipleri ise 123 gün ile en erkenci ekim olgunlaşma süresi sahip genotipler olarak tespit edilmiştir.

Ekim olgunlaşma süresi için yapılan çalışmalarda farklı sonuçlar bulunmuştur, Çelik (2016) 157.10 gün, Demirel (2018) 88.98 gün, Malçok (2019) 168.46 gün olarak bildirmiştir. Sonuçlar arasındaki bu farklılıkların özellikle kullanılan çeşitlerin genetik özelliklerinden ve araştırmanın yürütüldüğü çevresel koşullardan kaynaklandığını ifade edebiliriz.

Çizelge 4.3. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ekim olgunlaşma süreleri.

No	Genotip	Ekim Olg. Süresi (gün)	No	Genotip	Ekim Olg. Süresi (gün)	No	Genotip	Ekim Olg. Süresi (gün)
1	130	139	34	2190	133	67	3432	141
2	161	138	35	2542	139	68	3453	142
3	183	140	36	2675	137	69	3454	167
4	270	137	37	2693	142	70	3455	138
5	279	143	38	2700	136	71	3457	166
6	286	140	39	2714	140	72	3469	149
7	400	132	40	2715	141	73	3652	141

Çizelge 4.3. Devamı

8	468	130	41	2738	135	74	3477	142
9	556	137	42	2742	137	75	3524	140
10	624	139	43	2872	138	76	3541	138
11	672	138	44	2897	137	Yerel Hat. ort.		141.3
12	706	137	45	2946	138	No	Standart Çeşitler	Ekim Olg. Süresi (gün)
13	878	139	46	2959	140	77	Konya-2002	137
14	884	140	47	2960	139	78	Selimiye	138
15	1058	138	48	2976	138	79	Bayraktar-2000	137
16	1079	140	49	2985	143	80	Tosunbey	140
17	1080	131	50	2999	140	81	Flamura-85	151
18	1086	132	51	3042	143	82	Rumeli	128
19	1160	140	52	3050	138	83	Krasunia odes'ka	138
20	1224	134	53	3070	139	84	Sönmez-2001	140
21	1232	144	54	3088	136	85	Esperia	135
22	1238	136	55	3241	139	86	Lucilla	137
23	1306	138	56	3247	141	87	Seri-2013	138
24	1322	137	57	3250	161	88	Cemre	132
25	1325	137	58	3295	138	89	Sagittario	134
26	1326	141	59	3304	140	90	Dariel	132
27	1342	142	60	3309	186	91	Osmaniyem	124
28	1381	136	61	3334	174	92	Karatopak	123
29	1392	143	62	3359	141	93	Ceyhan-99	124
30	1615	138	63	3377	166	94	Vittorio	123
31	1635	137	64	3384	145	95	Masaccio	128
32	3659	139	65	3387	143	96	Adana-99	125
33	2115	136	66	3414	144	Standartlar ort.		133.2
						Deneme ort.		139.61

4.1.4. Bitki boyu (cm)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait bitki boyu uzunluklarına ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.4’de verilmiştir.

Çizelge 4.4’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama bitki boyları 89.6 cm olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 95.23 cm, standart çeşitlerin ortalaması ise 68.49 cm olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 2714 nolu hat 119.2 cm bitki boyu ile en uzun bitki boyuna sahip genotip olurken, 3377 nolu hat ise 72 cm ile en kısa bitki boyuna sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Konya-2002 genotipi 80 cm ile en uzun bitki boyuna sahipken, Sagittario genotipi ise 52.8 cm ile en kısa bitki boyuna sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Bitki boyu için yapılan çalışmalarda, Kutlu (2012) 106.48 cm, Yazıcı (2015) 91.1 cm, Ferahoğlu (2018) 72.96 cm, Taş (2019) 74.45 cm olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.4. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bitki boyları.

No	Genotip	Bitki Boyu (cm)	No	Genotip	Bitki Boyu (cm)	No	Genotip	Bitki Boyu (cm)
1	130	88.2	34	2190	105.8	67	3432	81.2
2	161	95.4	35	2542	107	68	3453	99
3	183	97.8	36	2675	97	69	3454	84.4
4	270	109.2	37	2693	96	70	3455	87.8
5	279	102.4	38	2700	94.4	71	3457	77.8
6	286	100.8	39	2714	119.2	72	3469	85
7	400	97.8	40	2715	110.2	73	3652	108.2
8	468	106	41	2738	105.6	74	3477	90
9	556	106.4	42	2742	91.6	75	3524	92.8
10	624	100.6	43	2872	100.8	76	3541	95.2
11	672	97	44	2897	105.8	Yerel Hat. ort.		95.23
12	706	114.8	45	2946	109	No	Standart Çeşitler	Bitki Boyu (cm)
13	878	94.8	46	2959	100.2	77	Konya-2002	80
14	884	97	47	2960	94.6	78	Selimiye	69.8
15	1058	88.6	48	2976	99.2	79	Bayraktar-2000	71.4
16	1079	92.8	49	2985	99.4	80	Tosunbey	68.6
17	1080	84.8	50	2999	84.6	81	Flamura-85	66.6
18	1086	91	51	3042	102.8	82	Rumeli	79.8
19	1160	98.4	52	3050	94.2	83	Krasunia odes'ka	60.2
20	1224	78.8	53	3070	85.8	84	Sönmez-2001	78.4
21	1232	101.2	54	3088	91	85	Esperia	57.4
22	1238	100.3	55	3241	91.8	86	Lucilla	66.6
23	1306	89.6	56	3247	89.4	87	Seri-2013	65.6
24	1322	95	57	3250	95.4	88	Cemre	76.8
25	1325	101.5	58	3295	102.2	89	Sagittario	52.8
26	1326	95.4	59	3304	90.2	90	Dariel	57
27	1342	95.6	60	3309	72.6	91	Osmaniyem	75
28	1381	94.2	61	3334	74.2	92	Karatopak	68.4
29	1392	89	62	3359	82	93	Ceyhan-99	71
30	1615	101.6	63	3377	72	94	Vittorio	60
31	1635	93	64	3384	93	95	Masaccio	70.6
32	3659	101	65	3387	100.4	96	Adana-99	73.8
33	2115	95.6	66	3414	89.8	Standartlar ort.		68.49
						Deneme ort.		89.6

4.1.5. Başak uzunluğu (cm)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait başak uzunluklarına ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.5’de verilmiştir.

Çizelge 4.5’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama başak uzunlukları 9.05 cm olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 9.04 cm, standart çeşitlerin ortalaması ise 9.07 cm olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 672 nolu hat 13.2 cm başak uzunluğu ile en uzun başak uzunluğuna sahip genotip olurken, 2115 ve 3414 nolu hatlar ise 5 cm ile en kısa başak uzunluğuna sahip genotipler olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Cemre genotipi 13.6 cm ile en uzun başak uzunluğuna sahipken, Sagittario ve Dariel genotipleri ise 7.4 cm ile en kısa başak uzunluğuna sahip genotipler olarak tespit edilmiştir.

Başak uzunluğu için yapılan çalışmalarda, Hoccoğlu (2013) 9.85 cm, Yazıcı (2015) 8.33 cm, Gezginc (2018) 9.7 cm, Dursun (2019) 12.79 cm olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.5. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başak boyları.

No	Genotip	Başak uzunluğu (cm)	No	Genotip	Başak uzunluğu (cm)	No	Genotip	Başak uzunluğu (cm)
1	130	8.6	34	2190	11.8	67	3432	9.4
2	161	10.8	35	2542	9.6	68	3453	10.2
3	183	8.6	36	2675	9.8	69	3454	8.2
4	270	10.8	37	2693	5.4	70	3455	8.8
5	279	5.2	38	2700	10	71	3457	9.8
6	286	10.8	39	2714	11.4	72	3469	9.4
7	400	10.6	40	2715	10.2	73	3652	9.2
8	468	11	41	2738	11.4	74	3477	9.4
9	556	12	42	2742	12	75	3524	4.4
10	624	5.8	43	2872	10	76	3541	9.6
11	672	13.2	44	2897	7.4	Yerel Hat. ort.		9.04
12	706	10	45	2946	10	No	Standart Çeşitler	Başak uzunluğu (cm)
13	878	6.4	46	2959	9.4	77	Konya-2002	10.8
14	884	10	47	2960	8	78	Selimiye	8.2
15	1058	9.4	48	2976	10.4	79	Bayraktar-2000	10.2
16	1079	5.4	49	2985	10.8	80	Tosunbey	9.4
17	1080	9.4	50	2999	8.4	81	Flamura-85	8.4
18	1086	8.4	51	3042	6.6	82	Rumeli	9.8

Çizelge 4.5. Devamı

19	1160	10.4	52	3050	11.4	83	Krasunia odes'ka	8.6
20	1224	8	53	3070	6.2	84	Sönmez-2001	9.6
21	1232	6.2	54	3088	10.2	85	Esperia	7.6
22	1238	8.02	55	3241	7.8	86	Lucilla	8.8
23	1306	9.6	56	3247	10.4	87	Seri-2013	10.6
24	1322	8.6	57	3250	8	88	Cemre	13.6
25	1325	9.3	58	3295	8.7	89	Sagittario	7.4
26	1326	5.6	59	3304	8.8	90	Dariel	7.4
27	1342	10.6	60	3309	8.6	91	Osmaniyem	8.6
28	1381	10.2	61	3334	10.6	92	Karatopak	8
29	1392	7	62	3359	9.4	93	Ceyhan-99	8.6
30	1615	9.4	63	3377	9	94	Vittorio	7.8
31	1635	9.4	64	3384	9.6	95	Masaccio	8.8
32	3659	10	65	3387	9.2	96	Adana-99	9.2
33	2115	5	66	3414	5		Standartlar ort.	9.07
Deneme ort.								9.05

4.1.6. Başaktaki tane sayısı (adet)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait başaktaki tane sayısına ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.6'da verilmiştir.

Çizelge 4.6'da görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama başaktaki tane sayısı 33.99 adet olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 30.75 adet, standart çeşitlerin ortalaması ise 46.14 adet olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 3455 nolu hat 46.3 adet ile en yüksek başaktaki tane sayısına sahip genotip olurken, 3309 nolu hat ise 10.8 adet ile en düşük başaktaki tane sayısına sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Karatopak genotipi 56.4 adet ile en yüksek başaktaki tane sayısına sahip genotip olurken, Masaccio çeşidi ise 27.8 adet ile en düşük başaktaki tane sayısına sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Başaktaki tane sayısı için yapılan çalışmalarda farklı sonuçlar bulunmuştur, Kutlu (2012) 50.76 adet, Ferahgözü (2018) 48.12 adet, Dursun (2019) 96.7 adet olarak bildirmiştir. Sonuçlar arasındaki bu farklılıkların özellikle kullanılan çeşitlerin genetik

özelliklerinden ve araştırmanın yürütüldüğü çevresel koşullardan kaynaklandığını ifade edebiliriz.

Çizelge 4.6. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başaktaki tane sayısı.

Başaktaki			Başaktaki			Başaktaki Tane sayısı		
No	Genotip	Tane sayısı (adet)	No	Genotip	Tane sayısı (adet)	No	Genotip	(adet)
1	130	29.1	34	2190	33	67	3432	30.8
2	161	27	35	2542	30.1	68	3453	47
3	183	25.2	36	2675	27	69	3454	10.9
4	270	26	37	2693	34.2	70	3455	46.3
5	279	37	38	2700	40.2	71	3457	13.7
6	286	22.8	39	2714	28.3	72	3469	21.8
7	400	40	40	2715	39	73	3652	44.4
8	468	29.7	41	2738	32.5	74	3477	36.2
9	556	27	42	2742	26.8	75	3524	31.5
10	624	36.2	43	2872	34.7	76	3541	45.2
11	672	30.8	44	2897	44.1	Yerel Hat. ort.		30.75
12	706	40	45	2946	38.7	No	Standart Çeşitler	Başaktaki Tane sayısı (adet)
13	878	26.5	46	2959	30.4	77	Konya-2002	55.1
14	884	25	47	2960	24.8	78	Selimiye	50.2
15	1058	37.6	48	2976	29.9	79	Bayraktar-2000	42.7
16	1079	30.4	49	2985	33.5	80	Tosunbey	52.3
17	1080	25.9	50	2999	27.1	81	Flamura-85	47.9
18	1086	25	51	3042	23.6	82	Rumeli	52.2
19	1160	26	52	3050	27.8	83	Krasunia odes'ka	37.3
20	1224	21.8	53	3070	29.5	84	Sönmez-2001	41.4
21	1232	33	54	3088	29	85	Esperia	37.2
22	1238	28.3	55	3241	19.8	86	Lucilla	51.5
23	1306	35	56	3247	29.5	87	Seri-2013	45.9
24	1322	24.7	57	3250	36.7	88	Cemre	45.2
25	1325	29.3	58	3295	30.3	89	Sagittario	48
26	1326	32.3	59	3304	34.5	90	Dariel	36.4
27	1342	26.2	60	3309	10.8	91	Osmaniyem	53.2
28	1381	35	61	3334	22.7	92	Karatopak	56.4
29	1392	37.3	62	3359	28.4	93	Ceyhan-99	45.1
30	1615	30	63	3377	21.4	94	Vittorio	49.2
31	1635	36.8	64	3384	30.1	95	Masaccio	27.8
32	3659	44.1	65	3387	36.6	96	Adana-99	47.8
33	2115	29.9	66	3414	31.3	Standartlar ort.		46.14
Deneme ort.								33.99

4.1.7. Başaktaki tane ağırlığı (g)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait başaktaki tane ağırlığına ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.7’de verilmiştir.

Çizelge 4.7’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama başaktaki tane ağırlığı 1.19 g olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 1.01 g, standart çeşitlerin ortalaması ise 1.89 g olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 2700 nolu hat 1.86 g ile en yüksek başaktaki tane ağırlığına sahip genotip olurken, 3454 nolu hat ise 0.13 g ile en düşük başaktaki tane ağırlığına sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Osmaniye genotipi 2.68 g ile en yüksek başaktaki tane ağırlığına sahip genotip olurken, Krasunia odes’ka çeşidi ise 1.04 g ile en düşük başaktaki tane ağırlığına sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Başaktaki tane ağırlığı için yapılan çalışmalarda, Kutlu (2012) 2.5 g, Hocoğlu (2013) 1.49 g, Yazıcı (2015) 2.14 g, Gezginc (2018) 1.68 g, Dursun (2019) 2.23 g olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.7. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama başaktaki tane ağırlığı.

No	Genotip	Başaktaki Tane ağırlığı (gram)	No	Genotip	Başaktaki Tane ağırlığı (gram)	No	Genotip	Başaktaki Tane ağırlığı (gram)
1	130	1.13	34	2190	1.12	67	3432	1.11
2	161	1.22	35	2542	1.07	68	3453	1.25
3	183	0.76	36	2675	0.83	69	3454	0.13
4	270	0.9	37	2693	1.36	70	3455	1.19
5	279	1.25	38	2700	1.86	71	3457	0.2
6	286	0.61	39	2714	0.75	72	3469	0.4
7	400	1.79	40	2715	1.22	73	3652	1.73
8	468	1.18	41	2738	0.87	74	3477	0.95
9	556	0.71	42	2742	0.66	75	3524	1.26
10	624	1.21	43	2872	0.8	76	3541	1.76
11	672	1.19	44	2897	1.12	Yerel Hat. ort.		1.01
12	706	1.47	45	2946	1.1	No	Standart Çeşitler	Başaktaki Tane ağırlığı (gram)
13	878	1.03	46	2959	1.32	77	Konya-2002	2.54
14	884	1.01	47	2960	0.96	78	Selimiye	1.93
15	1058	1.57	48	2976	0.69	79	Bayraktar 2000	1.69

Çizelge 4.7. Devamı

16	1079	0.89	49	2985	0.75	80	Tosunbey	1.98
17	1080	0.88	50	2999	0.01	81	Flamura-85	2.28
18	1086	0.69	51	3042	0.77	82	Rumeli	2.15
19	1160	0.99	52	3050	0.93	83	Krasunia odes'ka	1.04
20	1224	0.98	53	3070	0.87	84	Sönmez-2001	1.25
21	1232	1.29	54	3088	1	85	Esperia	1.4
22	1238	1.06	55	3241	0.72	86	Lucilla	1.67
23	1306	1.1	56	3247	0.87	87	Seri-2013	1.57
24	1322	0.88	57	3250	1.11	88	Cemre	2.04
25	1325	1.08	58	3295	1.1	89	Sagittario	1.68
26	1326	1.36	59	3304	1.11	90	Dariel	1.41
27	1342	1.08	60	3309	0.15	91	Osmaniyem	2.68
28	1381	1.33	61	3334	0.33	92	Karatopak	2.6
29	1392	1.81	62	3359	0.67	93	Ceyhan-99	2.18
30	1615	1.17	63	3377	0.41	94	Vittorio	2.49
31	1635	1.57	64	3384	0.76	95	Masaccio	1.08
32	3659	1.57	65	3387	1.1	96	Adana-99	2.27
33	2115	0.9	66	3414	0.79	Standartlar ort.		1.89
						Deneme ort.		1.19

4.1.8. Bin tane ağırlığı (g)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait bin tane ağırlığına ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.8’de verilmiştir.

Çizelge 4.8’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama bin tane ağırlığı 33.15 g olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 31.81 g, standart çeşitlerin ortalaması ise 38.24 g olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 1342 nolu hat 49.7 g ile en yüksek bin tane ağırlığına sahip genotip olurken, 3454 nolu hat ise 15 g ile en düşük bin tane ağırlığına sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Flamura-85 genotipi 45.6 g ile en yüksek bin tane ağırlığına sahip genotip olurken, Lucilla çeşidi ise 28.9 g ile en düşük bin tane ağırlığına sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Bin tane ağırlığı için yapılan çalışmalarda, Kutlu (2012) 49.12 g, Hocaoglu (2013) 43.24 g, Yazıcı (2015) 47.8 g, Çelik (2016) 51.68 g, Ferahoğlu (2018) 44.07 g, Malçok (2019) 32.95 g, Dursun (2019) 36.0 g olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.8. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bin tane ağırlığı.

No	Genotip	Bin Tane ağırlığı (gram)	No	Genotip	Bin Tane ağırlığı (gram)	No	Genotip	Bin Tane ağırlığı (gram)
1	130	34.62	34	2190	29.37	67	3432	36.3
2	161	34.97	35	2542	35.37	68	3453	19.37
3	183	37.05	36	2675	29.62	69	3454	15
4	270	36.45	37	2693	34.75	70	3455	27.77
5	279	37.3	38	2700	40.53	71	3457	12.81
6	286	31.92	39	2714	27.17	72	3469	17.3
7	400	33.02	40	2715	27.3	73	3652	36.4
8	468	44.37	41	2738	24.55	74	3477	25.8
9	556	30.52	42	2742	28.52	75	3524	36.53
10	624	27.17	43	2872	27.02	76	3541	40.32
11	672	31.57	44	2897	23.1	Yerel Hat. ort.		31.81
12	706	37.65	45	2946	28.2	No	Standart Çeşitler	Bin tane ağırlığı (gram)
13	878	41.52	46	2959	39.85	77	Konya-2002	42.2
14	884	39.5	47	2960	38.68	78	Selimiye	40.22
15	1058	35.87	48	2976	30.25	79	Bayraktar- 2000	37.55
16	1079	33.05	49	2985	29.25	80	Tosunbey	33.45
17	1080	32.7	50	2999	37.25	81	Flamura-85	45.6
18	1086	31.08	51	3042	30.43	82	Rumeli	42.97
19	1160	33.62	52	3050	35.17	83	Krasunia odes'ka	31.92
20	1224	35	53	3070	30.68	84	Sönmez-2001	39.22
21	1232	34.57	54	3088	36.73	85	Esperia	35.95
22	1238	34.82	55	3241	36.68	86	Lucilla	28.9
23	1306	29.72	56	3247	27.65	87	Seri-2013	36.52
24	1322	37.57	57	3250	24.8	88	Cemre	42.67
25	1325	34.92	58	3295	35.02	89	Sagittario	32.22
26	1326	38.38	59	3304	31.78	90	Dariel	32.67
27	1342	49.7	60	3309	15.85	91	Osmaniyem	42.67
28	1381	38.25	61	3334	17.1	92	Karatopak	40.57
29	1392	32.92	62	3359	31.98	93	Ceyhan-99	42
30	1615	36.8	63	3377	16.25	94	Vittorio	43.4
31	1635	38.25	64	3384	21.8	95	Masaccio	40
32	3659	32.72	65	3387	29.5	96	Adana-99	34.25
33	2115	35.27	66	3414	25.47	Standartlar ort.		38.24
Deneme ort.								33.15

4.1.9. Tek bitki tane verimi (g)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait tek bitki tane verimi ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.9’da verilmiştir.

Çizelge 4.9’da görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama tek bitki tane verimi 15.4 g olarak bulunurken, yerel genotiplerin ortalaması 14.19 g, standart çeşitlerin ortalaması ise 19.97 g olarak tespit edilmiştir. Yerel hatlardan 3455 nolu hat 24.57 g ile en yüksek tek bitki tane verimine sahip genotip olurken, 3250 nolu hat ise 2.24 g ile en düşük tek bitki tane verimine sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Bayraktar-2000 genotipi 30.73 g ile en yüksek tek bitki tane verimine sahip genotip olurken, Sagittario çeşidi ise 11.34 g ile en düşük tek bitki tane verimine sahip genotip olarak tespit edilmiştir.

Tek bitki tane verimi için yapılan çalışmalarda farklı sonuçlar bulunmuştur, Kutlu (2012) 18.18 g, Malçok (2019) 5.74 g olarak bildirmiştir. Sonuçlar arasındaki bu farklılıkların özellikle kullanılan çeşitlerin genetik özelliklerinden ve araştırmanın yürütüldüğü çevresel koşullardan kaynaklandığını ifade edebiliriz.

Çizelge 4.9. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama tek bitki tane verimi.

No	Genotip	Tek Bitki Tane verimi (gram)	No	Genotip	Tek Bitki Tane verimi (gram)	No	Genotip	Tek Bitki Tane verimi (gram)
1	130	17.91	34	2190	22.54	67	3432	18.43
2	161	12.66	35	2542	16.61	68	3453	6.69
3	183	18.65	36	2675	15.57	69	3454	1.73
4	270	14.28	37	2693	19.16	70	3455	24.57
5	279	20.38	38	2700	23.62	71	3457	1.01
6	286	10.04	39	2714	6.93	72	3469	2.28
7	400	16.41	40	2715	19.35	73	3652	17.03
8	468	21.04	41	2738	11.92	74	3477	19.87
9	556	13.54	42	2742	21.7	75	3524	7.53
10	624	9.68	43	2872	15.27	76	3541	22.02
11	672	20.02	44	2897	16.04	Yerel Hat. ort.		14.19
12	706	16.57	45	2946	21.57	No	Standart Çeşitler	Tek Bitki Tane verimi (gram)
13	878	20.73	46	2959	22.21	77	Konya-2002	24.37
14	884	11.56	47	2960	10.28	78	Selimiye	20.66
15	1058	14.89	48	2976	18.06	79	Bayraktar-2000	30.73
16	1079	15.05	49	2985	15.39	80	Tosunbey	22.24
17	1080	23.14	50	2999	20.91	81	Flamura-85	15.71
18	1086	13.58	51	3042	6.67	82	Rumeli	20.28

Çizelge 4.9. Devamı

19	1160	14.77	52	3050	22.62	83	Krasunia odes'ka	17.18
20	1224	20.7	53	3070	5.25	84	Sönmez-2001	14.74
21	1232	7	54	3088	6.05	85	Esperia	15.77
22	1238	15.63	55	3241	7.14	86	Lucilla	13.83
23	1306	15.3	56	3247	8.25	87	Seri-2013	14.19
24	1322	5.09	57	3250	2.24	88	Cemre	25.55
25	1325	15.84	58	3295	16.05	89	Sagittario	11.34
26	1326	18.04	59	3304	19.63	90	Dariel	12.87
27	1342	19.27	60	3309	2.8	91	Osmaniyem	17.28
28	1381	14.88	61	3334	4.53	92	Karatopak	29.24
29	1392	4.7	62	3359	27.5	93	Ceyhan-99	24.23
30	1615	15.95	63	3377	3.67	94	Vittorio	22.35
31	1635	17.19	64	3384	5.44	95	Masaccio	20.79
32	3659	21.27	65	3387	5.67	96	Adana-99	26.07
33	2115	11.27	66	3414	10.16	Standartlar ort.		19.97
Deneme ort.								15.4

4.1.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait bayrak yaprak klorofil içeriğine ilişkin ortalama değerler Çizelge 4.10'da verilmiştir.

Çizelge 4.10'da görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama bayrak yaprak klorofil içeriği 41.8 SPAD olarak ölçülürken, yerel genotiplerin ortalaması 40.38 SPAD, standart çeşitlerin ortalaması ise 47.21 SPAD olarak ölçülmüştür. Yerel hatlardan 3434 nolu hat 52.5 SPAD ile en yüksek bayrak yaprak klorofil içeriğine sahip genotip olurken, 1080 nolu hat ise 23 SPAD ile en düşük bayrak yaprak klorofil içeriğine sahip genotip olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerden Tosunbey genotipi 59.8 SPAD ile en yüksek bayrak yaprak klorofil içeriğine sahip genotip olurken, Adana-99 çeşidi ise 27.6 SPAD ile en düşük bayrak yaprak klorofil içeriğine sahip genotip olarak ölçülmüştür.

Bayrak yaprak klorofil içeriği için yapılan çalışmalarda, Kutlu (2012) 51.93 SPAD olarak bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmayla uyum içinde olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.10. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine ait ortalama bayrak yaprak klorofil içeriği.

No	Genotip	BayrakYaprak Klorofil İçeriği (SPAD)	No	Genotip	BayrakYaprak Klorofil İçeriği (SPAD)	No	Genotip	BayrakYaprak Klorofil İçeriği (SPAD)
1	130	39	34	2190	41.3	67	3432	41.6
2	161	34.6	35	2542	34.7	68	3453	43.7
3	183	36.8	36	2675	48	69	3454	45.2
4	270	41.3	37	2693	39.8	70	3455	39.4
5	279	52.1	38	2700	44.5	71	3457	49.7
6	286	41.1	39	2714	44.7	72	3469	50.7
7	400	39.9	40	2715	39.6	73	3652	51.3
8	468	31.9	41	2738	43	74	3477	36
9	556	33	42	2742	43.8	75	3524	27.9
10	624	45.5	43	2872	38	76	3541	43.2
11	672	39	44	2897	32.7	Yerel Hat. ort.		40.38
12	706	40.4	45	2946	51.2	No	Standart Çeşitler	B. Yaprak Klorofil İçeriği (SPAD)
13	878	42.1	46	2959	42.8	77	Konya-2002	46.6
14	884	30.3	47	2960	38.3	78	Selimiye	42.8
15	1058	40.6	48	2976	36.3	79	Bayraktar-2000	39
16	1079	41.6	49	2985	46.3	80	Tosunbey	59.8
17	1080	23	50	2999	25.7	81	Flamura-85	48.2
18	1086	36.9	51	3042	49.5	82	Rumeli	49.2
19	1160	45.8	52	3050	44	83	Krasunia odes'ka	55
20	1224	37.2	53	3070	47.9	84	Sönmez-2001	48.9
21	1232	47.6	54	3088	39.3	85	Esperia	56.8
22	1238	38.03	55	3241	40.3	86	Lucilla	52.3
23	1306	44.1	56	3247	40.8	87	Seri-2013	51.6
24	1322	36.2	57	3250	44.7	88	Cemre	51
25	1325	39.03	58	3295	40.03	89	Sagittario	46.5
26	1326	39.7	59	3304	28.9	90	Dariel	50.8
27	1342	34	60	3309	33	91	Osmaniyem	49.2
28	1381	32.4	61	3334	52.5	92	Karatopak	30.4
29	1392	45.4	62	3359	49	93	Ceyhan-99	43.4
30	1615	39.7	63	3377	44.3	94	Vittorio	40
31	1635	41.2	64	3384	36.5	95	Masaccio	55.2
32	3659	48.8	65	3387	28.1	96	Adana-99	27.6
33	2115	32.2	66	3414	40.5	Standartlar ort.		47.21
						Deneme ort.		41.8

4.1.11. Yatma (Skala)

76 yerel ekmeklik buğday genotipi ve 20 standart çeşidin (10 kışlık ve 10 yazlık) 2016-2017 yetiştirme dönemine ait yatma özelliğine ilişkin ortalama değerler 1-9 skalası (1- yok, 9- var) kullanılarak Çizelge 4.11’de verilmiştir.

Çizelge 4.11’de görüldüğü gibi, denemede yer verilen bütün genotiplerin ortalama yatma özelliği 3.87 skala olarak ölçülürken, yerel genotiplerin ortalaması 4.63 skala, standart çeşitlerin ortalaması ise 1 skala olarak ölçülmüştür. Yerel hatlardan 270, 706, 1058, 1232, 1322, 1326, 1381, 1392, 2190, 3042, 3050, 3070, 3088, 3241, 3250, 3304, 3309, 3384, 3387, 3414, 3454, 3469, 3652, 3524 nolu hatlar skalada 1 değeri ile yatma özelliğine karşı en dayanıklı genotipler olurken, 130, 161, 468, 2115, 2542, 2675, 2693, 2700, 2897, 2946, 2959, 2999, 3377 nolu hatlar ise skalada 9 değeri ile yatma özelliğine karşı en hassas genotipler olarak saptanmıştır. Standart çeşitlerin ise tamamı skalada 1 değerini alarak yatma özelliğine karşı dayanıklı genotipler olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.11. Ekmeklik buğday genotiplerinde 2016-2017 yetiştirme dönemine yatma özelliğine ait ortalama değerler.

No	Genotip	Yatma (Skala)	No	Genotip	Yatma (Skala)	No	Genotip	Yatma (Skala)
1	130	9	34	2190	1	67	3432	7
2	161	9	35	2542	9	68	3453	5
3	183	7	36	2675	9	69	3454	1
4	270	1	37	2693	9	70	3455	5
5	279	7	38	2700	9	71	3457	3
6	286	7	39	2714	7	72	3469	1
7	400	7	40	2715	7	73	3652	1
8	468	9	41	2738	7	74	3477	7
9	556	5	42	2742	7	75	3524	1
10	624	3	43	2872	5	76	3541	3
11	672	7	44	2897	9	Yerel Hat. ort.		4.63
12	706	1	45	2946	9	No	Standart Çeşitler	Yatma (Skala)
13	878	7	46	2959	9	77	Konya-2002	1
14	884	5	47	2960	7	78	Selimiye	1
15	1058	1	48	2976	3	79	Bayraktar-2000	1
16	1079	5	49	2985	7	80	Tosunbey	1
17	1080	5	50	2999	9	81	Flamura-85	1
18	1086	3	51	3042	1	82	Rumeli	1
19	1160	3	52	3050	1	83	Krasunia odes'ka	1
20	1224	7	53	3070	1	84	Sönmez-2001	1
21	1232	1	54	3088	1	85	Esperia	1
22	1238	3	55	3241	1	86	Lucilla	1
23	1306	3	56	3247	3	87	Seri-2013	1
24	1322	1	57	3250	1	88	Cemre	1
25	1325	5	58	3295	7	89	Sagittario	1
26	1326	1	59	3304	1	90	Dariel	1
27	1342	5	60	3309	1	91	Osmaniyem	1
28	1381	1	61	3334	3	92	Karatopak	1
29	1392	1	62	3359	7	93	Ceyhan-99	1
30	1615	7	63	3377	9	94	Vittorio	1
31	1635	3	64	3384	1	95	Masaccio	1
32	3659	7	65	3387	1	96	Adana-99	1
33	2115	9	66	3414	1	Standartlar ort.		1
						Deneme ort.		3.87

4.2. Moleküler Çalışmalar

4.2.1. Kullanılan markörlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) ve allel sayıları

Bu çalışma 76 yerel ve 20 standart ekmeklik buğday genotipinin polimorfizm bilgi içerikleri 7 fonksiyonel DNA markörü kullanılarak taranması ile gerçekleştirilmiştir. Yapılan taramalar neticesinde toplam 148 allel tespit edilmiş olup, tespit edilen allellerin tamamında polimorfizm özellik belirlenmiştir. Ortalama allel sayısı ise 21.14 olarak saptanmıştır. En çok allel üreten primer 'NOR' olup 43 adet polimorfik allel üretmiş, en az allel üreten primerler ise DF-MR2 ve SUN104 olup 6 adet polimorfik allel üretmişlerdir.

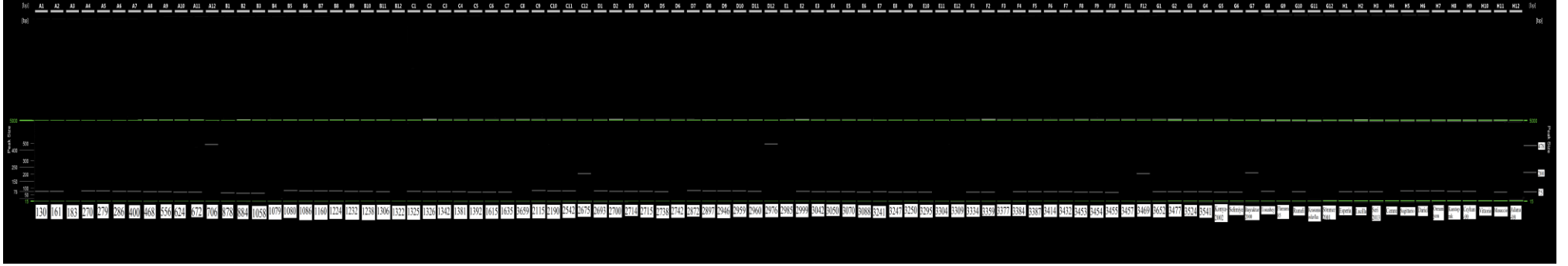
Araştırmada sonunda polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri ortalaması 0.5625 olarak tespit edilmiştir. En yüksek PIC değeri 0.9651 olarak hesaplanırken, en düşük PIC değeri 0.1172 olarak saptanmıştır. Çizelge 4.12'de 96 adet ekmeklik buğday genotipinin PIC (polimorfizm bilgi içeriği) değeri hesaplaması, DNA' ların taranmasında kullanılan SSR primerlerinin bilgi içeriği ve allel sayısı verilmiştir.

Çizelge 4.12. Genotiplerin taranmasında kullanılan DNA primerleri, allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri.

No	Primer Adı	Allel Sayısı	Beklenen Bant Uzunluğu (bp)	PIC Değeri
1	Bx7 ^{OE}	35*	563	0.9651
2	Sun104	6	225	0.1172
3	Sun209	16	148	0.9206
4	DF-MR2	6*	254	0.1172
5	NOR	43	400, 600, 700, 800	0.4946
6	Pina	31	330	0.4373
7	Sun1	11	Xsun-7A, 219, 233, 260, 271, 275, 285 ve 289	0.8855
8	Ortalama	21.14		0.5625

*: Pic değeri spesifik olmayan alleller ile hesaplanmıştır.

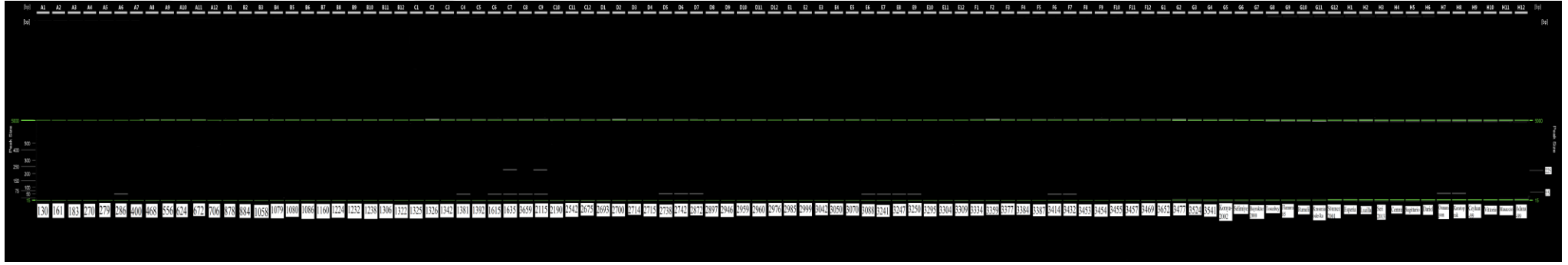
4.2.2. Taranan SSR primerlerine ait görüntüler



Şekil 4.1. Bx7OE primerine ait jel görüntüsü.

Bx7^{OE} primeri, gluten mukavemetine ait genleri saptamak için kullanılan bir belirteçdir. Butow ve ark., (2003) Bx7^{OE} markörünün, şifrelenen gen bölgesinin 750 bç kısmına karşılık gelen eş-baskın bir markör olduğunu, *Glu-B1a1* (520 bç) bulundurmeyen hatların genine 43 bazlık bir farkla 563 bç uzunluğunda allel elde ettiklerini ifade etmişlerdir.

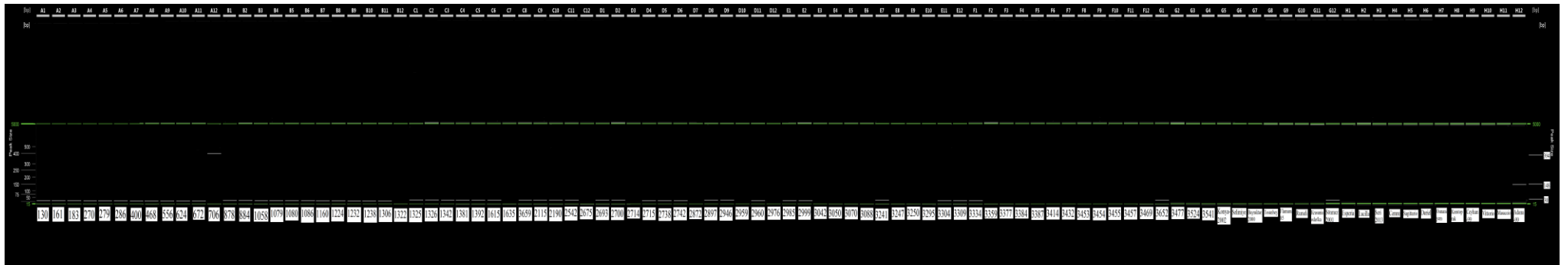
Bu primer ile ilgili Araştırmada kullanılan Bx7^{OE} primeri ile 96 ekmeklik buğday (76 yerel ve 20 standart) genotipinin taranması sonucu istenilen gen bölgesi elde edilememiştir (Şekil 4.1.). Bx7^{OE} primeri ile ilgili yapılan çalışmalarda, Uysal (2019) ve Koçyiğit (2019) istenilen gen bölgesini elde edememişlerdir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmalarla uyum içinde olduğu görülmektedir.



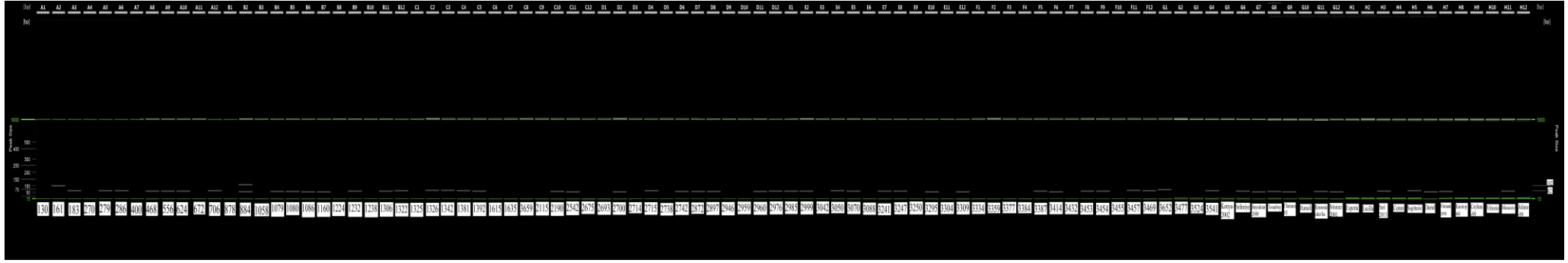
Şekil 4.2. Sun104 primerine ait jel görüntüsü.

Sun104 primeri, sarı pas (*Yr51*) hastalığına dayanıklı genleri tespit etmek için kullanılan bir belirteçdir. Randhawa ve ark., (2014) sarı pas (*Yr51*) hastalığını belirlemede kullanılan Sun104 primerinden yararlanarak yaptıkları çalışmada 225 bç uzunluğunda allel elde ettiklerini ve bu band uzunluğunun sarı pas hastalığına dayanıklılık geniyle ilgili olduğunu tespit etmişlerdir.

Çalışmada kullandığımız 1635 ve 2115 çeşitlerinde sarı pas hastalığına dayanıklılık geni tespit edilmiştir (Şekil 4.2.). Sun104 primeri ile ilgili yapılan çalışmalarda, Koçyiğit (2019) istenilen gen bölgesini 2 melez kombinasyonunda elde ettiğini bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmayla uyum içinde olduğu görülmektedir.



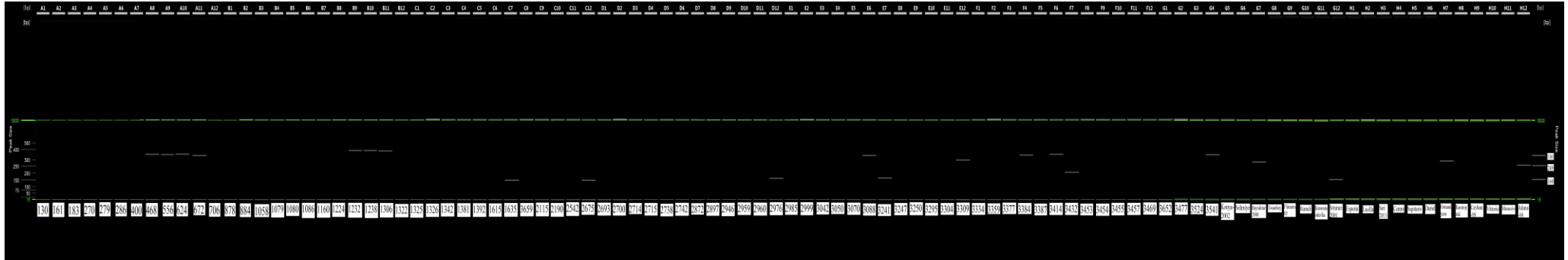
Şekil 4.3. Sun209 primerine ait jel görüntüsü.



Şekil 4.5. NOR primerine ait jel görüntüsü.

NOR primeri çavdar translokasyonu özelliğinin tespitinde kullanılan bir belirteçtir. Koebner (1995) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, NOR markörü ile 400, 600, 700 ve 800 bp uzunluğunda allel saptadığını ifade etmiştir.

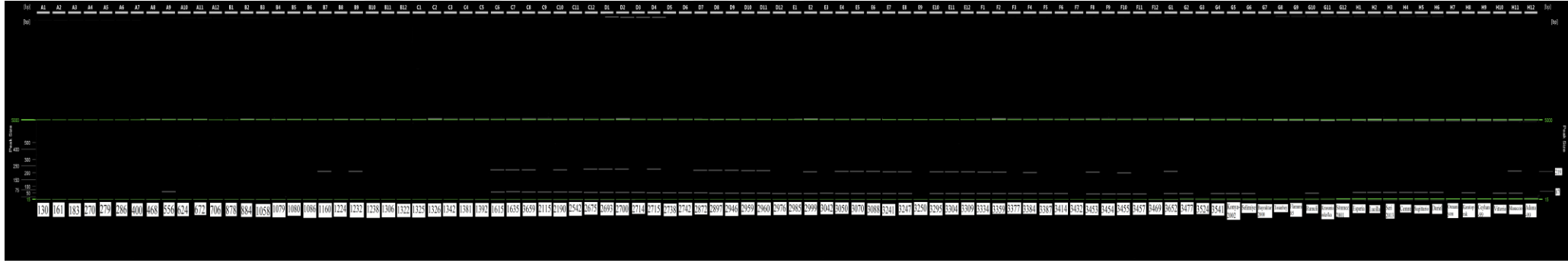
Çalışmada kullandığımız 161 ve 884 çeşitlerinde çavdar translokasyonu geni tespit edilmiştir (Şekil 4.5.). NOR primeri ile ilgili yapılan çalışmalarda, Koçyiğit (2019) istenilen gen bölgesini 3 melez kombinasyonunda elde ettiğini bildirmiştir. Çalışmamızın daha önce yapılan çalışmayla uyum içinde olduğu görülmektedir.



Şekil 4.6. Pina primerine ait jel görüntüsü.

Pina primeri tane sertliği özelliğinin tespitinde kullanılan bir belirteçtir. Gautier ve ark. (1994) 330 bç, Tranquilli ve ark. (1999) 331 bç ve Teniente Pérez ve ark. (2017) 260 bç uzunluğunda allel elde ettiklerini ve bu allellerin tane sertliğiyle ilişkili olduğunu ifade etmişlerdir.

Çalışmada kullandığımız 672, 3088, 3384, 3414 ve 3541 çeşitlerinde tane sertliği geni tespit edilmiştir (Şekil 4.6.). Pina primeri ile ilgili yapılan çalışmalarda, Koçyiğit (2019) istenilen gen bölgesini elde edemediğini bildirmiştir. Sonuçlar arasındaki bu farklılığın özellikle kullanılan çeşitlerin genetik özelliklerinden kaynaklanabileceği düşünülmektedir.



4.2.3. Genotiplere göre oluşturulmuş filogenetik ağaç ve genotipler arasındaki genetik benzerliklerin değerlendirilmesi

96 adet ekmeklik buğday çeşidi, 7 adet DNA markörleri ile tarandıktan sonra elde edilen veriler UPGMA (Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages) yöntemi kullanılarak Weir, (1996)'nın genetik benzerlik matrisine göre filogenetik ağaç oluşturulmuştur. (Şekil 4.8.).

Yapılan analizlerde; Sarı pas ve Kara pas hastalık türleri ile Gluten mukavemeti, Cücelik (Rht-D1b), Çavdar Translokasyonları ve Dane sertliği gibi kalite özelliklerine ilişkin veriler sonucunda filogenetik ağaç ilk aşamada;

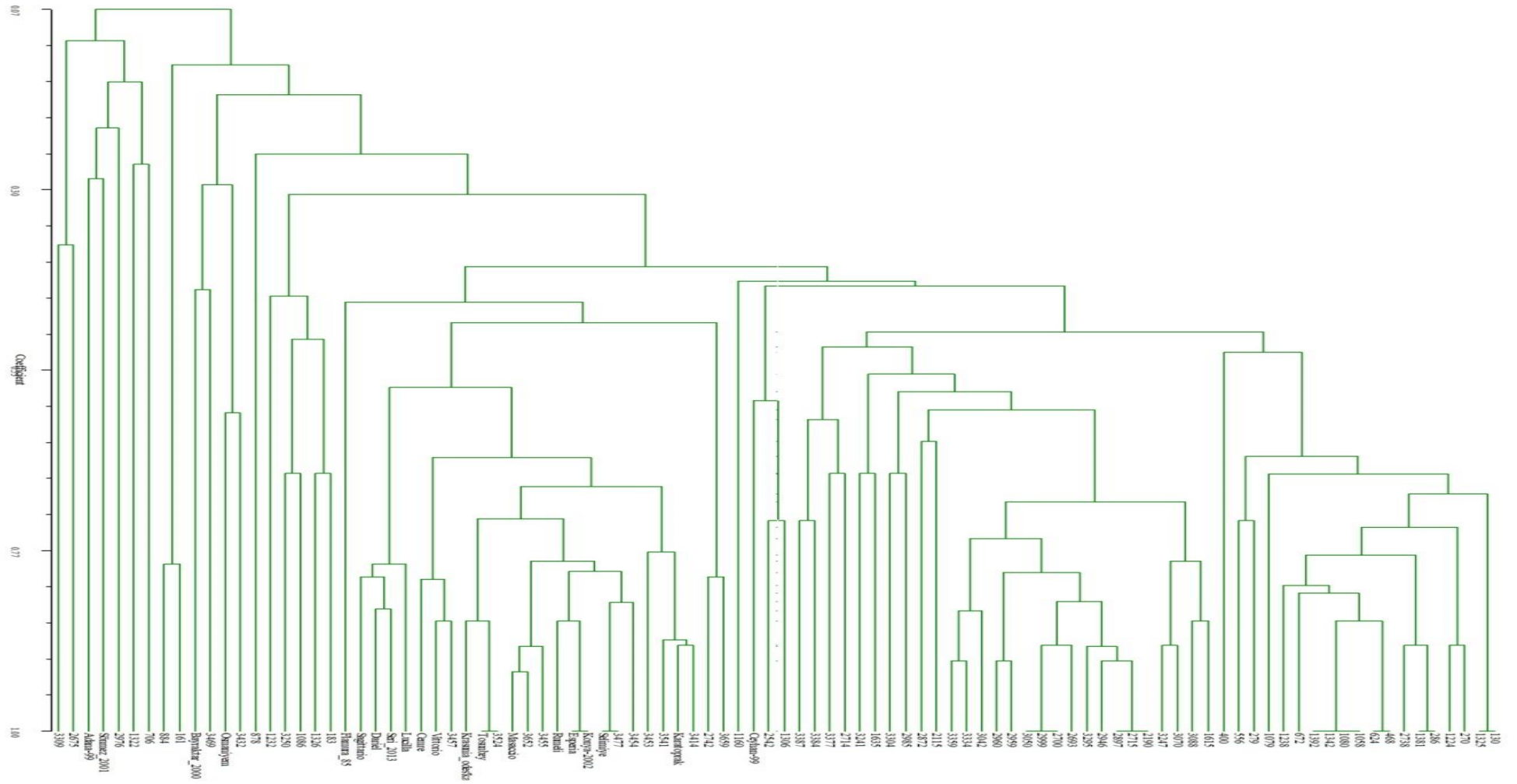
3652 ile Masaccio genotipi yaklaşık olarak % 93 benzer genetik yapıya sahip; 2190, 2715 ve 2897 genotipler 2946 genotipi ile; 2959 ile 2960 genotipi; 3334 ile 3359 genotipi yaklaşık olarak % 91 benzer genetik yapıya sahip olarak bulundu.

270 ile 1224 genotipi ile; 286 ve 1381 genotipler 2738 genotipi ile; 3070 ile 3247 genotipi; 2190, 2715 ve 2897 genotipleri 2946 genotipi ile; 2700, 2999 ve 3050 genotipler; 3414 ile Karatopak genotipi; 3652 ile Masaccio genotipi 3455 genotipi ile yaklaşık olarak % 89 benzer genetik yapıya sahip olarak bulundu.

Konya-2002 ve Esperia genotipleri Rumeli genotipi ile; 3524 ve Tosunbey genotipi Krasunia odes'ka genotipi ile; 3457 ve Vittorio genotipi; 3042, 3334 ve 3359 genotipler; 1058, 1080, 1342 ve 1392 genotipleri ile 468 ve 624 genotipleri; 1615 ve 3088 genotipleri yaklaşık olarak % 84 benzer genetik yapıya sahip olarak bulundu.

Seri-2013 ve Dariel genotipleri yaklaşık olarak % 83 benzer genetik yapıya sahip olarak bulundu.

1238 ile 672 genotipler, 1058, 1080, 1342 ve 1392 nolu genotipler ile; 3659 ve 2742 genotipler ile; 3457, Vittorio ve Cemre genotipi; Seri-2013 ve Dariel genotipleri ile Sagittario yaklaşık olarak % 80 benzer genetik yapıya sahip olarak bulundu.



96 ekmeklik buğday genotipinin SSR markör taraması sonucunda spesifik alel gen veren bantların dağılımı Çizelge 4.13’de verilmiştir.

Çizelge 4.13. SSR markör taraması sonucunda spesifik alel gen veren bantların dağılımı

Genotip	Sun 1 219bp Waxy	Sun 104 225bp Sarı pas	Sun 209 148bp Kahvereng i pas	Pina 330pb Dane sertliği	Bx7OE 563bp Gluten Mukaveme ti	DF-MR2 254bp Cücelik (Kısa)	NOR 400,600,70 0,800bp Çavdar Translokas yonları
130							
161							+
183							
270							
279							
286							
400							
468							
556							
624							
672				+			
706							
878							
884							+
1058							
1079							
1080							
1086							
1160	+						
1224							
1232	+						
1238							
1306							
1322							
1325							
1326							
1342							
1381							
1392							
1615	+						
1635	+	+					
3659	+						
2115		+					
2190	+						
2542							
2675	+						
2693	+						
2700	+						
2714							

Çizelge 4.13. Devamı

<i>Genotip</i>	Sun 1 219bp Waxy	Sun 104 225bp Sarı pas	Sun 209 148bp Kahverengi pas	Pina 330pb Dane sertliği	Bx7OE 563bp Gluten Mukaveme ti	DF-MR2 254bp Cücelik (Kısa)	NOR 400,600,70 0,800bp Çavdar Translokas yonları
2715	+						
2738							
2742							
2872	+						
2897	+						
2946	+						
2959	+						
2960	+						
2976							
2985							
2999	+						
3042							
3050	+						
3070	+						
3088	+			+			
3241	+						
3247	+						
3250							
3295	+						
3304	+						
3309	+						
3334	+						
3359	+						
3377							
3384	+			+			
3387							
3414				+			
3432							
3453	+						
3454							
3455	+						
3457							
3469							
3652	+						
3477							
3524							
3541				+			
Konya-2002							
Selimiye							
Bayraktar -							
2000							
Tosunbey							

Çizelge 4.13. Devamı

<i>Genotip</i>	Sun 1 219bp Waxy	Sun 104 225bp Sarı pas	Sun 209 148bp Kahverengi pas	Pina 330pb Dane sertliği	Bx7OE 563bp Gluten Mukaveme ti	DF-MR2 254bp Cücelik (Kısa)	NOR 400,600,70 0,800bp Çavdar Translokas yonları
Flamura-85							
Rumeli							
Krasunia							
odes'ka							
Sönmez- 2001							
Esperia							
Lucilla							
Seri-2013							
Cemre							
Sagittario							
Dariel							
Osmaniyem							
Karatopak							
Ceyhan-99							
Vittorio							
Masaccio	+						
Adana-99			+				

4.3. Araştırmaya Alınan Özelliklerde Biyometrik Genetik Değerlendirmeler

96 ekmeklik buğday genotipi üzerinde (76 adet yerel genotip ve 20 standart çeşit) incelenen özelliklerden elde edilen fenotipik veriler ve moleküler çalışmalar sonucunda Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635 ve 2115 genotipleri ebeveyn olarak belirlenmiştir. Bu ebeveynler arasında 6x6 yarım diallel melezleme yapılmış ve ebeveynler ile elde edilen 15 F₁ melezlerine ait bulgular sırasıyla değerlendirilerek aşağıda verilmiştir.

4.3.1. Başaklanma süresi (gün)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaklanma sürelerine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.14' de verilmiştir.

Çizelge 4.14'de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F₁'lere ait ortalama başaklanma süresi 126.14 gün olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait başaklanma süresi ortalaması 129.5 gün olurken, F₁ melez kombinasyonlarının ortalaması ise 134.06 gün olarak gerçekleşmiştir. Başaklanma süresi yönünden F₁ melez kombinasyonlarına ait ortalama

değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; 2115 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (139.05 gün) sahip olup, Adana-99 ve Masaccio genotiplerinin dahil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere sırasıyla (129.72 ve 129.94 gün) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek başaklanma süresi 2115 (141 gün) genotipinden, en düşük başaklanma süresi Adana-99 ve Masaccio (121 gün) genotipilerinden elde edilirken, melezler arasında ise başaklanma süresi en yüksek 150 gün ile Lucilla x 2115 melezinden, en düşük başaklanma süresi ise 127.66 gün ile Flamura-85 x Lucilla ve Masaccio x 1635 melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaklanma sürelerine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.15’ de verilmiştir.

Çizelge 4.15’de, F₁ melez populasyonlarındaki başaklanma süresine ait heterosis değerleri % - 6.81 (Flamura-85 x Lucilla) ile % 10.16 (Adana-99 x Masaccio); heterobeltiosis değerleri ise % -14.89 (Flamura-85 x Lucilla) ile % 9.86 (Adana-99 x Masaccio) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis değeri, Adana-99 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 2.84), en yüksek heterobeltiosis değeri ise, Masaccio genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Hb: % -1.85), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Lucilla genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -3.24, Hb: % -9.82) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.15’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda başaklanma süresi özelliği yönünden ortalama % 1.1 oranında heterosis, % -3.88 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.14. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	<u>121</u> ^K	128.66 ^I	133.66 ^F	130 ^H	133.33 ^F	131.66 ^G	129.72	22.122	21.300
Flamura-85		124 ^J	130.33 ^H	<u>127.66</u> ^I	137.66 ^D	136.33 ^E	130.77	28.200	36.889
Masaccio			<u>121</u> ^K	128 ^I	<u>127.66</u> ^I	139 ^C	129.94	35.033	22.100
Lucilla				131 ^{G H}	140.66 ^B	<u>150</u> ^A	134.55	80.533	71.533
1635					139 ^C	136.33 ^E	135.77	22.289	23.833
2115						<u>141</u> ^B	139.05	38.767	18.200
F ₁ 'ler ort.							134.06		
Ebeveynler ort.							129.50		
Genel ort.							126.14		

Çizelge 4.15. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		5.02	<u>10.16</u>	-4.05	2.56	0.50
	Hb		3.75	<u>9.86</u>	-13.33	-4.07	-6.62
P(2)	Ht			5.83	<u>-6.81</u>	4.68	2.89
	Hb			5.10	<u>-14.89</u>	-0.96	-3.31
P(3)	Ht				-5.76	-2.04	5.84
	Hb				-14.66	-8.15	-1.41
P(4)	Ht					-2.65	3.09
	Hb					-6.22	0
P(5)	Ht						-2.62
	Hb						-3.31
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	<u>2.84</u>	2.32	2.81	<u>-3.24</u>	-0.01	1.94
	Hb	-2.08	-2.06	<u>-1.85</u>	<u>-9.82</u>	-4.54	-2.93

Ort. Heterosis Ht: % 1.11 Ort. Heterobelthiosis Hb: % -3.88
P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio
P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F₁ generasyonlarında başaklanma süresine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.16’da verilmiştir.

Çizelge 4.16’da görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.16’da biyometrik olarak önemli belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.16. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin Diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	617.33	123.46	230.81**
b	15	401.34	26.75	50.01**
b1	1	89.21	89.21	166.79**
b2	5	30.27	6.05	11.32**
b3	9	281.85	31.31	58.54**
Hata	40	21.39	0.53	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda başaklanma süresi için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.17’de verilmiştir.

Çizelge 4.17’de başaklanma süresi (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) 0.05 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.17).

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D) ile düzeltilmiş dominantlık varyansı (H_2) önemli bulunması ve D- H_1 değerinin negatif çıkması başaklanma süresi özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır (Çizelge 4.17).

Çizelge 4.17’de, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (1.131) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D- H_1) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25’den farklı (0.343) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (26.552) bulunmuş olması, dominant allellerin çoğunlukta

olduğunu ve F_1 'lerin ebeveynlerinin ortalamalarını aştığını göstermektedir. Ayrıca, b_2 'nin önemli bulunması, genlerin dağılışımda bir eşitsizliğin olduğunu belirtmektedir. Dominant ve resesif allellerin oranının (KD/KR) 1'den büyük (1.355) olması dominant allellerin çoğunlukta olduğunu desteklemektedir.

Çizelge 4.17. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.175	± 9.225
D	77.837*	± 24.407
F	26.552	± 59.626
H_1	99.605	± 61.960
H_2	136.535*	± 55.350
(D- H_1)	-21.768	± 54.337
$(H_1/D)^{1/2}$	1.131	
$(H_2/4H_1)$	0.343	
KD/KR	1.355	
h^2	55.047	± 37.254
$K(h^2/H_2)$	0.403	
Hg	0.976	
Hd	0.513	
$ryr, (Wr.Vr)$	0.055	

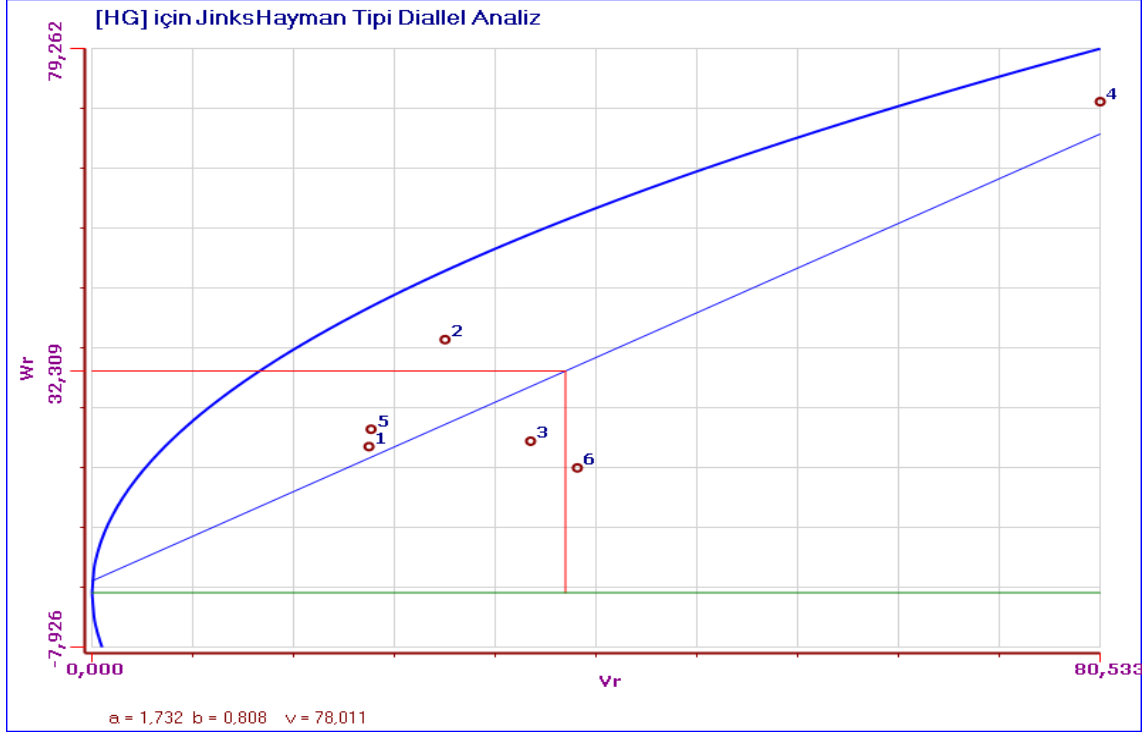
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.403$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.976 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise 0.513 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($ryr, (Wr+Vr)$) pozitif (0.055) çıkması başaklanma süresi yüksek olan ebeveynlerin resesif allellere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda başaklanma süresi bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait $Wr-Vr$ grafiği Şekil 4.9'da verilmiştir.

Şekil 4.9'da başaklanma süresi açısından $Wr-Vr$ grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a:1.732$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (1.131) olması ise (Çizelge 4.17) üstün dominantlığın varlığını

desteklemektedir. Şekil 4.9 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 3 ve 5 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 4 numaralı genotipin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2 ve 6 numaralı anaçlara ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.



Şekil 4.9. Başaklanma süresi için W_r/V_r grafiği

Başaklanma süresine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.18’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.19’da verilmiştir.

Çizelge 4.18. 6x6 Yarımlı Diallel F_1 generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	607.8796	121.5759	700.544**	4.61
ÖUY	15	395.5595	26.3706	151.953**	
Hata	40	6.9418	0.1735		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.18’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı 1’den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.19 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla 2115 (5.72) ve 1635 (3.01) anaçlarından, en düşük GUY etkisinin sırasıyla Adana-99 (-3.77) ve Masaccio (-3.44) anaçlarından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip 2115 ve 1635 anaçları fenotipik olarak da en yüksek değeri almış ve en düşük GUY etkisine sahip Adana-99 ve Masaccio anaçları da fenotipik olarak en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.3.6’da görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 10.38 ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer en yüksek (150 gün) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise 1635 x 2115 (-5.19), Masaccio x 1635 (-4.69) ve Flamura-85 x Masaccio (-3.61) ile kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama başaklanma süresi fenotipik olarak düşük (136.33, 127.66 ve 127.66 gün) bulunmuştur (Çizelge 4.14).

Çizelge 4.19. 6x6 Yarımlal F₁ generasyonlarında başaklanma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		2.26**	8.09**	-0.11	1.30**	-3.07**	-3.77**
Flamura-85			3.59**	-3.6**	4.47**	0.42	-2.61**
Masaccio				-2.4**	-4.6**	3.92**	-3.44**
Lucilla					3.76**	10.38**	1.09**
1635						-5.19**	3.01**
2115							5.72**
ÖUY Diziler Ort.	1.69	1.42	1.69	1.59	-0.07	1.29	
ÖUY Genel Ort.	1.27						

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Adana-99 ve Masaccio (1.69) genotiplerinin dahil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve 1635 (-0.07) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.19).

Meydana getirilen F₁ melez populasyonlarında başaklanma süresi bakımından, ortalama % 1.11 oranında heterosis ile % -3.88 oranında heterobeltiosis belirlenmesi (Çizelge 4.15), başaklanma süresi özelliği bakımından populasyonda ekseriyetle negatif

heterosis ve heterobeltiosis saptanması erkencilik açısından seleksiyon yapılabileceğini göstermektedir. Başaklanma süresi için yapılan çalışmalarda, Kruvadi (1991), Kırıl (1994), Akçura ve Topal (2006), Kutlu (2012) heterosis ve heterobeltiosis negatif değerler bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda eklemeli gen varyansı (D) ve dominantlık varyanslarından (H_2)'nin önemli ve D- H_1 'in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur. (Çizelge 4.16, 4.17, 4.18). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GUY) ve dominant (b, H_2 , ÖUY) gen etkisi bileşenlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik olduğu görülmektedir. Bundan dolayı, populasyonda, başaklanma süresi açısından hem eklemeli varyansın hem de dominantlık varyansının etkili olduğunu, araştırılan özelliğin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu ifade edebiliriz. Benzer sonuçlar, Kutlu (2012) tarafından da bulunmuştur.

Başaklanma süresi için ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1'den büyük (1.131) olması üstün dominantlığın, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünden pozitif yönden kesmesi ise kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Bu veri dominantlık derecesinin 1'den büyük olmasıyla ters düşmektedir. Bu durum araştırılan özellik açısından epistatik gen etkisiyle ilişkilendirilebilir. Başaklanma süresi özelliğinin kalıtımında, Tulukçu (2004) dominant gen etkisinin hâkimiyetini saptamışken, Nazeer ve ark. (2004), Akram ve ark. (2008) ise eklemeli gen etkisinin hâkimiyetinin etkili olduğunu ifade etmişler, Sharma ve ark. (2002), Kutlu (2012) da bu özelliğin hem dominant hem de eklemeli gen etkileriyle işleyişinin gerçekleştiğini bulmuşlardır.

Bu çalışmada başaklanma süresi için, hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, epistatik etkinin varlığı, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.2. Tane dolum periyodu (gün)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin tane dolum periyoduna ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.20’ de verilmiştir.

Çizelge 4.20’de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 ’lere ait ortalama tane dolum periyodu 41.42 gün olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait tane dolum periyodu ortalaması 46.44 gün olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 41.77 gün olarak gerçekleşmiştir. Tane dolum periyodu yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden düşük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Flamura-85 ve Adana-99 genotiplerinin dahil olduğu diziler en yüksek ortalama değerlere (47.55 ve 47.39 gün) sahip olup, 2115 ve 1635 genotiplerinin dahil olduğu diziler ise en düşük ortalama değere sırasıyla (35.83 ve 39.28 gün) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek tane dolum periyodu Adana-99 (54.66 gün) genotipinden, en düşük tane dolum periyodu 2115 (34.66 gün) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise tane dolum periyodu en yüksek 61 gün ile Adana-99 x Flamura-85 melezinden, en düşük tane dolum periyodu ise 25 gün ile Lucilla x 2115 melezinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin tane dolum periyoduna ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.21’ de verilmiştir.

Çizelge 4.20. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	54.66 ^B	61 ^A	40.66 ^I	44.33 ^G	41 ^I	42.66 ^H	47.39	71.433	44.489
Flamura-85		53.33 ^C	45.66 ^F	48.66 ^D	38 ^J	38.66 ^J	47.55	78.089	63.733
Masaccio			53 ^C	47.33 ^E	44.66 ^{FG}	35.33 ^K	44.44	36.156	26.856
Lucilla				44.66 ^{FG}	35 ^K	25 ^L	40.83	83.478	70.611
1635					38.33 ^J	38.66 ^J	39.28	11.122	12.789
2115						34.66 ^K	35.83	36.544	16.589
F ₁ 'ler ort.							41.77		
Ebeveynler ort.							46.44		
Genel ort.							41.42		

Çizelge 4.21’de, F₁ melez populasyonlarındaki tane dolum periyodu ait heterosis değerleri % - 36.96 (Lucilla x 2115) ile % 12.62 (Adana-99 x Flamura-85); heterobeltiosis ait değerler ise % -44.02 (Lucilla x 2115) ile % 11.59 (Adana-99 x Flamura-85) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri Flamura-85 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -6.52, Hb: % -14.12), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise 2115 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -36.96, Hb: % -44.02) elde edilmiştir.

Çizelge 4.21’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda tane dolum periyodu özelliği yönünden ortalama % -10.36 oranında heterosis, % -19.11 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.21. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		<u>12.62</u>	-24.46	-10.73	-11.82	-4.47
	Hb		<u>11.59</u>	-25.61	-18.89	-24.99	-21.95
P(2)	Ht			-14.38	-1.01	-17.39	-12.45
	Hb			-14.90	-10.17	-29.18	-27.95
P(3)	Ht				-3.07	-2.19	-19.39
	Hb				-10.69	-15.73	-33.33
P(4)	Ht					-15.66	<u>-36.96</u>
	Hb					-21.63	<u>-44.02</u>
P(5)	Ht						5.91
	Hb						0.86
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamlar	Ht	-7.77	<u>-6.52</u>	-12.70	<u>-13.49</u>	-8.23	-13.47
	Hb	-15.97	<u>-14.12</u>	-20.05	-21.08	-18.13	<u>-25.28</u>

Ort. Heterosis Ht: % -10.36 Ort. Heterobelthiosis Hb: % -19.11
P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio
P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarıml diallel F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.22’de verilmiştir.

Çizelge 4.22’de görüldüğü gibi yarıml diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.22. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	837,57	167,51	369,0**
b	15	504,44	33,62	74,07**
b ₁	1	93,30	93,30	205,53**
b ₂	5	30,91	6,18	13,61**
b ₃	9	380,22	42,24	93,06**
Hata	40	18,15	0,45	

Çizelge 4.22’de biyometrik olarak önemli belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda tane dolum periyodu için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.23’de verilmiştir.

Çizelge 4.23’de tane dolum periyodu (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) 0.05 düzeyinde önemli bulunmuştur. Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.23).

Diallel melez analizine göre, eklemeli gen varyansı (D), dominantlık varyansları (H_1 ve H_2) önemli bulunmaları ve D- H_1 değerinin negatif çıkması tane dolum periyodu özelliğinin ortaya çıkışında dominant gen etkisinin daha önemli olduğunu vurgulamaktadır. (Çizelge 4.23).

Çizelge 4.23. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında tane dolum periyodu (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

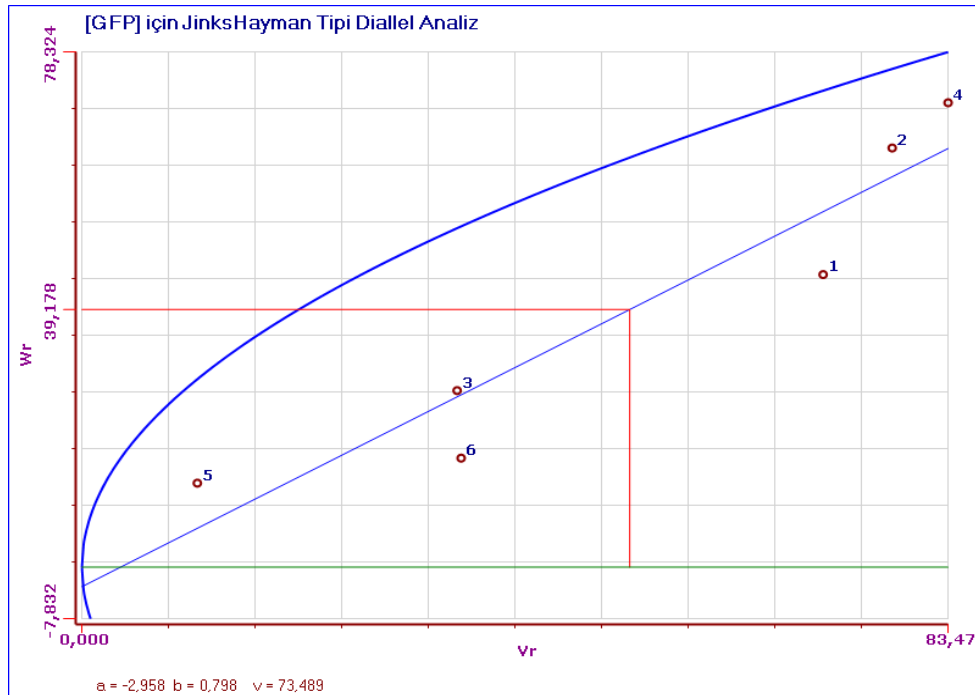
Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.175	± 8.407
D	73.314*	± 22.242
F	-9.966	± 54.334
H_1	127.527*	± 56.462
H_2	188.389*	± 50.439
(D- H_1)	-54.213	± 49.516
$(H_1/D)^{1/2}$	1.319	
$(H_2/4H_1)$	0.369	
KD/KR	0.902	
h^2	60.397	± 33.949
$K(h^2/H_2)$	0.321	
Hg	0.985	
Hd	0.347	
$r_{yr}, (W_r, V_r)$	-39.801	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.23’de, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (1.319) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın $(D-H_1)$ negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25’den farklı (0.369) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin negatif (-9.966) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1’den küçük olması resesif allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1’in altında ($K=0.321$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.985 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.347 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-39.801) çıkması tane dolum periyodu yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda tane dolum periyodu bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.10’da verilmiştir.



Şekil 4.10. Tane dolum periyodu için W_r/V_r grafiği

Şekil 4.10'da tane dolum periyodu açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a:-2.958). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Ayrıca, genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (1.319) olması (Çizelge 4.10) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.10 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 3, 5 ve 6 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 1, 2 ve 4 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır.

Tane dolum periyoduna ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.24'de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.25'de verilmiştir.

Çizelge 4.24'de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (4.97) 1'den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.24. 6x6 Yarımlı F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	857.5185	167.5037	1106.93**	4.97
ÖUY	15	504.5556	33.637	222.287**	
Hata	40	6.0529	0.1513		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.25 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla Adana-99 (4.653) ve Flamura-85 (4.611) anaçlarından, en düşük GUY etkisinin sırasıyla 2115 (-6.514) ve 1635 (-3.472) anaçlarından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Adana-99 ve Flamura-85 anaçları fenotipik olarak da en yüksek değeri almış ve en düşük GUY etkisine sahip 2115 ve 1635 anaçları da fenotipik olarak en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.20).

Çizelge 4.25'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 8.625 ile Adana-99 x Flamura-85 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer en

yüksek (61 gün) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Lucilla x 2115 (-10.08) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama tane dolum periyodu fenotipik olarak düşük (25 gün) bulunmuştur (Çizelge 4.20).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Flamura-85 (-0.4) genotipinin dahil olduğu diziler negatif yönde en yüksek ve Masaccio (-2.167) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.25).

Çizelge 4.25. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında tane dolum periyoduna (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		8.625**	-9.333**	-1.917**	-3.292**	1.417**	4.653**
Flamura-85			-4.292**	2.458**	-6.25**	-2.542**	4.611**
Masaccio				3,5**	2.792**	-3.5**	2.236**
Lucilla					-3.125**	-10.08**	-1.514**
1635						5.542**	-3.472**
2115							-6.514**
ÖUY Diziler Ort.	-0.900	-0.400	-2.167	-1.833	-0.867	-1.833	
ÖUY Genel Ort.	-1.333						

Meydana getirilen F₁ melez populasyonlarında tane dolum periyodu bakımından, ortalama % -10.36 oranında heterosis ile % -19.11 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.21). Elde edilen bu veriler melez gücünün negatif yönde olduğunu belirtmektedir. Tane dolum periyodu için yapılan çalışmalarda, Eren (2000) ortalama heterosis değeri olarak % 1.91, ortalama heterobeltiosis değeri olarak ise % -4.58, Kutlu (2012) ortalama heterosis değeri olarak % 1.18, ortalama heterobeltiosis değeri ise % 0.02 ve Çelik (2016) ise ortalama heterosis değeri olarak % 6.30, ortalama heterobeltiosis değeri ise % 2.29 olarak bulmuştur.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda eklemeli gen varyansı (D) ve dominantlık varyanslarının (H₁ ve H₂)'nin önemli ve D-H₁'in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.20, 4.21, 4.22). Üç değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, D, GUY) ve dominant (b, H₁, H₂, ÖUY) gen etkisi bileşenlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik olduğu görülmektedir. Bundan dolayı, populasyonda, tane dolum periyodu

açısından hem eklemeli varyansın hem de dominantlık varyansının etkili olduğunu, araştırılan özelliğin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu ifade edebiliriz. Benzer sonuçlar, Kutlu (2012) ve Çelik (2016) tarafından da bulunmuştur.

Tane dolum periyodu için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (1.319) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altından negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir. Tane dolum periyodu özelliğinin kalıtımında, Mahmood ve Chowdhry (1999) ve Akram ve ark. (2008) üstün dominantlığın, Şener (1997), Nazeer ve ark. (2004) de bu özellik için kısmi dominantlığın etkili olduğunu bildirmişlerdir. Kutlu (2012) ve Çelik (2016) da bu özelliğin hem dominant hem de eklemeli gen etkileriyle işleyişinin gerçekleştiğini saptamışlardır.

Bu çalışmada tane dolum periyodu için, hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, dar anlamda kalıtım derecesinin orta-düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.3. Ekim olgunlaşma süresi (gün)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin ekim olgunlaşma süresine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.26' da verilmiştir.

Çizelge 4.26'da görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama ekim olgunlaşma süresi 156.11 gün olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait ekim olgunlaşma süresi ortalaması 163.55 gün olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 164.04 gün olarak gerçekleşmiştir. Ekim olgunlaşma süresi yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Flamura-85 genotipinin dahil olduğu dizi en yüksek ortalama değerlere (167.5 gün) sahip olup, Masaccio ve Lucilla genotiplerinin dahil olduğu diziler ise en düşük ortalama değere sırasıyla (161.66 ve 162.61 gün) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek ekim olgunlaşma süresi Flamura-85 (167 gün) genotipinden, en düşük ekim olgunlaşma süresi Adana-99 (159.66 gün) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise ekim olgunlaşma süresi en yüksek 177 gün ile Adana-99 x Flamura-85 melezinden, en düşük tane dolum periyodu ise 159.66 gün ile Adana-99 x Masaccio ve Masaccio x Lucilla melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin ekim olgunlaşma süresine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.27’ de verilmiştir.

Çizelge 4.27’de, F₁ melez populasyonlarındaki ekim olgunlaşma süresine ait heterosis değerleri % - 1.84 (Masaccio x 1635) ile % 8.25 (Adana-99 x Flamura-85); heterobeltiosis ait değerler ise % -2.63 (Masaccio x 1635) ile % 5.77 (Adana-99 x Flamura-85) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis değeri, Adana-99 ve Flamura-85 genotiplerinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 1.61), en yüksek heterobeltiosis değeri ise, Flamura-85 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Hb: % 0.24), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Masaccio genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -0.72, Hb: % -1.66) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.27’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda ekim olgunlaşma süresi özelliği yönünden ortalama % 0.29 oranında heterosis, % -0.7 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.26. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	<u>159.66^J</u>	<u>177^A</u>	<u>159.66^J</u>	160 ^J	164 ^{DEFG}	162.66 ^{HI}	163.83	45.211	14.556
Flamura-85		<u>167^B</u>	165.33 ^C	165 ^{CD}	166 ^B	164.66 ^{CDE}	167.50	22.333	-7.700
Masaccio			161.66 ^I	<u>159.66^J</u>	160 ^J	163.66 ^{FGH}	161.66	5.844	4.900
Lucilla				163.33 ^{FGH}	164.66 ^{CDE}	163 ^{GH}	162.61	5.722	5.278
1635					164.33 ^{CDEF}	165.33 ^C	164.05	5.478	4.111
2115						165.33 ^C	164.11	1.689	2.444
F ₁ ’ler ort.							164.04		
Ebeveynler ort.							163.55		
Genel ort.							156.11		

Çizelge 4.27. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		<u>8.25</u>	-0.62	-0.92	1.23	0.09
	Hb		<u>5.77</u>	-1.23	-2.03	0.20	-1.61
P(2)	Ht			0.50	-0.20	0.50	-1.00
	Hb			-1.19	-1.40	-0.40	-1.59
P(3)	Ht				-1.74	<u>-1.84</u>	0.09
	Hb				-2.24	<u>-2.63</u>	-1.01
P(4)	Ht					0.5	-0.8
	Hb					0.2	-1.4
P(5)	Ht						0.3
	Hb						0
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	<u>1.61</u>	<u>1.61</u>	<u>-0.72</u>	-0.63	0.14	-0.26
	Hb	0.22	<u>0.24</u>	<u>-1.66</u>	-1.37	-0.53	-1.12

Ort. Heterosis Ht: % 0.29 Ort. Heterobelthiosis Hb: % -0.70

P(1) : Adana-99

P(2) : Flamura-85

P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla

P(5) : 1635

P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresi ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.28’de verilmiştir.

Çizelge 4.28’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.28’de biyometrik olarak önemsiz belirlenen b₁ alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olmadığını belirtmektedir. b₂ alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.28. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	119,37	23,87	47,30**
b	15	167,04	11,13	22,06**
b1	1	1,02	1,02	2,03
b2	5	47,68	9,53	18,89**
b3	9	118,33	13,14	26,04**
hata	40	20,19	0,50	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarıml diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda ekim olgunlaşma süresi için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.29’da verilmiştir.

Çizelge 4.29’da tane dolum periyodu (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H₁) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂) ve Çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.29).

Çizelge 4.29. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.175	±13.362
D	7.392	±35.353
F	-0.825	±86.367
H ₁	48.894	±89.746
H ₂	52.707	±80.173
(D-H ₁)	-41.502	±78.706
(H ₁ /D) ^{1/2}	2.572	
(H ₂ /4H ₁)	0.269	
KD/KR	0.958	
h ²	0.537	±53.962
K(h ² /H ₂)	0.01	
Hg	0.927	
Hd	0.128	
ryr,(Wr.Vr)	-961.493	

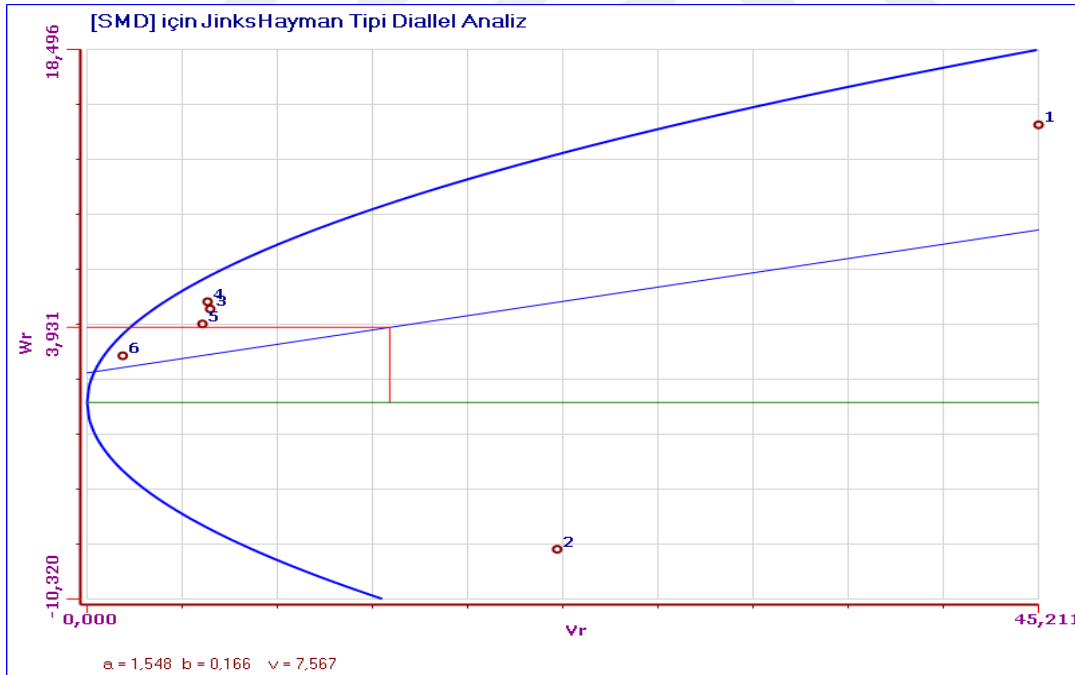
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.29’da, ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (2.572) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D-H₁) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli

gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25’den farklı (0.269) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin negatif (-0.825) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1’den küçük olması (0.958) resesif allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1’in altında ($K=0.01$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.927 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.128 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-961.493) çıkması ekim olgunlaşma süresi yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda tane dolum periyodu bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.11’de verilmiştir.



Şekil 4.11. Ekim olgunlaşma süresi için W_r/V_r grafiği

Şekil 4.11’de ekim olgunlaşma süresi açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir (a : 1.548). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu

göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.572) olması (Çizelge 4.29) ise üstün dominantlığın varlığını işaret etmektedir. Şekil 4.11 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 3, 4, 5 ve 6 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 1 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Ekim olgunlaşma süresine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.30'da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.31'de verilmiştir.

Çizelge 4.30. 6x6 Yarımlı Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	127.8889	25.5778	152.019**	2.34
ÖUY	15	163.7302	10.9153	64.874**	
Hata	40	6.7302	0.1683		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.30'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (2.34) 1'den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.31 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Flamura-85 (3.208) anacından, en düşük GUY etkisinin Masaccio (-2.0) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Flamura-85 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri almış ve en düşük GUY etkisine sahip Masaccio anacı da fenotipik olarak en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.31'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 10.464 ile Adana-99 x Flamura-85 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değer en yüksek (177 gün) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Flamura-85 x 2115 (-2.786) kombinasyonları olarak bulunmuştur.

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Adana-99 ve Flamura-85 (1.214) genotipinin dahil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve Masaccio (-0.686) genotipinin dahil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.31).

Çizelge 4.31. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında ekim olgunlaşma süresine (gün) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		10.464**	-1.661**	-2.244**	0.464	-0.952**	-0.625**
Flamura-85			0.173	-1.077**	-0.702*	-2.786**	3.208**
Masaccio				-1.202**	-2.161**	1.423**	-2.0**
Lucilla					1.589**	-0.161	-1.083**
1635						0.881**	0.208
2115							0.292*
ÖUY Diziler Ort.	1.214	1.214	-0.686	-0.619	0.014	-0.319	
ÖUY Genel Ort.	0.137						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında ekim olgunlaşma süresi bakımından, ortalama % 0.29 oranında heterosis ile % -0.70 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.27). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu belirtmektedir. Ekim olgunlaşma süresi için yapılan çalışmalarda, Akıncı (2009) bu özellik için en yüksek % 1.10 heterosis değeri bulmuş, Çelik (2016) ise bu özellik için % 0.32 heterosis ve % -2.94 oranında heterobeltiosis değeri bildirmiştir. Hammad ve ark. (2013) özel uyum yeteneğinin pozitif yönde olduğunu bildirmişlerdir. Bulgularımız daha önce yapılan çalışmalar ile uyusmaktadır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve unsurları (b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda genetik parametrelerin tamamı önemsiz olarak bulunmuş ve D-H₁'in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.28, 4.29, 4.30). İki değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, GUY) ve dominant (b, b₂, b₃, ÖUY) gen etkisi bileşenlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik olduğu görülmektedir. Bu çelişkili durum allelik olmayan gen etkileşimlerinden kaynaklanmaktadır. Populasyonda ekim olgunlaşma süresi açısından hem eklemeli varyansın hem de dominantlık varyansının etkili olduğunu, araştırılan özelliğin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu ifade edebiliriz. Benzer sonuçlar, Hammad ve ark. (2013), Çelik (2016) tarafından da

bulunmuştur. Bulgularımızın daha önce yapılan çalışmalar ile uyum içinde olduğu görülmektedir.

Başaklanma süresi için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.572) olması üstün dominantlığın, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünden pozitif yönden kesmesi ise kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Bu çalışmada ekim olgunlaşma süresi için, hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, epistatik etkinin varlığı, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.4. Bitki boyu (cm)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bitki boyu uzunluğuna ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.32' de verilmiştir.

Çizelge 4.32'de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama bitki boyu uzunluğu 88.33 cm olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait bitki boyu uzunluğu ortalaması 100.42 cm olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 88.80 cm olarak gerçekleşmiştir. Bitki boyu uzunluğu yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden düşük çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; 1635 genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değerlere (101.70 cm) sahip olup, Lucilla genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (79.55 cm) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek bitki boyu uzunluğu 1635 (121.56 cm) genotipinden, en düşük bitki boyu uzunluğu Masaccio (88.46 cm) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise bitki boyu uzunluğu en yüksek 107.43 cm ile Masaccio x 1635 melezinden, en düşük bitki boyu uzunluğu ise 47.43 cm ile Lucilla x 2115 melezinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bitki boyu uzunluğuna ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (H_t) ve heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.33' de verilmiştir.

Çizelge 4.33’de, F₁ melez populasyonlarındaki bitki boyu uzunluğuna ait heterosis değerleri % - 51 (Lucilla x 2115) ile % 2.34 (Adana-99 x 2115); heterobeltiosis ise % -53.93 (Lucilla x 2115) ile % 0.68 (Adana-99 x 2115) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Flamura-85 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -4.96, Hb: % -9.97), en düşük ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise Lucilla genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -19.39, Hb: % -23.60) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.33’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda bitki boyu uzunluğu özelliği yönünden ortalama % -11.53 oranında heterosis, % -17.25 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.32. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	106.4 ^B	81.16 ^{HI}	82.3 ^H	81.3 ^{HI}	90.23 ^{EF}	107.13 ^B	91.42	154.929	79.315
Flamura-85		92.5 ^E	90.93 ^{EF}	89.23 ^F	102.73 ^C	97.53 ^D	92.35	55.409	43.191
Masaccio			88.46 ^{FG}	86.66 ^G	107.43 ^B	79.7 ^I	89.25	97.651	68.152
Lucilla				90.63 ^{EF}	82.03 ^{HI}	47.43 ^J	79.55	261.983	-57.744
1635					121.56 ^A	106.23 ^B	101.70	195.417	97.289
2115						102.96 ^C	90.16	541.283	191.228
F ₁ ’ler ort.							88.80		
Ebeveynler ort.							100.42		
Genel ort.							88.33		

Çizelge 4.33. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		-18.41	-15.52	-17.47	-20.83	<u>2.34</u>
	Hb		-23.72	-22.65	-23.59	-25.77	<u>0.68</u>
P(2)	Ht			0.46	-2.58	-4.04	-0.23
	Hb			-1.76	-3.60	-15.50	-5.27
P(3)	Ht				-3.2	2.3	-16.72
	Hb				-4.36	-11.62	-22.6
P(4)	Ht					-22.68	<u>-51</u>
	Hb					-32.51	<u>-53.93</u>
P(5)	Ht						-5.37
	Hb						-12.61
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	-13.98	<u>-4.96</u>	-6.54	<u>-19.39</u>	-10.12	-14.20
	Hb	-19.01	<u>-9.97</u>	-12.60	<u>-23.60</u>	-19.60	-18.75

Ort. Heterosis Ht: % -11.53 Ort. Heterobeltiosis Hb: % -17.25

P(1) : Adana-99

P(2) : Flamura-85

P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla

P(5) : 1635

P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.34’de verilmiştir.

Çizelge 4.34’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.34’de biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.34. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	1752.16	350.43	150.17**
b	15	2882.40	192.16	82.35**
b_1	1	578.37	578.37	247.86**
b_2	5	448.58	89.71	38.44**
b_3	9	1855.43	206.15	88.34**
Hata	40	93.33	2.33	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda bitki boyu uzunluğu için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.35’de verilmiştir.

Çizelge 4.35’de bitki boyu uzunluğu (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve Çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.35).

Çizelge 4.35’de, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (2.167) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın ($D-H_1$) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin

frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25'den farklı (0.273) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (38.258) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1'den büyük olması (1.117) dominant allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.459$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.969 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.183 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-67.171) çıkması bitki boyu uzunluğu yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.35. 6x6 Yarımlı F₁ generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

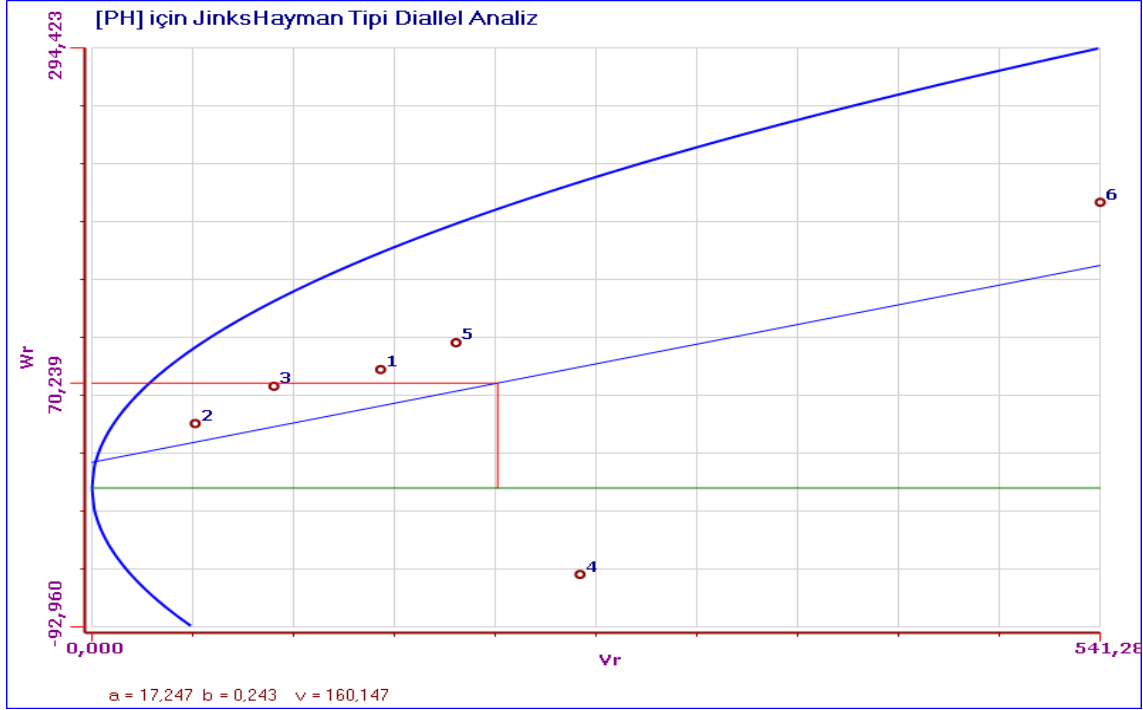
Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.811	±128.756
D	159.336	±340.657
F	38.258	±832.226
H ₁	748.144	±864.789
H ₂	817.832	±772.538
(D-H ₁)	-588.838	±758.400
(H ₁ /D) ^{1/2}	2.167	
(H ₂ /4H ₁)	0.273	
KD/KR	1.117	
h ²	375.191	±519.969
K(h ² /H ₂)	0.459	
H _g	0.969	
H _d	0.183	
r _{yr} , (W _r .V _r)	-67.171	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 genotipe ait yarımlı F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda bitki boyu uzunluğu bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.12'de verilmiştir.

Şekil 4.12'de bitki boyu uzunluğu açısından W_r-V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir (a: 17.247). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Ayrıca, genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin

$((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.167) olması (Çizelge 4.35) ise üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.12 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 2, 3 ve 5 numaralı genotiplerin orijine yakın olmaları nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdıkları, 6 numaralı genotipin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 4 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.



Şekil 4.12. Bitki boyu için W_r/V_r grafiği

Bitki boyu uzunluğuna ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.36'da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.37'de verilmiştir.

Çizelge 4.36. 6x6 Yarımlı Diallel F_1 generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	1752,3227	350,4645	450,576**	1,82
ÖUY	15	2882,5542	192,1703	247,064**	
Hata	40	31,1126	0,7778		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.36’da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (1.82) 1’den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.37 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin 1635 (10.864) anacından, en düşük GUY etkisinin Lucilla (-9.619) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip 1635 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri almış ve en düşük GUY etkisine sahip Lucilla anacı da fenotipik olarak en düşük değerleri almıştır (Çizelge 4.32).

Çizelge 4.37’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 13.866 ile Adana-99 x 2115 ve 7.058 ile de Masaccio x 1635 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de sırasıyla en yüksek (107.13 ve 107.43 cm) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Lucilla x 2115 (-34.95) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama bitki boyu uzunluğu fenotipik olarak düşük (47.43 cm) bulunmuştur (Çizelge 4.32).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Flamura-85 (0.009) genotipinin dâhil olduğu dizi pozitif yönde en yüksek ve Lucilla (-7.098) genotipinin dâhil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.37).

Çizelge 4.37. 6x6 Yarımlal F₁ generasyonlarında bitki boyu uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		-12.446**	-8.467**	2.463**	-14.013**	13.866**	1.256**
Flamura-85			1.191**	6.495**	-0.488	5.291**	0.231
Masaccio				6.774**	7.058**	-9.696**	-2.615**
Lucilla					-11.338**	-34.95**	-9.619**
1635						3.358**	10.864**
2115							-0.115
ÖÜY Diziler Ort.	-4.705	0.009	-0.628	-7.098	-3.085	-4.428	
ÖÜY Genel Ort.	-3.322						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında bitki boyu uzunluğu bakımından, ortalama % -11.53 oranında heterosis ile % -17.25 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.33). Elde edilen bu veriler melez gücünün negatif yönde olduğunu belirtmektedir. Bitki boyu uzunluğu için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve

heterobeltiosis deęerlerini, Eren (2000) % -7.37 ve % -18.32, Yıldırım (2005) % 5.54 ve % -1.99, Yazıcı (2015) % 7.51 ve % - 0.42, elik (2016) % 3.29 ve % -5.62, Ferahoęlu (2018) % 8.22 ve % 1.81, Dursun (2019) % 11.7 ve % 6.99 olarak bulmuřlardır.

İncelenen populusyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuřtur. Diallel melez analizi yönteminde ise genetik parametreler önemsiz olarak bulunmuř ve $D-H_1$ 'in negatif olduęu saptanmıřtır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre deęerlendirme de hem eklemeli varyansa karřılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karřılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuřtur (izelge 4.34, 4.35, 4.36). İki deęerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, GUY) ve dominant (b , b_2 , b_3 , ÖUY) gen etkisi bileřenlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik olduęu görölmektedir. Bu eliřkili durum allelik olmayan gen etkileřimlerinden kaynaklanmaktadır. Populusyonda bitki boyu uzunluęu aısından hem eklemeli varyansın hem de dominantlık varyansının etkili olduęunu, arařtırılan özellięin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduęunu ifade edebiliriz. Benzer sonuçlar, Akgün ve Topal (2002), Kutlu (2012), Yazıcı (2015), elik (2016) tarafından da bulunmuřtur. Bulgularımız daha önce yapılan alıřmalar ile uyum içinde olduęu görölmektedir.

Bitki boyu için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.167) olması üstün dominantlıęın, W_r/V_r grafięinde regresyon doęrusunun Y eksenini orijinin üstünden pozitif yönden kesmesi ise kısmi dominantlılıęın etkili olduęunu göstermiřtir.

Bu alıřmada bitki boyu uzunluęu için, hem eklemeli hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, epistatik etkinin varlıęı, etkili gen ifti sayısının belirlenememesi, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doęru olacaęını düşündürmektedir.

4.3.5. Bařak uzunluęu (cm)

6 ekmeklik buęday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bařak uzunluęuna iliřkin fenotipik deęerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) deęerleri izelge 4.38' de verilmiřtir.

izelge 4.38'de göröldüęü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama bařak uzunluęu 12.43 cm olarak gerekleřmiřtir. Ebeveynlere ait bařak uzunluęu ortalaması 12.30 cm olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 13.31 cm olarak gerekleřmiřtir.

Başak uzunluğu yönünden F₁ melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Adana-99 genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (14.21 cm) sahip olup, 2115 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (12.02 cm) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek başak uzunluğu Adana-99 (14.76 cm) genotipinden, en düşük başak uzunluğu Masaccio (9.4 cm) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise başak uzunluğu en yüksek 16.26 cm ile Adana-99 x Lucilla melezinden, en düşük başak uzunluğu ise 10.16 cm ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başak uzunluğuna ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.39’ da verilmiştir.

Çizelge 4.38. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	<u>14.76</u> ^B	15.76 ^A	16.03 ^A	<u>16.26</u> ^A	10.46 ^F	12 ^{DE}	14.21	5.998	-1.204
Flamura-85		13.3 ^C	15.76 ^A	13.43 ^C	10.43 ^F	11.96 ^{DE}	13.44	4.610	-0.494
Masaccio			<u>9.4</u> ^C	14.63 ^B	14.43 ^B	12.26 ^D	13.75	6.422	4.342
Lucilla				11.46 ^E	11.83 ^{DE}	<u>10.16</u> ^F	12.96	5.142	1.235
1635					13.33 ^C	14.2 ^B	12.45	3.364	-2.418
2115						11.53 ^{DE}	12.02	1.721	0.680
F ₁ ’ler ort.							13.31		
Ebeveynler ort.							12.30		
Genel ort.							12.43		

Çizelge 4.39’da, F₁ melez populasyonlarındaki başak uzunluğuna ait heterosis değerleri % - 25.49 (Adana-99 x 1635) ile % 40.26 (Masaccio x Lucilla); heterobeltiosis ise % -29.13 (Adana-99 x 1635) ile % 27.66 (Masaccio x Lucilla) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Masaccio genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 31.23, Hb: % 13.83), en düşük

ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri ise 1635 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % -2.12, Hb: % -9.47) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.39’da görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda başak uzunluğu özelliği yönünden ortalama % 9.27 oranında heterosis, % 0.64 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.39. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		12.33	32.70	24.02	<u>-25.49</u>	-8.67
	Hb		6.77	8.60	10.16	<u>-29.13</u>	-18.70
P(2)	Ht			38.85	8.30	-21.75	-3.78
	Hb			18.22	0.75	-21.75	-10.27
P(3)	Ht				<u>40.26</u>	27.02	17.3
	Hb				<u>27.66</u>	8.25	6.41
P(4)	Ht					-4.6	-11.65
	Hb					-11.25	-11.88
P(5)	Ht						14.23
	Hb						6.52
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	6.98	6.79	<u>31.23</u>	11.27	<u>-2.12</u>	1.49
	Hb	-4.46	-1.26	<u>13.83</u>	3.09	<u>-9.47</u>	-5.58

Ort. Heterosis Ht: % 9.27 Ort. Heterobeltiosis Hb: % -0.64

P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F₁ generasyonlarında başak uzunluğuna ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.40’da verilmiştir.

Çizelge 4.40’da görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.40’da biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b₁ alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli

olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.40. 6x6 Yarıml Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	1752.16	350.43	150.17**
b	15	2882.40	192.16	82.35**
b1	1	578.37	578.37	247.86**
b2	5	448.58	89.71	38.44**
b3	9	1855.43	206.15	88.34**
Hata	40	93.33	2.33	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarıml diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda başak uzunluğu için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.41’de verilmiştir.

Çizelge 4.41’de başak uzunluğu (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve Çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.41).

Çizelge 4.41’de, ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1’den büyük (2.357) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın ($D-H_1$) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25’den farklı (0.212) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (5.921) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1’den büyük olması (2.049) dominant allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1’in altında ($K=0.163$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.849 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.2 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-31013.866) çıkması başak uzunluğu yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

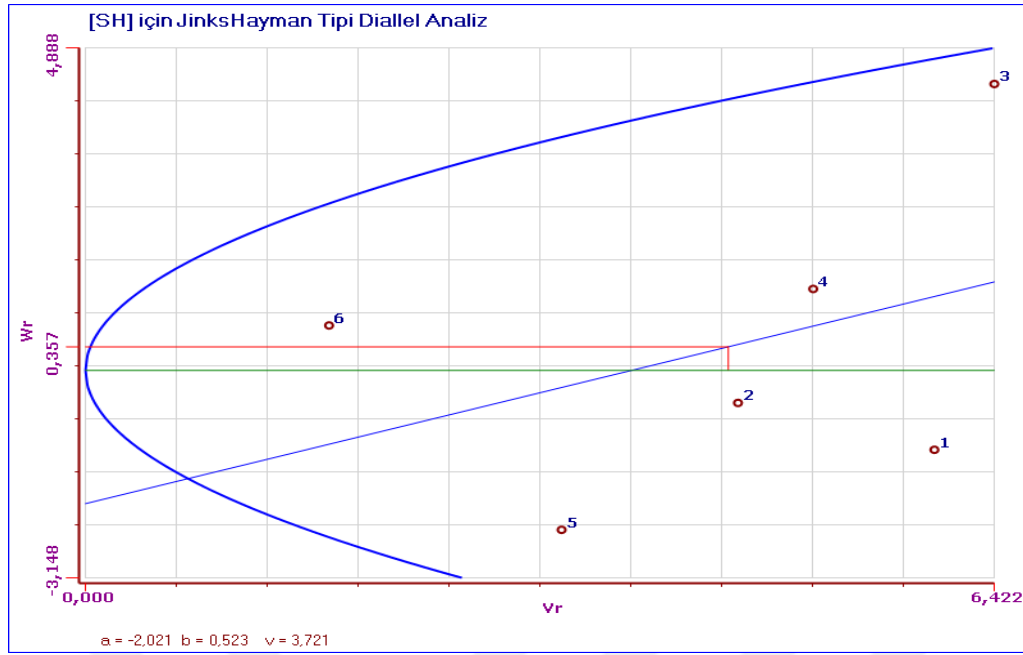
Çizelge 4.41. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sinanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.07	±2.009
D	3.651	±5.315
F	5.921	±12.983
H ₁	20.277	±13.491
H ₂	17.216	±12.052
(D-H ₁)	-16.626	±11.832
(H ₁ /D) ^{1/2}	2.357	
(H ₂ /4H ₁)	0.212	
KD/KR	2.049	
h ²	2.801	±8.112
K(h ² /H ₂)	0.163	
Hg	0.849	
Hd	0.200	
ryr,(Wr.Vr)	-31013.866	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 genotipe ait yarım diallel F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda başak uzunluğu bakımından hesaplanan varyans (Vrx) ve kovaryans (Wry) değerlerine ait Wr-Vr grafiği Şekil 4.13’de verilmiştir.

Şekil 4.13’de başak uzunluğu açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a: -2.021). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Ayrıca, genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin ((H₁/D)^{1/2}) 1’den büyük (2.357) olması (Çizelge 4.41) üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.13 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 2 ve 4 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 1, 3, 5 ve 6 numaralı genotiplere ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.



Şekil 4.13. Başak uzunluğu için W_r/V_r grafiği

Başak uzunluğuna ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.42’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.43’de verilmiştir.

Çizelge 4.42. 6x6 Yarıml Diallel F_1 generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	19.6644	3.9329	58.028**	0.87
ÖUY	15	67.6408	4.5094	66.535**	
Hata	40	2.711	0.0678		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.42’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (0.87) 1’den küçük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den küçük olması, özel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli olmayan gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.43 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Adana-99 (1.114) anacından, en düşük GUY etkisinin 2115 (-0.936) anacından elde edilmiştir. En yüksek

GUY etkisine sahip Adana-99 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri almıştır (Çizelge 4.43).

Çizelge 4.43’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 2.504 ile 1635 x 2115 ve 2.367 ile de Adana-99 x Lucilla melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de sırasıyla en yüksek (14.2 ve 16.26 cm) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Adana-99 x 1635 (-3.279) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama başak uzunluğu fenotipik olarak düşük (10.46 cm) bulunmuştur (Çizelge 4.38).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Masaccio (1.527) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve 1635 (-0.437) genotipinin dâhil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.43).

Çizelge 4.43. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başak uzunluğuna (cm) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		1.279**	1.8**	2.367**	-3.279**	-1.2**	1.114**
Flamura-85			2.296**	0.296	-2.55**	-0.471	0.351**
Masaccio				1.75**	1.704**	0.083	0.097
Lucilla					-0.563	-1.683**	-0.236
1635						2.504**	-0.39**
2115							-0.936**
ÖUY Diziler Ort.	0.193	0.170	1.527	0.433	-0.437	-0.153	
ÖUY Genel Ort.	0.289						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında başak uzunluğu bakımından, ortalama % 9.27 oranında heterosis ile % -0.64 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.39). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu belirtmektedir. Başak uzunluğu için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Sameena ve ark (2000) % 3.0 ve % 0.4, Yıldırım (2005) % 1.86 ve % -1.31, Kutlu (2012) % 3.34 ve % 1.74, Şimşek (2017) % 2.1 ve % 7.1, Ferahoğlu (2018) % 8.22 ve % 1.81, Dursun (2019) % 23.62 ve % 17.63 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi yönteminde ise genetik parametreler önemsiz olarak bulunmuş ve D-H₁’in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre

değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.40, 4.41, 4.42). Üç değerlendirme yöntemi sonucunda elde edilen verilere göre, D-H₁'in negatif, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük olarak (0.2) bulunması ve GUY/ÖUY oranının 1' den küçük (0.87) saptanması, bu özellik için dominant varyansın hakim olduğunu ifade edebiliriz. Bu özellik için; Şener (1997), Balcı ve Turgut (2002), Sharma ve ark. (2003), Yıldırım (2005), Bao ve ark. (2009), Yazıcı (2015) eklemeli gen varyansının; Yağdı ve Ekingen (1995), Şener (1997), Ferahoğlu (2018), Dursun (2019) dominantlık etkisinin; Dere (2004), Khan ve ark. (2010), Nazeer ve ark. (2011), Kutlu (2012) eklemeli ve eklemeli olmayan gen varyansının daha etkili ve üstün olduğunu bildirmişlerdir.

Başak uzunluğu için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.357) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Bu çalışmada başak uzunluğu için, dominant gen varyansının önemli bulunması, epistatik etkinin varlığı, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonda ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.6. Başaktaki Tane Sayısı (adet)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaktaki tane sayısına ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.44' de verilmiştir.

Çizelge 4.44'de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F₁'lere ait ortalama başaktaki tane sayısı 49.40 adet olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait başaktaki tane sayısı ortalaması 41.43 adet olurken, F₁ melez kombinasyonlarının ortalaması ise 55.64 adet olarak gerçekleşmiştir. Başaktaki tane sayısı yönünden F₁ melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Adana-99 genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (64.88 adet) sahip olup, 2115 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (44.16 adet) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek başaktaki tane sayısı Adana-99 (59.33 adet) genotipinden, en düşük başaktaki tane sayısı 1635 (31.73 adet) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise başaktaki tane sayısı en yüksek

89.06 adet ile Adana-99 x Flamura-85 melezinden, en düşük başaktaki tane sayısı ise 31.6 adet ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaktaki tane sayısına ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.45’ de verilmiştir.

Çizelge 4.44. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	59.33 ^D	89.06 ^A	60.13 ^D	69.76 ^B	54.83 ^E	56.16 ^E	64.88	172.834	57.698
Flamura-85		47.9 ^G	64 ^C	53.23 ^{EF}	45.3 ^{GH}	41.96 ^I	56.91	309.788	135.978
Masaccio			32.5 ^J	64.16 ^C	51.33 ^F	45.83 ^{GH}	52.99	155.365	96.049
Lucilla				43.53 ^{HI}	51.43 ^F	31.6 ^J	52.29	191.762	72.389
1635					31.73 ^J	55.83 ^E	48.41	81.967	37.028
2115						33.56 ^J	44.16	113.404	25.520
F ₁ ’ler ort.							55.64		
Ebeveynler ort.							41.43		
Genel ort.							49.40		

Çizelge 4.45’de, F₁ melez populasyonlarındaki başaktaki tane sayısına ait heterosis değerleri % - 18.02 (Lucilla x 2115) ile % 70.99 (1635 x 2115); heterobeltiosis’e ait değerler ise % -27.4 (Lucilla x 2115) ile % 66.3 (1635 x 2115) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Masaccio genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 51.51, Hb: % 35.36), en düşük ortalama heterosis değeri 1635 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 23.13) heterobeltiosis değeri ise Adana-99 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Hb: % 11.22) elde edildiği görülmektedir. Çizelge 4.45’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda başaktaki tane sayısı özelliği yönünden ortalama % 34.9 oranında heterosis, % 18.79 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.45. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		66.12	30.97	35.66	20.42	20.90
	Hb		50.10	1.34	17.60	-7.58	-5.34
P(2)	Ht			59.20	16.45	13.80	3.01
	Hb			33.61	11.12	-5.42	-12.40
P(3)	Ht				68.8	59.85	38.75
	Hb				47.4	57.93	36.52
P(4)	Ht					36.67	-18.02
	Hb					18.14	-27.4
P(5)	Ht						70.99
	Hb						66.3
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	34.81	31.72	51.51	27.91	40.35	23.13
	Hb	11.22	15.40	35.36	13.37	25.87	11.54

Ort. Heterosis Ht: % 34.90 Ort. Heterobelthiosis Hb: % 18.79

P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarıml diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.46’da verilmiştir.

Çizelge 4.46’da görüldüğü gibi yarıml diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.46’da biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b₁ alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b₂ alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

Çizelge 4.46. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	1752.01	350.40	98.77**
b	15	2206.71	147.11	41.46**
b1	1	866.07	866.07	244.13**
b2	5	250.71	50.14	14.13**
b3	9	1089.91	121.10	34.13**
Hata	40	141.90	3.54	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda başaktaki tane sayısı için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.47’de verilmiştir.

Çizelge 4.47’de başaktaki tane sayısı (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) 0.05 düzeyinde önemli bulunmuş, eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve Çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.47). Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.47).

Çizelge 4.47’de, ortalama dominantlık derecesinin (H_1/D)^{1/2} 1’den büyük (2.068) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın ($D-H_1$) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının ($H_2/4H_1$) 0.25’den farklı (0.302) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin negatif (-39.074) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1’den küçük olması (0.856) resesif allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.47. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	1.255	±40.409
D	121.598	±106.912
F	-39.074	±261.187
H ₁	519.813	±271.407
H ₂	627.533*	±242.454
(D-H ₁)	-398.215	±238.018
(H ₁ /D) ^{1/2}	2.068	
(H ₂ /4H ₁)	0.302	
KD/KR	0.856	
h ²	560.729*	±163.188
K(h ² /H ₂)	0.894	
Hg	0.955	
Hd	0.177	
ryr,(Wr.Vr)	-277.737	

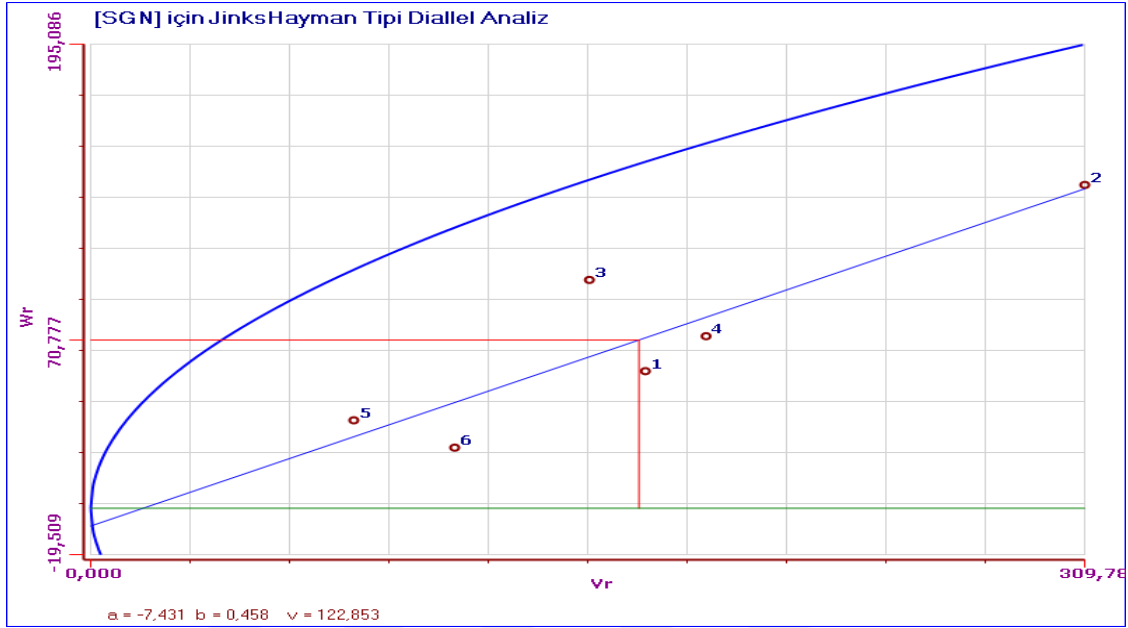
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.894$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.955 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.177 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($ryr, (Wr+Vr)$) negatif (-277.737) çıkması başaktaki tane sayısı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda başaktaki tane sayısı bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait $Wr-Vr$ grafiği Şekil 4.14'de verilmiştir.

Şekil 4.14'de başaktaki tane sayısı açısından $Wr-Vr$ grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir ($a: -7.431$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Ayrıca, genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.068) olması (Çizelge 4.47) ise üstün dominantlığın varlığını desteklemektedir. Şekil 4.14 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 4, 5 ve 6 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdığı, 2 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri

taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 3 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.



Şekil 4.14. Başaktaki tane sayısı için W_r/V_r grafiği

Başaktaki tane sayısına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.48’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.49’da verilmiştir.

Çizelge 4.48. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	1752.0807	350.4161	296.326**	2.38
ÖUY	15	2207.194	147.1463	124.433**	
Hata	40	47.3015	1.1825		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.48’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (2.38) 1’den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.49 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Adana-99 (10.944) anacından, en düşük GUY etkisinin 2115 (-7.818) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Adana-99 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri almıştır (Çizelge 4.44).

Çizelge 4.49'da görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 23.004 ile Adana-99 x Flamura-85 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de sırasıyla en yüksek (89.06 adet) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Lucilla x 2115 (-11.688) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama başaktaki tane sayısı fenotipik olarak düşük (31.6 adet) bulunmuştur (Çizelge 4.44).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Masaccio (6.572) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve 2115 (0.952) genotipinin dâhil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.49).

Çizelge 4.49. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane sayısına (adet) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		23,004**	-1,067**	7,716**	-2,83**	1,458**	10,944**
Flamura-85			10,208**	-1,409**	-4,95**	-5,334**	3,536**
Masaccio				14,387**	5,937**	3,395**	-1,326**
Lucilla					5,187**	-11,688**	-0,476**
1635						16,929**	-4,86**
2115							-7,818**
ÖUY Diziler Ort.	5,655	4,302	6,572	2,839	4,052	0,952	
ÖUY Genel Ort.	4,062						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında başaktaki tane sayısı bakımından, ortalama % 34.90 oranında heterosis ile % 18.79 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.45). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu belirtmektedir. Başaktaki tane sayısı için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Yağbasanlar (1990) % 7.9 ve % 2.9 olarak, Yağdı ve Karan (2000) % 0.1 ve % -10.3, Yıldırım (2005) % -2.97 ve % -10.24, Kutlu (2012) % 0.07 ve % -9.28, Yazıcı (2015) % 8.90 ve % 5.06, Çelik (2016) % 84.63 ve % 65.49, Ferahoğlu (2018) % 23.04 ve % 16.76, Dursun (2019) % 10.89 ve % 3.47 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h²) ve düzenlenmiş

dominantlık varyansı (H_2)'nin önemli ve $D-H_1$ 'in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.46, 4.47, 4.48). Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında başaktaki tane sayısı açısından dominant gen varyansının hakim olduğunu ifade edebiliriz. Bu özellik için; Şener (1997), Balcı ve Turgut (2002), Akram ve ark. (2011), Kutlu (2012), Yıldırım ve ark. (2014), Yazıcı (2015) bu özelliğin eklemeli gen varyansının; Yağdı ve Ekingen (1995), Ferahoğlu (2018), Dursun (2019) dominantlık etkisinin; Akgün ve Topal (2002), hem eklemeli hem de eklemeli olmayan gen varyansının daha etkili ve üstün olduğunu bildirmişlerdir.

Başaktaki tane sayısı için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.068) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Bu çalışmada başaktaki tane sayısı için, dominant gen varyansının önemli bulunması, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, epistatik etkinin varlığı, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.7. Başaktaki tane ağırlığı (g)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaktaki tane ağırlığına ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.50' de verilmiştir.

Çizelge 4.50'de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama başaktaki tane ağırlığı 1.86 g olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait başaktaki tane ağırlığı ortalaması 1.5 g olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 2.11 g olarak gerçekleşmiştir. Başaktaki tane ağırlığı yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Adana-99 genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (2.56 g) sahip olup, 2115 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (1.59 g) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek başaktaki tane ağırlığı Flamura-85 (2.15 g) genotipinden, en düşük başaktaki tane ağırlığı 2115 (1.04 g) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise başaktaki tane ağırlığı en yüksek 4.11 g

ile Adana-99 x Flamura-85 melezinden, en düşük başaktaki tane ağırlığı ise 1.21 g ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin başaktaki tane ağırlığı ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.51’ de verilmiştir.

Çizelge 4.51’de, F₁ melez populasyonlarındaki başaktaki tane ağırlığına ait heterosis değerleri % - 11.25 (Flamura-85 x 2115) ile % 108.33 (1635 x 2115); heterobeltiosis değerleri ise % -33.95 (Flamura-85 x 2115) ile % 100.9 (1635 x 2115) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Adana-99 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 57.2, Hb: % 33.41), en düşük ortalama heterosis heterobeltiosis değeri ise Flamura-85 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 32.10, Hb: % 10.79) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.51’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda başaktaki tane ağırlığı özelliği yönünden ortalama % 40.56 oranında heterosis, % 21.78 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.50. 6x6 Yarımlı F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	1.95 ^F	4.11 ^A	2.45 ^{BC}	2.58 ^B	2.05 ^{EF}	2.2 ^{DE}	2.56	0.646	0.225
Flamura-85		2.15 ^{DE}	2.55 ^B	2.18 ^{DE}	1.65 ^G	1.42 ^{HI}	2.34	0.924	0.268
Masaccio			1.29 ^J	2.26 ^{CD}	1.71 ^G	1.44 ^{HI}	1.95	0.302	0.211
Lucilla				1.43 ^{HI}	1.54 ^{GH}	1.21 ^{JK}	1.87	0.313	0.180
1635					1.12 ^{JK}	2.25 ^D	1.72	0.165	0.024
2115						1.04 ^K	1.59	0.274	0.048
F ₁ ’ler ort.							2.11		
Ebeveynler ort.							1.50		
Genel ort.							1.86		

Çizelge 4.51. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		100.48	51.23	52.66	33.98	47.65
	Hb		91.16	25.64	32.30	5.12	12.82
P(2)	Ht			48.25	21.78	1.23	-11.25
	Hb			18.60	1.40	-23.25	-33.95
P(3)	Ht				66.17	42.5	25
	Hb				58.04	32.55	12.4
P(4)	Ht					22.04	-1.62
	Hb					8.4	-15.38
P(5)	Ht						108.33
	Hb						100.9
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	57.20	32.10	46.63	32.21	41.62	33.62
	Hb	33.41	10.79	29.45	16.95	24.74	15.36

Ort. Heterosis Ht: % 40.56 Ort. Heterobelthiosis Hb: % 21.78

P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6): 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.52’de verilmiştir.

Çizelge 4.52’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.52. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin Diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	4.42	0.88	63.47**
b	15	5.22	0.34	24.99**
b ₁	1	1.59	1.59	114.46**
b ₂	5	0.72	0.14	10.47**
b ₃	9	2.89	0.32	23.11**
Hata	40	0.55	0.01	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.52’de biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda başaktaki tane ağırlığı için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.53’de verilmiştir.

Çizelge 4.53’de başaktaki tane ağırlığı (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1), genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) ve heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) ve çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.53).

Çizelge 4.53. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.005	± 0.191
D	0.209	± 0.504
F	-0.213	± 1.232
H_1	1.316	± 1.28
H_2	1.592	± 1.143
(D- H_1)	-1.107	± 1.122
$(H_1/D)^{1/2}$	2.51	
$(H_2/4H_1)$	0.303	
KD/KR	0.662	
h^2	1.036	± 0.769
$K(h^2/H_2)$	0.651	
Hg	0.936	
Hd	0.119	
ryr,(Wr.Vr)	-2108051.786	

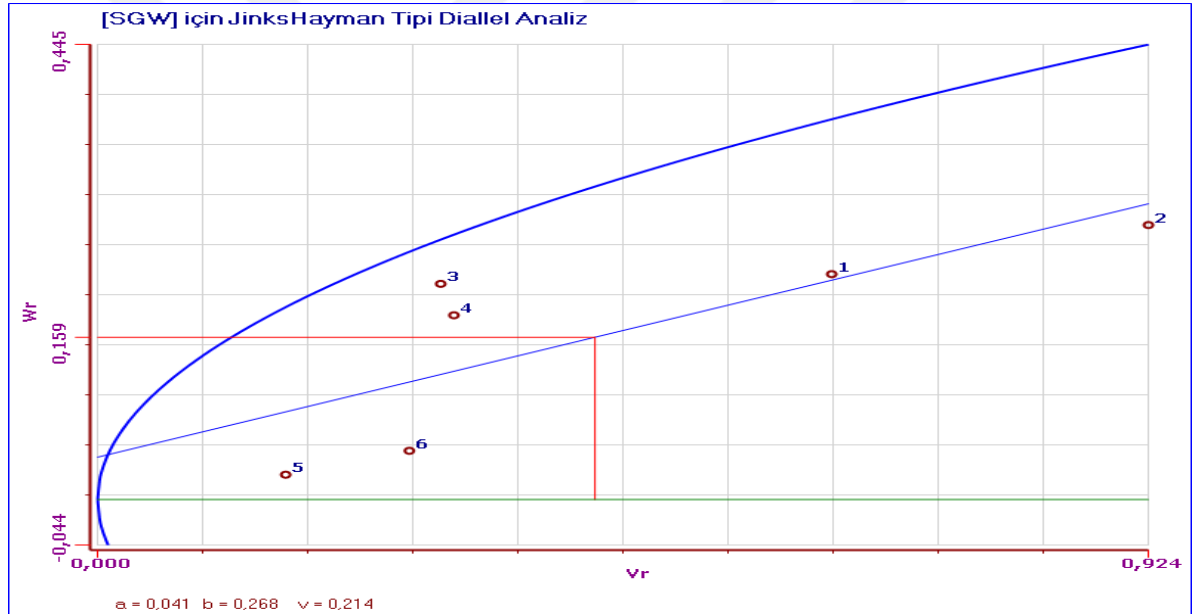
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.53’de, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (2.51) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D- H_1) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25’den farklı (0.303) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü

belirleyen F değerinin negatif (-0.213) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1'den küçük olması (0.662) resesif allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.651$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.936 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.119 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-2108051.786) çıkması baştaki tane ağırlığı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda baştaki tane ağırlığı bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait W_r-V_r grafiği Şekil 4.15'de verilmiştir.



Şekil 4.15. Baştaki tane ağırlığı için W_r/V_r grafiği

Şekil 4.15'de baştaki tane ağırlığı açısından W_r-V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir ($a: 0.041$). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.51) olması (Çizelge 4.53) ise üstün dominantlığın varlığını ortaya koymaktadır. Şekil 4.15 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 5 ve 6 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdığı, 1 ve 2 numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri

taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 3 ve 4 numaralı genotiplere ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Başaktaki tane ağırlığına ilişkin genel ve özel uyuma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.54’de, genel ve özel uyuma yeteneği etkileri Çizelge 4.55’de verilmiştir.

Çizelge 4.54. 6x6 Yarımlal F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	4.4509	0.8902	188.771**	2.55
ÖUY	15	5.231	0.3487	73.953**	
Hata	40	0.1886	0.0047		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.54’de görüldüğü gibi hem genel uyuma yeteneği (GUY) hem de özel uyuma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuma yeteneğinin özel uyuma yeteneğine oranı (2.55) 1’den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.55 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla Adana-99 (0.473) ve Flamura-85 (0.336) anacından, en düşük GUY etkisi 2115 (-0.367) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Adana-99 ve Flamura-85 anaçları fenotipik olarak da en yüksek değerleri, en düşük GUY etkisine sahip 2115 anacı fenotipik olarak da en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.50).

Çizelge 4.55’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 1.369 ile Adana-99 x Flamura-85 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de sırasıyla en yüksek (4.11 g) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Flamura-85 x 2115 (-0.485) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama başaktaki tane ağırlığı fenotipik olarak düşük (1.42 g) bulunmuştur (Çizelge 4.50).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Adana-99 (0.370) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve 2115 (0.065) genotipinin dâhil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.55).

Çizelge 4.55. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında başaktaki tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		1.369**	0.111	0.298	-0.09	0.162	0.473**
Flamura-85			0.351	0.026	-0.36	-0.485	0.336**
Masaccio				0.505	0.106	-0.055	-0.069
Lucilla					-0.018	-0.244	-0.11
1635						0.946**	-0.262
2115							-0.367**
ÖUY Diziler Ort.	0.370	0.180	0.204	0.113	0.117	0.065	
ÖUY Genel Ort.	0.175						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında başaktaki tane ağırlığı bakımından, ortalama % 40.56 oranında heterosis ile % 21.78 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.51). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu göstermektedir. Başaktaki tane ağırlığı için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Yağbasanlar (1990) % 11.1 ve % 5.9 olarak, Tulukçu (2004) %12.08 ve % 7.45, Çifçi ve Yağdı (2007) % 25.11 ve % 14.57, Kutlu (2012) % 6.16 ve % -3.69, Yazıcı (2015) % 11.64 ve % 5.08, Çelik (2016) % % 113.21 ve % 86.57, Dursun (2019) % 0.89 ve % -7.85 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda genetik parametreler ise istatistiksel olarak önemsiz bulunmuş, ancak D-H₁'in negatif olduğu saptanmıştır. D-H₁'in negatif olarak saptanması bu özellik için dominant gen varyansının daha önemli olduğunu göstermektedir. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirmede ise hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur. Ayrıca, genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (2.55) 1'den büyük olarak hesaplanmış olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir. Üç değerlendirme yöntemine göre değerlendirildiğinde farklı sonuçlar bulunmuştur (Çizelge 4.52, 4.53, 4.54). Üç değerlendirme yöntemine göre değerlendirdiğimizde, populasyonda başaktaki tane ağırlığı açısından hem eklemeli varyansın hem dominant varyansının etkili olduğunu, araştırılan özelliğin kalıtımının eklemeli-dominant modele uyduğunu ifade edebiliriz. Bu özellik için; Borghi ve Perenzin (1994), Şener (1997), Balcı ve Turgut (2002), Hassan ve ark. (2007), Yazıcı (2015), Çelik (2016) başakta tane ağırlığının kalıtımında eklemeli gen varyansının, Mann ve Sharma (1995), Akgün ve ark (2002),

Tulukçu (2004), Çiftçi ve Yağdı (2007), Dursun (2019) eklemeli olmayan gen etkilerinin, Dağüstü (2002), Nazeer ve ark. (2011), Kutlu (2012) epistatik gen etkilerinin, Şener (1997) ise allelik olmayan interaksiyonların var olduğunu bildirmişlerdir.

Başaktaki tane ağırlığı için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.51) olması üstün dominantlığın, W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönden kesmesi ise kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Bu çalışmada başaktaki tane ağırlığı için, hem eklemeli gen hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.8. Bin tane ağırlığı (g)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bin tane ağırlığına ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.56' da verilmiştir.

Çizelge 4.56'da görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama bin tane ağırlığı 34.14 g olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait bin tane ağırlığı ortalaması 33.37 g olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 36.58 g olarak gerçekleşmiştir. Bin tane ağırlığı yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Flamura-85 genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (39.49 g) sahip olup, 1635 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (33.96 g) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek bin tane ağırlığı Flamura-85 (40.23 g) genotipinden, en düşük bin tane ağırlığı 2115 (28.93 g) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise bin tane ağırlığı en yüksek 46.8 g ile Adana-99 x Flamura-85 melezinden, en düşük bin tane ağırlığı ise 30.13 g ile Lucilla x 1635 melezlerinden elde edilmiştir.

Çizelge 4.56. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	31.13 ^{JK}	46.8 ^A	41.36 ^B	38.73 ^D	35.66 ^F	38.63 ^D	38.72	28.358	13.963
Flamura-85		40.23 ^C	41.43 ^B	38.66 ^D	32.8 ^I	37 ^E	39.49	22.087	-1.961
Masaccio			33.86 ^H	34.63 ^{GH}	30.93 ^K	31.96 ^{IJ}	35.70	21.411	7.129
Lucilla				30.83 ^K	30.13 ^K	31 ^{JK}	34.00	15.870	7.133
1635					35.23 ^{FG}	39 ^D	33.96	11.225	-4.653
2115						28.93 ^L	34.42	18.807	9.692
F ₁ 'ler ort.							36.58		
Ebeveynler ort.							33.37		
Genel ort.							34.14		

6 ekmeçlik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bin tane ağırlığı ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.57' de verilmiştir.

Çizelge 4.57'de, F₁ melez populasyonlarındaki bin tane ağırlığına ait heterosis değerleri % - 13.06 (Flamura-85 x 1635) ile % 31.16 (Adana-99 x Flamura-85); heterobeltiosise ait değerler ise % -18.46 (Flamura-85 x 1635) ile % 24.41 (Adana-99 x Lucilla) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Adana-99 genotipinin anaç olarak bulunduğ u melez serisinden (Ht: % 23.92, Hb: % 17.64), en düşük ortalama heterosis heterobeltiosis değeri ise 1635 genotipinin anaç olarak bulunduğ u melez serisinden (Ht: % -0.85, Hb: % -6.82) elde edildiğ i görülmektedir.

Çizelge 4.57'de görüldüğ ü gibi, ele alınan melez populasyonlarda bin tane ağırlığı özelliğ i yönünden ortalama % 9.87 oranında heterosis, % 2.74 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.57. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobelthiosis (Hb) değeri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		<u>31.16</u>	27.29	25.01	7.50	28.63
	Hb		16.33	22.14	<u>24.41</u>	1.25	24.09
P(2)	Ht			11.82	8.83	<u>-13.06</u>	6.99
	Hb			2.98	-3.87	<u>-18.46</u>	-8.02
P(3)	Ht				7.04	-10.47	1.81
	Hb				2.24	-12.2	-5.6
P(4)	Ht					-8.78	3.74
	Hb					-14.47	0.55
P(5)	Ht						20.54
	Hb						9.76
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamlar	Ht	<u>23.92</u>	9.15	7.50	7.17	<u>-0.85</u>	12.34
	Hb	<u>17.64</u>	-2.21	1.91	1.77	<u>-6.82</u>	4.16

Ort. Heterosis Ht: % 9.87 Ort. Heterobelthiosis Hb: % 2.74
P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio
P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6): 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarıml diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değeri Çizelge 4.58’de verilmiştir.

Çizelge 4.58’de görüldüğü gibi yarıml diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.58. 6x6 Yarıml Diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değeri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	185,59	37,11	100,43**
b	15	255,53	17,03	46,09**
b ₁	1	44,24	44,24	119,71**
b ₂	5	111,61	22,32	60,40**
b ₃	9	99,67	11,07	29,96**
Hata	40	14,78	0,36	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.58’de biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda bin tane ağırlığı için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.59’da verilmiştir.

Çizelge 4.59’da bin tane ağırlığı (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2) 0.05 düzeyinde önemli bulunmuş, eklemeli gen varyansı (D), ve heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) ve çevre varyansı (E) önemsiz olarak bulunmuştur (Çizelge 4.59). Çevre varyansı (E) önemsiz olmasından dolayı bu özellik için genetik etkenlerin payının çevre etkenlerinden daha fazla olduğu söylenebilir (Çizelge 4.3.46).

Çizelge 4.59. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sinanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.129	± 4.826
D	16.658	± 12.769
F	12.532	± 31.194
H_1	74.078*	± 32.414
H_2	71.984*	± 28.956
(D- H_1)	-57.420	± 28.427
$(H_1/D)^{1/2}$	2.109	
$(H_2/4H_1)$	0.243	
KD/KR	1.434	
h^2	28.590	± 19.490
$K(h^2/H_2)$	0.397	
Hg	0.960	
Hd	0.212	
ryr,(Wr.Vr)	-8410.675	

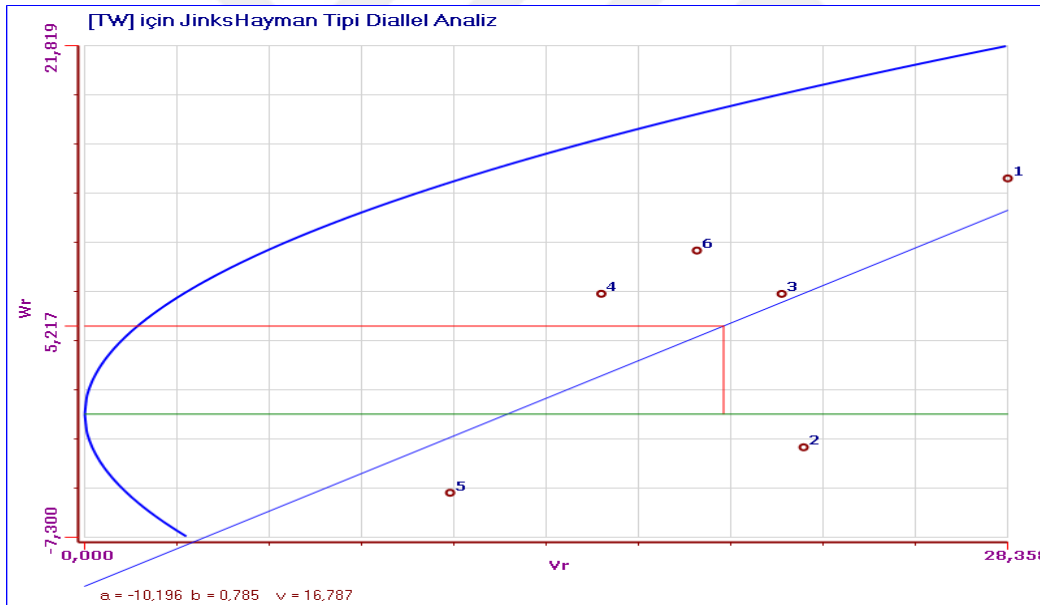
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.59’da, ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1’den büyük (2.109) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D- H_1) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının $(H_2/4H_1)$ 0.25’den farklı (0.243) bulunması b_2 alt parametresinin önemliliği ile

uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin pozitif (12.532) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1'den büyük olması (1.434) dominant allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.397$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (H_g) 0.960 ve dar anlamda kalıtım derecesi (H_d) ise 0.212 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının ($r_{yr}, (W_r+V_r)$) negatif (-8410.675) çıkması bin tane ağırlığı yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F_1 melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda bin tane ağırlığı bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait W_r - V_r grafiği Şekil 4.16'da verilmiştir.



Şekil 4.16. Bin tane ağırlığı için W_r/V_r grafiği

Şekil 4.16'da bin tane ağırlığı açısından W_r - V_r grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönde kestiği görülmektedir (a : - 10.196). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (2.109) olması (Çizelge 4.59) da üstün dominantlığın varlığını ortaya koymaktadır. Şekil 4.16 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 5 numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdığı, 1 ve 3 numaralı

genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2, 4 ve 6 numaralı genotiplere ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Bin tane ağırlığına ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.60'da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.61'de verilmiştir.

Çizelge 4.60'da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (2.17) 1'den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1'den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.60. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	185.5869	37.1174	301.301**	2.17
ÖUY	15	255.5108	17.0341	138.274**	
Hata	40	4.9276	0.1232		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.60 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla Flamura-85 (3.438) anacından, en düşük GUY etkisi Lucilla (-1.854) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Flamura-85 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri, en düşük GUY etkisine sahip Lucilla anacı fenotipik olarak da düşük değer almıştır (Çizelge 4.56).

Çizelge 4.61'de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi sırasıyla 6.442 ile 1635 x 2115 ve 5.971 ile de Adana-99 x Flamura-85 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de sırasıyla yüksek (39 g) ve (46.8 g) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Flamura-85 x 1635 (-4.971) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama bin tane ağırlığı fenotipik olarak düşük (32.8 g) bulunmuştur (Çizelge 4.56).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Adana-99 (3.193) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve 1635 (-

0.893) genotipinin dâhil olduğu dizi ise negatif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.61).

Çizelge 4.61. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bin tane ağırlığına (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		5.971**	4.175**	3.196**	-0.392	3.017**	1.725**
Flamura-85			2.529**	1.417**	-4.971**	-0.329	3.438**
Masaccio				1.021**	-3.2**	-1.725**	-0.2
Lucilla					-2.346**	-1.038**	-1.854**
1635						6.442**	-1.333**
2115							-1.775**
ÖUY Diziler Ort.	3.193	0.923	0.560	0.450	-0.893	1.273	
ÖUY Genel Ort.	0.918						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında bin tane ağırlığı bakımından, ortalama % 9.87 oranında heterosis ile % 2.74 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.57). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu belirtmektedir. Bin tane ağırlığı için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Yağbasanlar (1990) % 3.1 ve % -0.1, Yıldırım (2005) % 2.5 ve % -3.80, Çifçi ve Yağdı (2007) % 26.75 ve % 24.76, Kutlu (2012) % 5.70 ve % 1.12, Yazıcı (2015) % 3.81 ve % -2.71, Çelik (2016) % 66.64 ve % 57.05, Dursun (2019) % 0.60 ve % -5.82 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda dominantlık varyanslarından (H₁) ve (H₂)'nin önemli ve D-H₁'in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.58, 4.59, 4.60). Wr/Vr grafiğinde Flamura-85, Lucilla ve 2115 genotiplerine ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta bulunması epistatik etkilerin de populasyonda varolabileceğini göstermektedir. İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir (Çizelge 4.58, 59, 60). Ancak, Hayman (1954)'a göre yapılan analiz esas alındığında bin tane ağırlığı değeri açısından dominant gen varyansının egemen olduğunu söyleyebiliriz. Bu özellik için, Mann ve Sharma (1995), Çifçi (2003), Tulukçu (2004) üstün dominantlık, Tosun ve ark. (1995), Çelik (2016) eklemeli olmayan, Kutlu ve ark. (2015) hem eklemeli hem de eklemeli olmayan, Ronga ve ark. (1995), Yazıcı (2015)

eklemeli gen etkilerinin, Şener ve ark. (2000) epistatik gen etkisinin önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Bin tane ağırlığı için ortalama dominantlık derecesinin $(H_1/D)^{1/2}$ 1'den büyük (2.109) olması ve W_r/V_r grafiğinde regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin altında negatif yönden kesmesi üstün dominantlığın etkili olduğunu göstermiştir.

Bu çalışmada bin tane ağırlığı için, dominant gen varyansının önemli bulunması, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, epistatik etkinin varlığı, dar anlamda kalıtım derecesinin düşük bulunması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.9. Tek bitki tane verimi (g)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin tek bitki tane verimine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (V_r) ve kovaryans (W_r) değerleri Çizelge 4.62' de verilmiştir.

Çizelge 4.62'de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F_1 'lere ait ortalama tek bitki tane verimi 30.83 g olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait tek bitki tane verimi ortalaması 22.32 g olurken, F_1 melez kombinasyonlarının ortalaması ise 35.99 g olarak gerçekleşmiştir. Tek bitki tane verimi yönünden F_1 melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Lucilla genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değere (38.35 g) sahip olup, 2115 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (28.27 g) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek tek bitki tane verimi Adana-99 (28.49 g) genotipinden, en düşük tek bitki tane verimi 2115 (15.75 g) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise tek bitki tane verimi en yüksek 65.5 g ile 1635 x 2115 melezinden, en düşük tek bitki tane verimi ise 15.3 g ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiştir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin tek bitki tane verimine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (H_t) ve heterobeltiosis (H_b) değerleri (%) Çizelge 4.63' de verilmiştir.

Çizelge 4.63'de, F_1 melez populasyonlarındaki tek bitki tane verimine ait heterosis değerleri % - 15.75 (Lucilla x 2115) ile % 242.57 (1635 x 2115); heterobeltiosis ait değerler ise % -25.63 (Lucilla x 2115) ile % 191.24 (1635 x 2115) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, Lucilla genotipinin

anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 89.76, Hb: % 75.47), en düşük ortalama heterosis değeri Flamura-85 (Ht: % 47.26), heterobeltiosis değeri ise 2115 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Hb: % 36.65) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.63’de görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda tek bitki tane verimi özelliği yönünden ortalama % 65.84 oranında heterosis, % 49.40 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.62. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	<u>28.49</u> ^{FGH}	29.68 ^{FGH}	45.7 ^D	55.98 ^B	37.74 ^E	29.99 ^F	37.93	121.852	14.139
Flamura-85		19.24 ^{LM}	30.88 ^F	49.53 ^C	25.65 ^{HJ}	16.68 ^{MN}	28.61	137.081	32.728
Masaccio			23.39 ^{UK}	64.14 ^A	26.13 ^{HI}	26.4 ^{GHI}	36.11	252.946	37.329
Lucilla				24.56 ^{IJ}	20.57 ^{KL}	<u>15.3</u> ^N	38.35	429.782	44.363
1635					22.49 ^{JKL}	<u>65.5</u> ^A	33.01	296.749	-37.910
2115						<u>15.75</u> ^N	28.27	376.580	22.613
F ₁ ’ler ort.							35.99		
Ebeveynler ort.							22.32		
Genel ort.							30.83		

Çizelge 4.63. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		24.30	76.10	128.30	48.11	35.63
	Hb		4.17	60.42	96.55	32.51	5.30
P(2)	Ht			44.86	148.84	22.96	-4.68
	Hb			31.97	140.85	14.05	-0.54
P(3)	Ht				191.89	14.00	34.9
	Hb				174.17	11.71	12.86
P(4)	Ht					-4.46	<u>-15.75</u>
	Hb					-8.58	<u>-25.63</u>
P(5)	Ht						<u>242.57</u>
	Hb						<u>191.24</u>
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	62.49	<u>47.26</u>	72.35	<u>89.76</u>	64.64	58.53
	Hb	39.79	38.10	58.23	<u>75.47</u>	48.19	<u>36.65</u>

Ort. Heterosis Ht: % 65.84 Ort. Heterobeltiosis Hb: % 49.40

P(1) : Adana-99

P(2) : Flamura-85

P(3) : Masaccio

P(4) : Lucilla

P(5) : 1635

P(6) : 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel F_1 generasyonlarında tek bitki tane verimine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.64’de verilmiştir.

Çizelge 4.64’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “ b_1 ”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “ b_2 ”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “ b_3 ” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.64. 6x6 Yarım Diallel F_1 generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	602,72	120,54	26,97**
b	15	4075,51	271,70	60,80**
b_1	1	801,02	801,02	179,25**
b_2	5	157,72	31,54	7,05**
b_3	9	3116,76	346,30	77,49**
Hata	40	178,74	4,46	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.64’de biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b_1 alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b_2 alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği populasyonda tek bitki tane verimi için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.65’de verilmiştir.

Çizelge 4.65’de tek bitki tane verimi (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H_1) ve genlerin dağılışına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H_2), heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h^2) ve çevre varyansı (E) istatiki olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.65).

Çizelge 4.65. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

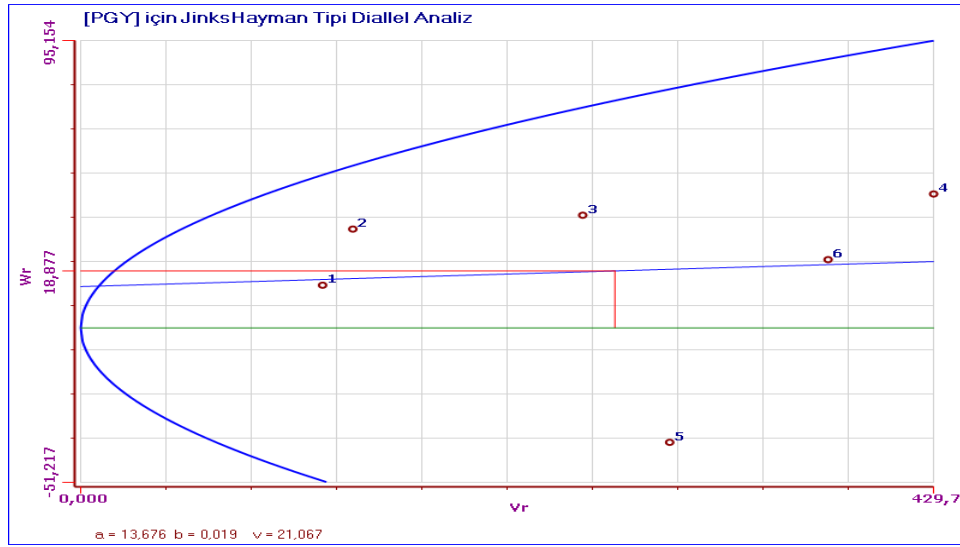
Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	1.445	±108.827
D	19.622	±287.928
F	-35.300	±703.408
H ₁	1018.366	±730.931
H ₂	1050.783	±652.959
(D-H ₁)	-998.744	±641.010
(H ₁ /D) ^{1/2}	7.204	
(H ₂ /4H ₁)	0.258	
KD/KR	0.778	
h ²	518.210	±439.485
K(h ² /H ₂)	0.493	
Hg	0.886	
Hd	0.018	
ryr,(Wr.Vr)	-1051.656	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.65’de, ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (7.204) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D-H₁) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0.25’den farklı (0.258) bulunması b₂ alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü belirleyen F değerinin negatif (-35.300) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1’den küçük olması (0.778) resesif allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

İncelenen karakter açısından, gen sayısına K= (h²/H₂) ait değer 1’in altında (K=0.493) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.886 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise 0.018 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (ryr, (Wr+Vr)) negatif (-1051.656) çıkması tek bitki tane verimi yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda tek bitki tane verimi bakımından hesaplanan varyans (V_{rx}) ve kovaryans (W_{ry}) değerlerine ait Wr-Vr grafiği Şekil 4.17’de verilmiştir.



Şekil 4.17. Tek bitki tane verimi için Wr/Vr grafiği

Şekil 4.17’de tek bitki tane verimi açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir (a: 13.676). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1’den büyük (7.204) olması (Çizelge 4.65) ise üstün dominantlığın varlığını ortaya koymaktadır. Şekil 4.17 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1 numaralı genotipin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdığı, 6 numaralı genotipin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2, 3, 4 ve 5 numaralı genotiplere ait noktaların regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.

Tek bitki tane verimine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.66’da, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.67’de verilmiştir.

Çizelge 4.66. 6x6 Yarıml Diallel F_1 generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	602.5798	120.516	80.907**	0.44
ÖUY	15	4075.2212	271.6814	182.389**	
Hata	40	59.5827	1.4896		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.66’da görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (0.44) 1’den küçük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den küçük olması, özel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli olmayan gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.67 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin sırasıyla Adana-99 (3.933) ve Lucilla (3.755) anacından, en düşük GUY etkisinin sırasıyla 2115 (-4.903) ve Flamura-85 (-4.212) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Adana-99 anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri, en düşük GUY etkisine sahip 2115 anacı fenotipik olarak da en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.62).

Çizelge 4.67’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 38.821 ile 1635 x 2115 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de en yüksek (65.5 g) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Lucilla x 2115 (-15.64) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama tek bitki tane verimi fenotipik olarak düşük (15.3 g) bulunmuştur (Çizelge 4.62).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, Lucilla (6.013) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve Flamura-85 (1.767) genotipinin dâhil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.67).

Çizelge 4.67. 6x6 Yarımlal F₁ generasyonlarında tek bitki tane verimine (g) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		-2.13**	7.749**	16.207**	2.225**	-1.122**	3.933**
Flamura-85			1.074	17.899**	-1.71**	-6.29**	-4.212**
Masaccio				26.368**	-7.38**	-2.711**	1.929**
Lucilla					-14.7**	-15.64**	3.755**
1635						38.821**	-0.503**
2115							-4.903**
ÖUY Diziler Ort.	4.586	1.767	5.020	6.013	3.436	2.612	
ÖUY Genel Ort.	3.905						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında tek bitki tane verimi bakımından, ortalama % 65.84 oranında heterosis ile % 49.40 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.63). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu

göstermektedir. Tek bitki tane verimi için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Bitzer ve ark. (1982) % 30 ve % 19, Tulukçu (2004) % 22.76 ve % 7.05, Yıldırım (2005) % 2.73 ve % -3.14, Kutlu (2012) % 9.24 ve % -2.46 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b_1 , b_2 , b_3) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda ise genetik parametreler istatistiksel olarak önemsiz bulunmuş, ancak $D-H_1$ negatif olarak saptanmıştır. $D-H_1$ 'in negatif olarak saptanması bu özellik için dominant gen varyansının daha önemli ve üstün olduğunu göstermektedir. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur. Ancak, genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (0.44) 1'den küçük olarak hesaplanmış olması, özel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da dominant gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.64, 4.65, 4.66). W_r/V_r grafiğinde Flamura-85, Masaccio ve 1635 genotiplerine ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta bulunması epistatik etkilerin de populasyonda varolabileceğini göstermektedir. İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir (Çizelge 4.64, 65, 66). Ancak uyum yetenekleri varyans analizi yönteminde GUY/ÖUY'nin 1' den küçük bulunması (0.44) ve yarım diallel melez analiz tablosunda $D-H_1$ 'in negatif olarak saptanması bu özellik için dominant gen varyansının daha önemli ve üstün olduğunu göstermektedir. Aynı şekilde pek çok araştırmacı da Şener (1997), Akgün (2001), Tulukçu (2004), Yıldırım (2005) ve Kutlu (2012) verimin kalıtımında birçok genin etkinliği ve düşük dar anlamda kalıtım derecesinden dolayı seleksiyonun zor olduğunu ifade etmişlerdir. Bulgularımız daha önce yapılan çalışmalarla uyum içindedir.

Bu çalışmada tek bitki tane verimi için, dominant varyansının önemliliği, epistatik gen etkilerinin varlığı ve dar anlamda kalıtım derecesi düşük olarak bulunmuş olması, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

4.3.10. Bayrak yaprak klorofil içeriği (SPAD)

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bayrak yaprak klorofil içeriğine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri Çizelge 4.68’ de verilmiştir.

Çizelge 4.68’de görüldüğü gibi ebeveynlere ve F₁’lere ait ortalama bayrak yaprak klorofil içeriği 46.42 SPAD olarak gerçekleşmiştir. Ebeveynlere ait bayrak yaprak klorofil içeriği ortalaması 47.05 SPAD olurken, F₁ melez kombinasyonlarının ortalaması ise 49.60 SPAD olarak gerçekleşmiştir. Bayrak yaprak klorofil içeriği yönünden F₁ melez kombinasyonlarına ait ortalama değer ebeveynlere ait ortalama değerden yüksek çıkmıştır. Her ebeveynin girdiği kombinasyonların dizi ortalaması değerlerine göre; Lucilla genotipinin dâhil olduğu dizi en yüksek ortalama değerlere (51.31 SPAD) sahip olup, 1635 genotipinin dâhil olduğu dizi ise en düşük ortalama değere (46.63 SPAD) sahiptir. Ebeveynler arasında en yüksek bayrak yaprak klorofil içeriği Lucilla (52.58 SPAD) genotipinden, en düşük bayrak yaprak klorofil içeriği 1635 (40.8 SPAD) genotipinden elde edilirken, melezler arasında ise bayrak yaprak klorofil içeriği en yüksek 56.47 SPAD ile Lucilla x 2115 melezinden, en düşük bayrak yaprak klorofil içeriği ise 45.45 SPAD ile Lucilla x 1635 melezinden elde edilmiştir.

Çizelge 4.68. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin ortalama fenotipik değerler ile hesaplanan varyans (Vr) ve kovaryans (Wr) değerleri.

Anaçlar	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	Ort.	Vr	Wr
Adana-99	44.64 ^{KL}	51.46 ^{CDE}	49.2 ^{FG}	47.37 ^{HI}	46.39 ^{IJ}	46.64 ^{IJ}	47.62	6.392	7.734
Flamura-85		51.2 ^{CDE}	50.88 ^{DE}	53.88 ^B	48.38 ^{GH}	45.56 ^{JK}	50.23	9.077	10.810
Masaccio			49.93 ^{EFG}	52.08 ^{CD}	48.54 ^{GH}	51.4 ^{CDE}	50.34	2.330	4.295
Lucilla				52.58 ^{BC}	45.45 ^{JK}	56.47 ^A	51.31	17.912	9.377
1635					40.8 ^M	50.23 ^{EF}	46.63	11.403	5.686
2115						43.15 ^L	48.91	23.569	11.271
F ₁ ’ler ort.							49.60		
Ebeveynler ort.							47.05		
Genel ort.							46.42		

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunlardan elde edilen melezlerin bayrak yaprak klorofil içeriğine ilişkin fenotipik değerleri ile hesaplanan heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%) Çizelge 4.69’ da verilmiştir.

Çizelge 4.69’da, F₁ melez populasyonlarındaki bayrak yaprak klorofil içeriğine ait heterosis değerleri % - 3.41 (Flamura-85 x 2115) ile % 19.68 (1635 x 2115); heterobeltiosis ait değerler ise % -13.56 (Lucilla x 1635) ile % 16.4 (1635 x 2115) arasında değişim göstermiştir. En yüksek ortalama heterosis ve heterobeltiosis değeri, 2115 genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Ht: % 10.19, Hb: % 4.04), en düşük ortalama heterosis değeri Flamura-85 (Ht: % 2.72), heterobeltiosis değeri ise Lucilla genotipinin anaç olarak bulunduğu melez serisinden (Hb: % -2.91) elde edildiği görülmektedir.

Çizelge 4.69’da görüldüğü gibi, ele alınan melez populasyonlarda bayrak yaprak klorofil içeriği özelliği yönünden ortalama % 5.60 oranında heterosis, % -0.51 oranında heterobeltiosis değerleri elde edilmiştir.

Çizelge 4.69. 6x6 Yarımlı F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin heterosis (Ht) ve heterobeltiosis (Hb) değerleri (%).

Anaçlar		P(1)	P(2)	P(3)	P(4)	P(5)	P(6)
P(1)	Ht		7.38	4.06	-2.55	8.60	6.26
	Hb		0.50	-1.46	-9.90	3.92	4.48
P(2)	Ht			0.63	3.83	5.17	<u>-3.41</u>
	Hb			-0.62	2.47	-5.50	-11.01
P(3)	Ht				1.61	7.01	10.44
	Hb				-0.95	-2.78	2.94
P(4)	Ht					-2.65	17.99
	Hb					<u>-13.56</u>	7.4
P(5)	Ht						<u>19.68</u>
	Hb						<u>16.4</u>
P(6)	Ht						
	Hb						
Ortalamalar	Ht	4.75	<u>2.72</u>	4.75	3.65	7.56	<u>10.19</u>
	Hb	-0.49	-2.83	-0.57	<u>-2.91</u>	-0.30	<u>4.04</u>

Ort. Heterosis Ht: % 5.60 Ort. Heterobeltiosis Hb: % -0.51
P(1) : Adana-99 P(2) : Flamura-85 P(3) : Masaccio
P(4) : Lucilla P(5) : 1635 P(6): 2115

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarımlı F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler ortalamaları (KO) ve F değerleri Çizelge 4.70’ de verilmiştir.

Çizelge 4.70’de görüldüğü gibi yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli gen etkisi ve genel kombinasyon yeteneğinin tahminleyicisi “a”, dominant gen etkisi “b”, ortalama dominantlık varyansı ve heterosisi belirleyen “b₁”, bir ebeveyndeki dominant allellerin toplanmasını belirleyen “b₂”, dominant allellerin ebeveynlerde dağılmış olduğunu gösteren ve aynı zamanda özel kombinasyon yeteneğini de belirleyen “b₃” % 1 düzeyinde istatistiki açıdan önemli bulunmuştur.

Çizelge 4.70. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin diallel tablonun varyans analizinden hesaplanan serbestlik dereceleri (SD), kareler toplamı (KT), kareler ortalaması (KO) ve F değerleri.

VK	SD	KT	KO	F
a	5	146.63	29.32	29.07**
b	15	138.06	9.20	9.12**
b ₁	1	27.76	27.76	27.52**
b ₂	5	21.70	4.34	4.30**
b ₃	9	88.58	9.84	9.75**
Hata	40	40.34	1.00	

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.70’de biyometrik olarak önemli olarak belirlenen b₁ alt parametresi bu özellik açısından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu belirtmektedir. b₂ alt parametresinin biyometrik olarak önemli olması ise anaçlarda daha çok dominant genlerin toplandığına işaret etmektedir.

6 ekmeklik buğday genotipi ve bunların yarım diallel melez döllerinin meydana getirdiği popülasyonda bayrak yaprak klorofil içeriği için hesaplanmış genetik parametreler Çizelge 4.71’de verilmiştir.

Çizelge 4.71’de bayrak yaprak klorofil içeriği (6x6) için hesaplanan genetik parametrelerden eklemeli gen varyansı (D), dominant gen varyansı (H₁) ve genlerin dağılımına göre düzeltilmiş dominant gen varyansı (H₂), heterozigot lokusun dominantlık etkisi (h²) ve çevre varyansı (E) istatiki olarak önemsiz bulunmuştur (Çizelge 4.71).

Çizelge 4.71’de, ortalama dominantlık derecesinin (H₁/D)^{1/2} 1’den büyük (1.262) olması üstün dominantlığın var olduğunu göstermektedir. Eklemeli varyans ile dominantlık arasındaki farkın (D-H₁) negatif olması dominant gen varyansının eklemeli gen varyansından büyük olduğunu göstermektedir. Dominant ve resesif allellerin frekansının (H₂/4H₁) 0.25’den farklı (0.287) bulunması b₂ alt parametresinin önemliliği ile uyum içindedir ve anaçlarda dominantlık gösteren lokuslarda dominant ve resesif allellerin frekanslarının eşit olmadığı anlaşılmaktadır. Dominant ve resesif allellerin yönünü

belirleyen F değerin negatif (14.054) bulunmuş olması ve KD/KR oranının 1'den büyük olması (1.628) dominant allellerin çoğunlukta olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.71. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin hesaplanan genetik parametreler ve oranlar ile varsayımların geçerliliklerinin sınanmasına ilişkin değerler.

Genetik Parametreler	Tahminler (6x6)	SH
E	0.320	±5.315
D	23.311	±14.062
F	14.054	±34.354
H ₁	37.117	±35.698
H ₂	42.641	±31.890
(D-H ₁)	-13.806	±31.306
(H ₁ /D) ^{1/2}	1.262	
(H ₂ /4H ₁)	0.287	
KD/KR	1.628	
h ²	17.787	±21.464
K(h ² /H ₂)	0.417	
Hg	0.853	
Hd	0.489	
ryr,(Wr.Vr)	-14065.890	

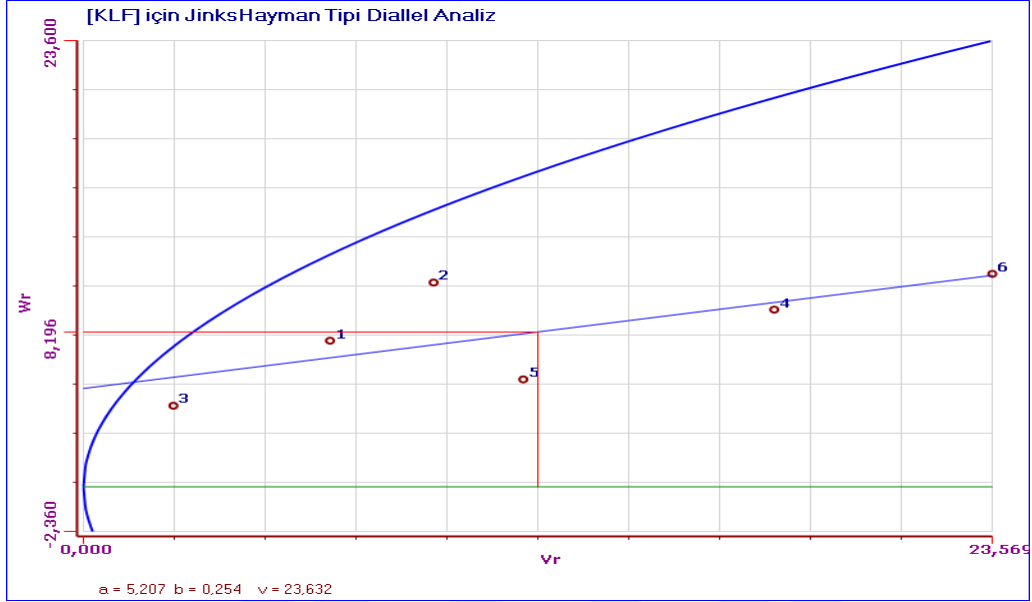
(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

İncelenen karakter açısından, gen sayısına $K = (h^2/H_2)$ ait değer 1'in altında ($K=0.417$) bulunduğu için etkili gen sayısı tespit edilememiştir. İncelenen karakterin geniş anlamda kalıtım derecesi (Hg) 0.853 ve dar anlamda kalıtım derecesi (Hd) ise 0.489 olarak bulunmuştur. Kuramsal dominantlık sırası ile ebeveynlerin gerçek değerleri arasındaki korelasyon katsayısının (ryr, (Wr+Vr)) negatif (-14065.890) çıkması bayrak yaprak klorofil içeriği yüksek olan ebeveynlerin dominant genlere sahip olduğunu göstermektedir.

6 genotipe ait yarım diallel F₁ melez generasyonlarının oluşturduğu populasyonda bayrak yaprak klorofil içeriği bakımından hesaplanan varyans (Vrx) ve kovaryans (Wry) değerlerine ait Wr-Vr grafiği Şekil 4.18'de verilmiştir.

Şekil 4.18'de bayrak yaprak klorofil içeriği açısından Wr-Vr grafiği incelendiğinde, regresyon doğrusunun Y eksenini orijinin üstünde pozitif yönde kestiği görülmektedir (a: 5.207). Bu durum, incelenen karakterin kalıtımında kısmi dominantlığın etkili olduğunu göstermektedir. Genetik parametrelerden ortalama dominantlık derecesinin $((H_1/D)^{1/2})$ 1'den büyük (1.262) olması (Çizelge 4.71) ise üstün dominantlığın varlığını ortaya koymaktadır. Şekil 4.18 üzerinde, anaçlara ait noktaların dağılımında, 1, 3 ve 5 numaralı genotiplerin orijine yakın olması nedeniyle daha çok dominant genleri taşıdığı, 4 ve 6

numaralı genotiplerin ise orijinden uzakta olması nedeniyle daha çok resesif genleri taşıdığı anlaşılmaktadır. Ayrıca, 2 numaralı genotipe ait noktanın regresyon doğrusundan uzakta yer alması, epistatik etkinin olabileceğini göstermektedir.



Şekil 4.18. Bayrak yaprak klorofil içeriği için W_r/V_r grafiği

Bayrak yaprak klorofil içeriğine ilişkin genel ve özel uyuşma yetenekleri varyans analizi ve GUY/ÖUY oranı Çizelge 4.72’de, genel ve özel uyuşma yeteneği etkileri Çizelge 4.73’de verilmiştir.

Çizelge 4.72. 6x6 Yarıml Diallel F_1 generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yetenekleri varyans analizinden elde edilen serbestlik dereceleri, kareler toplamı ve ortalamaları, F değerleri ve GUY/ÖUY oranı.

V.K.	S.D.	K.T.	K.O	F	GUY/ÖUY
GUY	5	146.5808	29.3162	87.198**	3.18
ÖUY	15	137.9831	9.1989	27.361**	
Hata	40	13.4481	0.3362		

(*):0.05 Düzeyinde Önemli, (**):0.01 Düzeyinde Önemli

Çizelge 4.72’de görüldüğü gibi hem genel uyuşma yeteneği (GUY) hem de özel uyuşma yeteneği (ÖUY) istatistiki olarak 0.01 düzeyinde önemli bulunmuş ve genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (3.18) 1’den büyük olarak hesaplanmıştır. Bu oranın 1’den büyük olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir.

Çizelge 4.73 incelendiğinde, en yüksek GUY etkisinin Lucilla (2.293) anacından, en düşük GUY etkisi 1635 (-2.685) anacından elde edilmiştir. En yüksek GUY etkisine sahip Lucilla anacı fenotipik olarak da en yüksek değeri, en düşük GUY etkisine sahip 1635 anacı fenotipik olarak da en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.68).

Çizelge 4.73’de görüldüğü gibi en yüksek ÖUY etkisi 5.993 ile Lucilla x 2115 melezlerinden elde edilmiş, bu kombinasyondan elde edilen fenotipik değerler de en yüksek (56.47 SPAD) olmuştur. En düşük ÖUY etkisi gösteren melezler ise Flamura-85 x 2115 (-3.936) kombinasyonları olmuş ve bu kombinasyonlara ait ortalama bayrak yaprak klorofil içeriği fenotipik olarak düşük (45.56 SPAD) bulunmuştur (Çizelge 4.68).

Her anacın bulunduğu diziye ait ortalama özel uyum yeteneği verilerine göre, 2115 (1.739) genotipinin dâhil olduğu diziler pozitif yönde en yüksek ve Flamura-85 (0.114) genotipinin dâhil olduğu dizi ise pozitif yönde en düşük değeri almıştır (Çizelge 4.73).

Çizelge 4.73. 6x6 Yarım Diallel F₁ generasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriğine (SPAD) ilişkin genel (GUY) ve özel (ÖUY) uyum yeteneği etkileri.

	Adana-99	Flamura-85	Masaccio	Lucilla	1635	2115	GUY
Adana-99		2.75**	0.562	-2.32**	1.671**	-0.077	-1.467**
Flamura-85			-0.534	1.407**	0.885**	-3.936**	1.309**
Masaccio				-0.318	1.124**	1.982**	1.234**
Lucilla					-3.022**	5.993**	2.293**
1635						4.731**	-2.685**
2115							-0.684**
ÖUY Diziler Ort.	0.517	0.114	0.563	0.348	1.078	1.739	
ÖUY Genel Ort.	0.727						

Araştırılan F₁ melez populasyonlarında bayrak yaprak klorofil içeriği bakımından, ortalama % 5.60 oranında heterosis ile % -0.51 oranında heterobeltiosis değerleri saptanmıştır (Çizelge 4.69). Elde edilen bu veriler melez gücünün pozitif yönde olduğunu belirtmektedir. Bayrak yaprak klorofil içeriği için yapılan çalışmalarda sırasıyla heterosis ve heterobeltiosis değerlerini, Yıldırım (2005) % -7.88 ve % -11.98, Kutlu (2012) % 1.17 ve % -5.42 olarak bulmuşlardır.

İncelenen populasyonda yarım diallel varyans analiz tablosunda, eklemeli varyans (a), dominantlık varyansı (b) ve tüm unsurları (b₁, b₂, b₃) önemli bulunmuştur. Yarım diallel melez analizi sonucunda ise genetik parametreler istatistiksel olarak önemsiz bulunmuş ve D-H₁’in negatif olduğu saptanmıştır. Uyum yetenekleri varyans analizi yöntemine göre değerlendirme de hem eklemeli varyansa karşılık gelen GUY varyansı

hem de dominantlık varyansına karşılık gelen ÖUY varyansı önemli bulunmuştur (Çizelge 4.70, 4.71, 4.72). İki değerlendirme yöntemine göre elde edilen eklemeli (a, GUY) ve dominant (b, b_1 , b_2 , b_3 , ÖUY) gen etkisi bileşenlerinin önemlilikleri arasında tam bir benzerlik olduğu görülmektedir. Bu çelişkili durum allelik olmayan gen etkileşimlerinden kaynaklanmaktadır. İncelenen üç yöntem karşılaştırıldığında sonuçların farklı olduğu görülmektedir (Çizelge 4.70, 71, 72). Ayrıca, genel uyuşma yeteneğinin özel uyuşma yeteneğine oranı (3.18) 1'den büyük olarak hesaplanmış olması, genel uyuşma yeteneğinin ve bunun sonucunda da eklemeli gen varyansının daha üstün ve önemli olduğunu göstermektedir. Bunun yanında, eklemeli gen varyansı önemliliğine rağmen, eklemeli olmayan ve epistatik gen etkilerinin varlığı ile dar anlamda kalıtım derecesi düşük olarak bulunmuştur. İncelenen karakter üzerine daha önce yapılan çalışmalarda, Yıldırım (2005) kısmi dominantlık, Yıldırım ve ark. (2009) eklemeli olmayan, Kutlu (2012) eklemeli ve dominant genlerin birlikte etkili olduğunu ifade etmişlerdir.

Bu çalışmada bayrak yaprak klorofil içeriği için, hem eklemeli gen hem de dominant gen varyansının önemli bulunması, etkili gen çifti sayısının belirlenememesi, epistatik etkinin varlığı, bu özellik için planlanan seleksiyonun ileri generasyonlara ertelenmesinin doğru olacağını düşündürmektedir.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Islah çalışmalarında yüksek başarı sağlanması, çalışılan populasyonun genetik çeşitlilik göstermesi ve ıslahçının bu populasyon hakkında yeterli ve doğru bilgi sahibi olmasıyla mümkün olur. Islahçı elde ettiği bu genetik bilgileri kullanarak ıslah programını tasarlar ve bir yön verir. Islah çalışmalarında özellikle dikkate alınan karakterler üzerinde birden fazla genin etkili olduğu ve çevresel faktörlerin de etkisi bulunduğu için kalıtları kısmen daha karmaşıktır.

Melezleme ıslah çalışmalarında, hedefe uygun anaç ve melez kombinasyonlarının saptanması, ıslah çalışmasının verimliliğini arttırma açısından önemli bir parametredir. Diallel analiz metodu ile incelenen populasyonun genetik yapısı araştırılarak, karakterlerin alt generasyonlara kalıtımıyla alakalı genetik parametreler öngörülebilmekte ve erken generasyonlarda hedefe uygun anaç ve melez populasyonları belirlenebilmektedir.

Kahramanmaraş koşullarında, 2019-2020 vejetasyon döneminde, anaç olarak kullanılan 6 ekmeklik buğday çeşidi (Adana-99, Flamura-85, Masaccio, Lucilla, 1635, 2115) ve bu anaçların yarım diallel melezlenmesiyle elde edilen 15 F₁ generasyonu biyometrik-genetik diallel yöntemlerine göre araştırılmış, ayrıca heterosis ve heterobeltiosis değerleri de saptanmıştır. Bazı fenolojik ve tarımsal özelliklerin kalıtımıyla ilgili saptanan verilerin ışığı altında;

1.“Diallel tabloların varyans analizi”, “Diallel melez analizi ile genetik parametrelerin tahmin edilmesi” ve “Kombinasyon yetenekleri analizi” değerlendirme yöntemlerinin F₁ generasyonunda elde edilen verilere göre karşılaştırılması,

2. En uygun anaçların seçimi ve seçim yöntemlerinin karşılaştırılması,

3. Ümitvar melezlerin seçimi ayrı ayrı tartışmaya alınmıştır.

Altı ekmeklik buğday çeşidinin yarım diallel melez döllerinde uygulanan biyometrik-genetik değerlendirmesi sonucu elde edilen eklemeli ve dominant gen etkileri tahminlerine ilişkin değerlerin önemlilikleri ve genetik parametreler arasındaki oranlar Çizelge 5.1’de verilmiştir.

Anaç ve F₁ generasyonlarının ortalama değerleri incelendiğinde; F₁ ortalama değerleri, başaklanma süresi (134.06 gün), ekim olgunlaşma süresi (164.04 gün), başak uzunluğu (13.31 cm), başakta tane sayısı (51.64 adet), başakta tane ağırlığı (2.11 g), bin tane ağırlığı (36.58 g), tek bitki tane verim (35.99 g) ve bayrak yaprak klorofil miktarı

(49.60 SPAD) özelliklerinde anaçların ortalama değerlerinden yüksek, tane dolum periyodu (41.77 gün) ve bitki boyu (88.80 cm) özelliklerinde ise düşük olarak bulunmuştur.

İncelenen tüm özellikler için, yarım diallel tablo varyans analizinde (a ve b) komponentlerinin, uyum yetenekleri analizinde (GUY ve ÖUY) varyanslarının önemli bulunması, özelliklerin ortaya çıkmasında, hem eklemeli ve hem de eklemeli olmayan genlerin birlikte etkili olduğunu göstermektedir. Biyometrik olarak önemli bulunan (b_1) alt parametresi; başaklanma süresi, tane dolum periyodu, bitki boyu, başak uzunluğu, başaktaki tane sayısı, başaktaki tane ağırlığı, bin tane ağırlığı, tek bitki tane verimi ve bayrak yaprak klorofil içeriği özellikleri bakımından melezlerin kendi anaçlarının ortalamalarından sapmalarının önemli olduğunu, incelenen tüm özellikler için allel genlerin ebeveynlerde simetrik dağılmadığı ise (b_2) alt parametresinin önemliliğinden anlaşılmaktadır. Diallel melez analizinde ise sadece başaktaki tane sayısı özelliğinde h^2 'nin önemli olması heterozigotluk gösteren lokuslarda dominantlık etkisinin bulunduğunu göstermektedir.

İncelenen özelliklerden, tane dolum periyodu, ekim olgunlaşma süresi, bitki boyu, başak uzunluğu, başaktaki tane sayısı, başaktaki tane ağırlığı, bin tane ağırlığı, tek bitki tane verimi ve bayrak yaprak klorofil içeriği, kuramsal dominantlık sırası ile anaçların gerçek değerleri arasındaki korelasyonun (Y_r , W_r+V_r için r) negatif olması dominant genlerin yüksek değerli anaçlarda toplandığını göstermektedir. Anaçların W_r/V_r grafiğindeki yerleri dikkate alınarak ilgili özellik için ıslah amacına uygun anaçlar saptanmalıdır.

İncelenen özellikler için melez döllerin heterosis ve heterobeltiosis değerleri saptanmıştır. Araştırmada incelenen özelliklere ait ortalama heterosis ve heterobeltiosis değerleri sırasıyla; başaklanma süresi için % 1.11 ve % -3.88, tane dolum periyodu için % -10.36 ve % -19.11, ekim olgunlaşma süresi için % 0.29 ve % -0.70, bitki boyu için % -11.53 ve % -17.25, başak uzunluğu için % 9.27 ve % -0.64, başaktaki tane sayısı için % 34.90 ve % 18.79, başaktaki tane ağırlığı için % 40.56 ve % 21.78, bin tane ağırlığı için % 9.87 ve % 2.74, tek bitki tane verimi için % 65.84 ve % 49.40, bayrak yaprak klorofil içeriği için ise % 5.60 ve % -0.51 olarak hesaplanmıştır.

Çizelge 5.1. Üç yöntemle göre hesaplanan genetik varyans komponentlerinin önemlilikleri ve diallel melez analizindeki genetik parametreler arasındaki oranlar.

Özellik	Komponent					Parametre							Parametreler Arası Oranlar							Uyum Yetenekleri		
	a	b	b ₁	b ₂	b ₃	E	D	F	H ₁	H ₂	h ²	D-H ₁	(H ₁ /D) ^{1/2}	H ₂ /4H ₁	KD/KR	K	Hg	Hd	ryr,(Wr.Vr)	GUY	ÖUY	GUY/ÖUY
Başaklanma Süresi	**	**	**	**	**	öd	*	öd	öd	*	öd	öd (-)	1.31	0.343	1.355	0.403	0.976	0.513	0.055	**	**	4.61
Tane Dolum Periyodu	**	**	**	**	**	öd	*	öd	*	*	öd	öd (-)	1.319	0.369	0.902	0.321	0.985	0.347	-39.801	**	**	4.97
E. Olgunlaşma Süresi	**	**	öd	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	2.572	0.269	0.958	0.01	0.927	0.128	-961.483	**	**	2.34
Bitki Boyu	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	2.167	0.273	1.117	0.459	0.969	0.183	-67.171	**	**	1.82
Başak uzunluğu	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	2.357	0.212	2.049	0.163	0.849	0.2	-31013.866	**	**	0.87
Başaktaki Tane Sayısı	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	*	öd	*	öd (-)	2.068	0.302	0.856	0.894	0.955	0.177	-277.737	**	**	2.38
Başaktaki Tane Ağırlığı	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	2.51	0.303	0.662	0.651	0.936	0.119	-2108051.78	**	**	2.55
Bin Tane Ağırlığı	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	*	*	öd	öd (-)	2.109	0.243	1.434	0.397	0.96	0.212	-8410.675	**	**	2.17
Tek Bitki Tane Verimi	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	7.204	0.258	0.778	0.493	0.886	0.018	-1051.606	**	**	0.44
Bayrak Yaprak Klorofil İçeriği	**	**	**	**	**	öd	öd	öd	öd	öd	öd	öd (-)	1.262	0.287	1.628	0.417	0.853	0.489	-14065.89	**	**	3.18

**:%1 düzeyinde önemli, *: %5 düzeyinde önemli, öd: Önemli

5.1. En Uygun Anaç Seçimi

Bitki ıslahçısının amacı yeni bir genotip ve ya melezleme çalışmalarında kullanılabilecek bir anaç elde etmektir. Uzun bir zaman dilimi gerektiren melezleme ıslahında istenilen amaca uygun netice vermeyecek popülasyonlar üzerinde çalışmaktan uzak durulmalıdır. Bunu başarmanın en iyi yolu ise istenilen özellik için uygun anaçları seçmektir. Anaçlarda etkili olan gen mekanizması, incelenen özelliğin kalıtımında etkili olan gen sayısı, anaçların diğer anaçlarla olan kombinasyonlarından meydana gelebilecek gen etkileşimlerinin belirlenmesi gerçekleştirilecek ıslah çalışmalarında başarıyı etkileyen etmenlerdir. Birden fazla genle yönetilen verim ve verim unsurlarında çevre varyansı ve genotipik varyans etkileşim halindedir. Bu nedenlerden dolayı verimi artırmaya yönelik ıslah çalışmalarında uygun anacın seçilmesi zordur ve önem teşkil eder (Karma, 1976).

Bu çalışmada, F_1 generasyonunda belirlenen anaç ortalama gözlem değerlerine ve genel uyum yeteneği etkilerine göre yapılan anaç seçimleri karşılaştırılmıştır.

Başaklanma süresi açısından, **Adana-99**, **Masaccio** ve **Flamura-85** genotipleri kısa başaklanma süresi genotip geliştirme çalışmaları için uygun anaçlar olarak belirlenmiştir.

Tane dolum periyodu açısından, **Lucilla**, **1635** ve **2115** genotipleri kısa tane dolum periyodu genotip geliştirme çalışmaları için, **Adana-99**, **Flamura-85** ve **Masaccio** genotipleri ise uzun tane dolum periyodu genotip geliştirme çalışmaları için uygun anaçlar olarak belirlenmiştir.

Ekim olgunlaşma süresi açısından, **Adana-99**, **Masaccio** ve **Lucilla** genotipleri kısa ekim olgunlaşma süresi genotip geliştirme çalışmaları için uygun anaçlar olarak belirlenmiştir.

Bitki boyu açısından, **Adana-99** ve **1635** genotipleri uzun bitki boyu genotip geliştirme çalışmaları için, **Masaccio** ve **Lucilla** genotipleri ise kısa bitki boyu genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Başak uzunluğu açısından, **Adana-99** ve **Flamura-85** genotipleri uzun başak uzunluğu genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Başaktaki tane sayısı açısından, **Adana-99** ve **Flamura-85** genotipleri fazla adette başakta tane sayısı genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Başaktaki tane ağırlığı açısından, **Adana-99** ve **Flamura-85** genotipleri yüksek değerde başakta tane ağırlığı genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Bin tane ağırlığı açısından, **Adana-99** ve **Flamura-85** genotipleri yüksek değerde bin tane ağırlığı genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Tek bitki tane verimi açısından, **Adana-99**, **Lucilla** ve **Masaccio** genotipleri yüksek değerde tek bitki tane verimi genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

Bayrak yaprak klorofil içeriği açısından, **Flamura-85**, **Lucilla** ve **Masaccio** genotipleri yüksek değerde bayrak yaprak klorofil içeriği genotip geliştirme çalışmaları için yapılacak ıslah çalışmalarında melezlemeye alınabilecek anaçlar olarak saptanmıştır.

5.2. Ümitvar Melezlerin Seçimi

Buğday gibi kendine döllen bitkilerin ıslahında ümitvar kombinasyonların döller arasında üstün olanların, mümkün olduğu kadar erken generasyonlarda ve doğru olarak belirlenmesi en önemli amaçtır (Crumpacker and Allard, 1962). Ruckebauer (1977), anaçlara ilişkin genetik bilgilerden faydalanan kombinasyonların performansları konusunda öngörülerin yapılabileceğini bildirmiş, ancak Aksel ve Johnson (1961) ileri generasyonlar için ümitvar kombinasyonların belirlenmesinde, anaç performanslarının tek başına yeterli olamayacağını ve üstün kombinasyonların tercihinde, mezlere ilişkin özel kombinasyon yeteneklerinden faydalanılması gerektiğini ifade etmişlerdir (Korkut 1981).

Bu çalışmada, F_1 generasyonunda belirlenen melez ortalama gözlem değerlerine, özel uyum yeteneği etkilerine ve heterosis-heterobeltiosis değerlerine göre yapılan melez seçimleri karşılaştırılmıştır.

Başaklanma süresi açısından, **1635 x 2115**, **Masaccio x 1635**, **Masaccio x Lucilla**, **Flamura-85 x Lucilla**, **Adana-99 x 2115**, kombinasyonları kısa başaklanma süresi için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Tane dolum periyodu açısından, **Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x 2115, Flamura-85 x Lucilla, Masaccio x Lucilla, Masaccio x 1635, 1635 x 2115** kombinasyonları uzun tane dolum periyodu için, **Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x 1635, Lucilla x 2115, Lucilla x 1635, Flamura-85 x Masaccio, Flamura-85 x 1635, Flamura-85 x 2115, Masaccio x 2115,** kombinasyonları ise kısa tane dolum periyodu için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Ekim olgunlaşma süresi açısından, **Masaccio x Lucilla, Masaccio x 1635, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x 2115, Flamura-85 x Lucilla, Flamura-85 x 1635, Flamura-85 x 2115** kombinasyonları kısa ekim olgunlaşma süresi için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Bitki boyu açısından, **Adana-99 x 2115, Flamura-85 x Masaccio, Flamura-85 x Lucilla, Flamura-85 x 2115, Masaccio x Lucilla, Masaccio x 1635, 1635 x 2115** kombinasyonları uzun bitki boyu için ümitvar melezler olarak, **Lucilla x 2115, Lucilla x 1635, Masaccio x 2115, Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x 1635** kombinasyonları ise kısa bitki boyu için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Başak uzunluğu açısından, **Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Flamura-85 x Masaccio, Masaccio x Lucilla, Masaccio x 1635, 1635 x 2115** kombinasyonları uzun başak uzunluğu için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Başaktaki tane sayısı açısından, **Adana-99 x Flamura-85, 1635 x 2115** kombinasyonları yüksek adette başakta tane sayısı için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Başaktaki tane ağırlığı açısından, **Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x 1635, Adana-99 x 2115, Flamura-85 x Masaccio, Flamura-85 x Lucilla, Masaccio x Lucilla, 1635 x 2115** kombinasyonları yüksek başakta tane ağırlığı için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Bin tane ağırlığı açısından, **Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x 2115, Flamura-85 x Masaccio, Flamura-85 x Lucilla, Masaccio x Lucilla, 1635 x 2115** kombinasyonları fazla bin tane ağırlığı için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Tek bitki tane verimi açısından, **1635 x 2115, Masaccio x Lucilla, Adana-99 x Lucilla, Adana-99 x Masaccio, Adana-99 x 1635, Flamura-85 x Lucilla** kombinasyonları fazla tek bitki tane verimi için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Bayrak yaprak klorofil içeriği açısından, **Adana-99 x Flamura-85, Adana-99 x 1635, Masaccio x 2115, Masaccio x 1635, Lucilla x 2115, 1635 x 2115, Flamura-85 x Lucilla, Flamura-85 x 1635** kombinasyonları fazla bayrak yaprak klorofil içeriği için ümitvar melezler olarak görülmektedir.

Ekmeklik buğdayda genetik varyasyonu artırmak için, yerli ve yabancı orijinlileri de içine alan geniş bir varyasyona sahip melez popülasyonlar meydana getirmek ve bu melez popülasyonlardan Türkiye'nin farklı bölgelerine adaptasyon sağlayabilecek, yüksek verim ve üstün kaliteli yeni yerli ekmeklik buğday genotipleri geliştirmek amacıyla yapılan bu çalışmada incelenen özellikler yönünden yeterli varyasyon görülmesi, bu melez popülasyonun ihtiyaç duyulan uygun materyali içerdiğini göstermektedir. Araştırılan özellikler için uygun melez ve ebeveynlerin bulunması, istenilen çeşitlerin geliştirilmesinde üzerinde çalışılan popülasyondan yararlanılabileceğini göstermektedir.

KAYNAKLAR

- Afridi,K. Khan, N.U. , Mohammad, F., Shah, S.J.A. , Gul,S., Khalil, I.A., Sajjad,M., Ali,S., Ali,I. ve Khan, S.M. (2017). Inheritance pattern of earliness and yield traits in half-diallel crosses of spring wheat Can. J. Plant Sci., 97: 865-880.
- Akçura M. ve Topal A. (2006). Türkiye Kışlık Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Fenotipik Çeşitlilik. Bitkisel Araştırma Dergisi, 2, 8-16.
- Akgün, N. ve Topal, A. (2002). Bazı makarnalık buğday (*Triticum durum* Desf.) melezlerinde verim özelliklerinin diallel analizi. S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi, 16 (30): 70-80.
- Akram, Z., Ajmal, S. U., Munir, M. and Shabir, G. (2008). Genetic determination of yield related attributes in bread wheat. Sarhad J. Agric., 24 (3), 431-438.
- Akram Z, Ajmal S, Khan SK, Qureshi R and Zubair M. (2011). Combining ability estimatis of some yield and quality related traits in Spring Wheat (*Triticum Aestivum* L.). Pak. J. Bot., 43(1): 221- 231.
- Aksel R, and Johnson L.P.V. (1961). Genetic studies on sowing-to-heading and heading-to- ripening periods in barley and their relation to yield and yield components. Can J Genet Cytol, 3, 242259.
- Aksel, R., Johnson, L.P.V. (1963). Analysis of Diallel Cross. A Worked Example. Advancing Frontiers of Plant Sci. (India), 2:37-53.
- Aksel, R., Kırcalıoğlu, A. ve Korkut, K.Z. (1982). Kantitatif Genetiğe Giriş ve Diallel Analizler. Ege Bölge Zirai Araşt.Enst.Yayınları No:20 s. 124, Menemen – İZMİR.
- Aktaş, H., Karaman, M., Erol, O.R.A.L., Kendal, E., Tekdal, S. (2017). Bazı Ekmeklik Buğday Genotiplerinin (*Triticum aestivum* L.) Doğal Yağış Koşullarındaki Verim ve Kalite Parametrelerinin Değerlendirilmesi. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi, 26 (1), 86-95.
- Anonim, (2017). Kahramanmaraş Meteoroloji İstasyonu Müdürlüğü Verileri.
- Anonim, (2020). Kahramanmaraş Meteoroloji İstasyonu Müdürlüğü Verileri.
- Anonim, (2011). Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Toprak Analizi Laboratuvarı, Analiz Sonuçları. AOAC.1990. Offical Methods of Analysis.
- Babu, R., Sudha, K., Nair, B., Prasanna, M.,Gupta, S. (2004). Integrating marker assisted selection in crop breeding Prospects and challenges. Urrtent Science, 87 (5). 607-619.
- Balcı, A. ve Turgut, İ. (2002). Bazı ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* var. *aestivum*) hat ve çeşitlerinde uyum yetenekleri üzerine araştırmalar. Uludağ Üniv. Zir. Fak. Der., Bursa, 16 (1), 225-234.

- Bansal, U.K., Muhammad, S., Forrest, K.L., Hayden, M.J., Bariana, H.S. (2015). Mapping of A New Stem Rust Resistance Gene Sr49 in Chromosome 5B of Wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 128: 2113-2119.
- Bao, Y., Wang, S., Wang, X., Wang, Y., Li, X., Wang, L. and Wang, H. (2009). Heterosis and combining ability for major yield traits of a new wheat germplasm shannong 0095 derived from *Thinopyrum intermedium*. *Agricultural Sciences in China*, 8(6), 753-760.
- Birleşmiş Milletler, (2019). Department of Economics and Social Affairs News. <https://www.un.org/development/desa/en/news/population/world-population-prospects-2019.html>
- Bitzer, M. J., Petterson, F. L. and Nyquist, W. E. (1982). Hybrid Vigor and Combining Ability in a High-Low Yielding, Eight-Parent Diallel Cross of Soft Red Winter Wheat, *Crop Science*, 22: 1126-1129.
- Borghi, B. and Perenzin, M. (1994). Diallel Analysis to Predict Heterosis and Combining Ability for Grain Yield, Yield Components and Bread-Making Quality in Bread Wheat (*T. aestivum*). *Theor. Appl. Genet.* 89: 975-981.
- Butow, B.J., Ma, W., Gale, K.R., Cornish, G.B., Rampling, L., Larroqueand, O., Bekes, F. (2003). Molecular Discrimination of Bx7OE Alleles Demonstrates That A Highly Expressedhigh-Molecular-Weight Glutenin Allele Has A Major Impact on Wheat Flourdough Strength. *Theoretical And Applied Genetics* 107(8): 1524–1532.
- Chang, M.S., Smith, J.D. (1967). Diallel Analysis of Inheritance of Quantitative Characters in Grain Sorghum. I.Heterosis and Inbreeding Depression. *Can.J.Genet.Cytol.*, 9:44-51.
- Crumpacker D.W. and Allard R.W. (1962). A diallel cross analysis of heading date in wheat *Hilgardia*, 32 (6): 275- 318.
- Çağlar, Ö., Öztürk, A., Bulut, S. (2006). Bazı ekmeklik buğday çeşitlerinin erzurum ovası koşullarına adaptasyonu. *Atatürk Üni. Ziraat Fak. Dergisi*, 37(1), 1-7.
- Çelik, V., (2016). 6 x 6 Yarıml Diallel Makarnalık Buğday Melezlerinde Heterosis ve Uyum Yeteneklerinin Belirlenmesi. Yüksek lisans tezi, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Kahramanmaraş.
- Çetiner, S., (2015). Türkiye Ve Dünyada Tarımsal Biyoteknoloji Ve Gıda Güvencesi: Sorunlar ve Öneriler. <http://www.inovasyon.org/pdf/S.Cetiner.Inovasyon.org.pdf>).
- Çifçi, E., (2003). Ekmeklik buğdaylarda diallel analiz yöntemi ile bazı tarımsal özelliklerin kalıtım durumlarının saptanması. Yüksek Lisans Tezi. U.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Bursa.
- Çifci, E. A, Yağdı, K. (2007). Ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) diallel melez analizi ile bazı agronomik özelliklerin incelenmesi. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 13(4): 354- 364.

- Dağüstü, N. (2002). Bazı ekmeklik buğday çeşit ve hatlarının 7x7 diallel melez döllerinde bazı tarımsal özelliklerin kalıtımı, Uludağ Üniv. Zir. Fak. Derg. Bursa, 16(2), 47-58.
- Dede, B., (2007). Mikrosatelit dna belirleyicileri kullanarak yerel ekmeklik buğday çeşitlerinin tanımlanması. Yüksek lisans tezi, Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tokat.
- Demir, İ., Forkman, G. (1975). *Mathiola incana* Bitkisinde Çiçek Renginin Kalıtımı Üzerinde Araştırmalar. Ege Üniv. Ziraî Araş. Enst.
- Demir, S., (2015). Türkiye’de yetişen yerel emmer buğday (*Triticum turgidum* L. ssp. *dicoccon* (Schrank) Thell.) popülasyonlarında genetik çeşitliliğin moleküler yöntemlerle karakterizasyonu. Yüksek lisans tezi, Hitit Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Çorum, 91.
- Demirel, F., (2018). Türkiye’nin farklı bölgelerinden toplanmış yerel buğday genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonu. Doktora tezi, Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı. Iğdır.
- Dere, Ş., (2004). 8x8 Diallel Ekmeklik Buğday (*T. aestivum* L.) Melez Popülasyonunda Bazı Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Kalıtımı. Doktora Tezi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. İzmir, 36-63s.
- Dice, L.R., (1945). Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26(3): 297-302.
- Doğan, Y., Toğay, Y., Toğay, N. (2014). Türkiye’de tescil edilmiş bazı ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşitlerinin Mardin- Kızıltepe koşullarında verim ve bazı verim özelliklerinin belirlenmesi. Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 24 (3): 241-247.
- Dokuyucu, T., Akkaya, A., Yigitoğlu, D. (2004a). “The Effect of Different Sowing Dates on Growing Periods, Yield and Yield Components of Some Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Cultivars Grown in the East-Mediterranean Region of Turkey”, *Journal of Agronomy*, 3 (2): 126-130.
- Dokuyucu, T., Akkaya, A., Akcura, M., Kara, R., Budak, H. (2004b). “Collection, Identification and Conservation of Wheat Landraces in Kahramanmaraş Province in East Mediterranean Region of Turkey”, *Cereal Research Communications* 32 (1): 167-174.
- Dumlupınar, Z., Karakuzulu, H., Demirtaş, M.B., Uğurer, M., Gezginç, H., Dokuyucu, T., Akkaya, A. (2015). A Heterosis Study for Some Agronomic Traits in Oat. *Journal of Agricultural Sciences*, 21(3):414-419.
- Dumlupınar, Z., Aydemir, G., Yüce, İ., Narlı, T., Sunulu, S., Güngör, H. (2020). B28xKundur-1149 Resiproklı Melez Popülasyonundan Elde Edilen F5 Bireylerinin Fonksiyonel Markörlerle Değerlendirilmesi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi, 2020.

- Dursun, Ö.F., (2019). Yarım diallel melezleme tekniği (6x6) ile elde edilen ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) melezlerinde bazı tarımsal özelliklerin kalıtım durumunun belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Bursa Uludağ Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Bursa.
- Efe, E., (1994). Sözlü Görüşme.
- Ekse, O. ve Demir, İ. (1985). Ekmeklik buğdaylarda verim, verim öğeleri ve proteinin kalıtımı üzerinde araştırmalar. Ege Bölge Ziraat Araştırma Enstitüsü Yayınları, 56, Menemen İzmir.
- Ellis, M.H., Spielmeyer, W., Gale, K.R., Rebetzke, G.J., Richards, R.A. (2002). 'Perfect' Markers for the Rht-B1b and Rht-D1b Dwarfing Genes in Wheat. Theor. Appl. Genet., 105: 1038-1042.
- Eren, N., (2000). Bazı makarnalık buğday diallel melezlerinde verim komponentlerinin kalıtımı üzerine bir araştırma. Doktora Tezi. Harran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Şanlıurfa.
- FAO, (2019). FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations, <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
- Ferahoğlu, E., (2018). Ekmeklik Buğday (*T. aestivum* L.) Diallel Melezlerinde Verim Komponentlerinin Kalıtımı ve Melez Gücü. Yüksek Lisans Tezi, U.Ü. Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Bursa.
- Fonseca, S.M., Patterson, F.L. (1968). Hybrid Vigor in a Seven Parent Diallel Cross in Common Winter Wheat (*T. aestivum* L.). Crop Sci., 8(1):85-88.
- Gautier, M.F., Aleman, M.E., Guirao, A., Marion, D., and Joudrier, P. (1994). *Triticum aestivum* puroindolines, two basic cysteine-rich seed proteins: cDNA sequence analysis and developmental gene expression. Plant Mol. Biol. 25, 43–57.
- Geboloğlu, M.D., (2016). Bazı Yazlık Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Genetik Farklılığın SSR Markörleriyle Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Yüzüncü Yıl Üniversitesi. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Van.
- Gezginç, H., (2018). Farklı Kökenlerden Gelen Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Kahramanmaraş İklim Koşullarındaki Performansları ve Bazı Genlerin Allelik Varyasyonlarının Belirlenmesi. Doktora Tezi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Kahramanmaraş.
- Gupta, P.K., Varshney, R.K. (2000). The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. Euphytica 113: 163–185.

- Güngör, H., Dumlupınar, Z., Çelik, V. (2016). Inheritance And Heterosis Of Color Parameters With Measured Spectrophotometer In Durum Wheat International Engineering, Science and Education Conference. Diyarbakır. s:768-777
- Güngör, H., Başal, H., Yüce, İ., Kekilli, Ö., Akçadağ, M., Dumlupınar, Z. (2018). Genetic analysis of some yield associated traits of F3 segregating population of bread wheat. Fresenius Environmental Bulletin, 27(7): 4857-4866.
- Güngör, H., Dumlupınar, Z. (2019). Bolu Koşullarında Bazı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşitlerinin Verim, Verim Unsurları ve Kalite Yönünden Değerlendirilmesi. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi, 6(1): 44-51. <https://doi.org/10.30910/turkjans.515346>
- Güngör, H. (2019). Allelic variations and agronomic comparisons of durum wheat cultivars under east-mediterranean conditions. International Journal of Agriculture and Biology, 21(4): 891-898. DOI: 10.17957/IJAB/15.0972
- Güngör, H., Yüce, İ., Dumlupınar, Z. (2020). F₄ Döl Kuşağı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Popülasyonlarının Tane verimi Yönünden Heterotik Etkiler ve Kuraklığa Toleranslılık Parametreleri ile Değerlendirilmesi. Ziraat Mühendisliği, 369(1): 58-68. DOI: 10.33724/zm.706722
- Hammad, G., Kashif, M., Munavar, M., Ijaz, U., Raza, M. (2013). Genetic Analysis of Quantitative Yield Related Traits in Spring Wheat (*Triticum aestivum* L.). American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci. ISSN: 1818-6769. 13 (9) : 1239-1245.
- Hassan, G., Mohammad, F., Afridi, S. S. and Khalil, I. (2007). Combining ability in the f1 generations of diallel cross for yield and yield components in wheat. Sarhad J. Agric., 23 (4), 936-942.
- Hayman, B. I., (1954a). The Analysis of Variance of Diallel Tables. Biometrics 10: 234-244.
- Hayman, B. I., 1954 b. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. Genetics, 39: 789-809.
- Hayman, B. I., 1958. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. II. Genetics, 43: 63-85.
- Hayman, B. I., 1960. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. III. Genetics, 45: 155-172.
- Hocaoğlu, O., (2013). Çanakkale ekolojik koşullarında yerel ekmeklik buğdaylardan seçilen saf hatların tescilli çeşitlerle verim ve verim unsurları bakımından karşılaştırılması. Yüksek lisans tezi, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Çanakkale, 54.
- İlker, E., Aykut, F., Tosun, M. (2010). Heterosis for Yield and its Components in Bread Wheat Crosses Among Powdery Mildew Resistant and Susceptible Genotypes. Pak. J. Bot., 42 (1): 513-522.
- Jinks, J.L., Hayman, B.I. (1953). The Analysis of Diallel Crosses. Maize Genet. Coop. News Letter, 27: 48-54

- Jinks, J.L. (1954). The Analysis of Continous Variation in a Diallel Cross of Nicotina Rustica Varieties. Genetics, 39: 767-788.
- Jinks, J.L. (1956). The F₂ and Backcross Generation From a Set of Diallel Crosses. Heredity, 10:1-30.
- Jones, R.M. (1965). Analaysis of Variance of the Half Diallel Table. Heredity, 20:117-121
- Kalaycı. M. (2005). Örneklerle Jump Kullanımı ve Tarımsal Araştırma için Varyans Analiz Modelleri. Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü Yayınları. Yayın No:21, Eskişehir.
- Kan, A., (2000). Orta Anadolu Şartlarında Ekmeklik Buğday Islahında Kullanılabilecek Uygun Ebeveyn ve Melezlerin Çoklu Dizi (Line x Tester) Yöntemi İle Belirlenmesi. Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Konya.
- Kan, A., Sade, B. (2002). Ekmeklik Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Kalite Özelliklerini Kombinasyon Yeteneği, Melez Gücü ve Kalıtımı. Selçuk Üniv. Ziraat Fak. Derg, 16(29): 12-18.
- Kara, R., Dalkılıç, A.Y., Gezginç, H., Yılmaz, M. F. (2016). Kahramanmaraş Koşullarında Bazı Ekmeklik Buğday Çeşitlerinin Verim ve Verim Unsurları Yönünden Değerlendirilmesi. Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi 3(2): 172–183.
- Karma, E., (1976). Sekiz Ekmeklik Buğday Çeşidinin Diallel Melez Dollerinde Bazı Tarımsal Karakterlerin Kalıtımı Uzerinde Araştırmalar. Doktora Tezi, Ege Univ. Zir. Fak. İzmir.
- Kaya, Y., (2018). Buğdayın kültüre alınması. Siirt Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü, Siirt, bilgi notu 1 (19 Sayfa).
- Khan, A. A., Iqbal, M., Ali, Z. and Athar, M. (2010). Diallelic analysis of quantitative traits in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) Plant Biosystems, 144 (2), 373-380.
- Kıral, A.S. (1994). Line x Tester Yöntemiyle Süne Zararından Az Etkilenen Verimli ve Kalite Ekmeklik Buğday Çeşitleri Islahı Üzerine Bir Araştırma. S.Ü. Ziraat Fak. Dergisi. 9 (11): 181-187. Konya.
- Knott, D. R. (1965). Heterosis in Seven Wheat Hybrids. Can. J. Plant Sci. 45(5): 499-501.
- Koçyiğit, B.K., (2019). Seri-82 × B35 Melez Popülasyonunda F4 Bireylerinin Fonksiyonel DNA Markörleri ile Değerlendirilmesi. Yüksek Lisans Tezi, Sütçü İmam Üniv. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Kahramanmaraş.
- Koebner, R.M.D. (1995). Generation of PCR-Based Markers for The Detection of Rye Chromatin in A Wheat Background. Theoretical and Applied Genetics 90(5): 740-745.
- Korkut, K.Z., (1981). Arpada diallel melez analizleri ile bazı tarımsal özelliklerin kalıtımı üzerinde araştırmalar. (Doktora tezi). Ege Üniv. Zir. Fak.Đzmir. s. 12-35.

- Kruvadi, S. (1991). Diallel Analysis And Heterosis For Yield And Associated Charates In Durum Wheat Under Upland Conditions. Turrialba Pupl. 41:3, 335-338. Canada.
- Kutlu, İ. (2012). Buğdayda Diallel Melez Analizi ile Tarımsal ve Kalite Özelliklerinin Kalıtımının Belirlenmesi. Doktora Tezi, Eskişehir Osmangazi Üni., Fen Bilimleri Enst., Eskişehir.
- Kutlu, İ., Bilgen, O., Balkan, A. (2015). Ekmeklik buğdayda bazı başak özelliklerinin kalıtımı ve populasyon farklılıklarının analizi. KSÜ Doğa Bil. Derg., 18(4): 40-47.
- Maccaferri, M., Sanguineti, M.C., Donini, P., Tuberosa, R. (2003). Microsatellite analysis reveals a progressive widening of the genetic basis in the elite durum wheat germplasm. Theoretical and Applied Genetics, 107: 783-797.
- Mahmood, N. and Chowdhry, M. A. (1999). Inheritance of some growht parameters in bread wheat. Pakistan Journal of Biological Sciences, 2 (3), 781-790.
- Malçok, T., (2019). Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) F₂ Populasyonlarında Verim İle Diğer Agronomik Özellikler Arasındaki Doğrudan ve Dolaylı Etkilerin Belirnenmesi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Yüksek Lisans Tezi, İZMİR.
- Manifesto, M.M., Schlatter, A.R., Hopp, H.E., Suárez, E.Y., Dubcovsky, J. (2001). Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. Crop Sci. 41: 682-690.
- Mann, M.S., Sharma, S.N. (1995). Combining Ability In The F₁ And F₂ Generations Of Diallel Cross In Macoroni Wheat (*Triticum durum* Desf.) Indian Journal Of Genetics And Plant Breeding, 55:2, 160-165. Indian.
- Mather, K., Jinks, J.L., (1971). Biometrical Genetics. Second Edition. Chapman and Hall. London. S.213.
- Morojele, E. and Labuschagne, M. (2013). Combining ability of quality characteristics of wheat cultivars grown in Lesotho. African Crop Science Journal, 21(2): 127-132.
- Nazeer, A. W., Safer-ul-Hassan, M. and Akram, Z. (2004). Genetic architecture of some agronomic traits in diallel cross of bread wheat. Pakistan Journal of Biological Sciences, 7 (8), 1340-1342.
- Nazeer, W., Farooq, J., Tauseef, M., Ahmed, S., Khan, M. A., Mahmood, K., Hussain, A., Iqbal, M. and Nasrullah, H. M. (2011). Diallel analysis to study the genetic makeup of spike and yield contributing traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). African Journal of Biotechnology, 10(63), 13735-13743.
- Oliver R.E., Obert D.E., Hu G, Bonman J.M., O'Leary-Jepsen E, Jackson E.W. (2010). Development of oat-based markers from barley and wheat microsatellites. Genome, 53(6): 458-471.

- Ozbek, O., Millet, E., Anikster, Y., Arslan, O., Feldman, M. (2006). Comparison of the genetic structure of populations of wild emmer wheat, *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*, from Israel and Turkey revealed by AFLP analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 54(7):1587-1598.
- Özcan, K., (1999). Populasyon Genetiği İçin Bir İstatistik Paket Geliştirilmesi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Doktora Tezi, İZMİR.
- Özşensoy, Y. (2012). Markör Sistemleri ve Genetik Karakterizasyon Çalışmalarında Kullanımları. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 10(2): 11-19.
- Poehlman, J. M., Sleeper, D. A., (1995). Breeding Hybrid Cultivars. *Breeding Field Crops*. USA, Forth Edition, s:200-215.
- Prasad, M., Varshney, R.K., Roy, J.K., Balyan, H.S., Gupta, P.K. (2000). The use of microsatellites for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 100: 584-592.
- Randhawa, M., Bansal, U., Valárik, M., Klocová B., Doležel J., Bariana H. (2014). Molecular mapping of stripe rust resistance gene Yr51 in chromosome 4AL of wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 127: 317-324.
- 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.
- Röder, M.S., Wendehake, K., Korzun, V., Bredemeijer, G., Laborie, D., Bertrand, L., Isaac, P., Rendell, S., Jackson, J., Cooke, R.J., Vosmann, B., Ganai, M.W. (2002). Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 106:67–73.
- Sade, B., (1999). Tahıl Islahı (Buğday ve Mısır). Selçuk Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Yayınları, Konya.
- Sameena, S., Singh, I., Singh, J. (2000). Inheritance of Some Quantitative traits in bread wheat (*T. aestivum* L. em. Thell). *Annals of Agricultural Research* 21(1):51-54.
- Salem, K.F.M., El-Zanaty, A.M., Esmail, R.M. (2008). Assessing Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genetic Diversity Using Morphological Characters and Microsatellite Markers. *World Journal of Agricultural Sciences* 4 (5):538- 544.
- Shariflou, M.R., Sharp, P.J., (1999). A Polymorphic Microsatellite in the 3' end of 'Waxy' genes of Wheat, *Triticum Aestivum*. *Plant Breeding*, 118: 275-277. Weir BS 1996. *Genetik Veri Analizi II*, 2. Baskı. Sinauer Associates Inc, Sunderland, MA.
- Sharma, Y., Sharma, S. N., Joshi, P. and. Sain, R. S. (2002). Combining ability analysis for yield and yield contributing characters in six-rowed barley. *Sabara Journal of Breeding and Genetics*, 34(2), 55-63.
- Singh, R.K. and Chaudary, B.D., (1976). *Biometrical Techniques in Genetics and Breeding*. International Bioscience Publishers, Hissar (India).

- Singh, R.K., Chaudary, B.D., (1985). Biometrical Methods in Quantative Genetic analysis. Kalyami Publishers, New Delhi-Ludhiana, 212-217.
- Steel, R.G.D., Torrie, J.H., (1960). Principles and Procedures of Statistics. Mc Graw-Hill Book Company, Inc., Newyork., s 215.
- Şener, O., (1997). Ekmekli buğday diallel melez analizi ile bazı tarımsal karakterlerin kalıtımının belirlenmesi üzerinde araştırmalar. Doktora Tezi, Ç.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Adana.
- Şener, O., Kılınç, M., Yağbasanlar, T. (2000). Ekmeklik buğdayda diallel melez analizi ile bazı tarımsal karakterlerin kalıtımının belirlenmesi. *Turk J Agric For* (24): 121-127.
- Şimşek, S., (2017). Ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* l.) bazı tarımsal ve fizyolojik özelliklerin kalıtımı. Doktora Tezi, Adnan Menderes Üniv. Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Aydın.
- Taner, S., Sade, B., 2012. Kuru Şartlarda 5x5 Yarım Diallel Ekmeklik Buğday Melez Populasyonlarında Kombinasyon Yetenekleri ve Heterosis Değerlerinin İncelenmesi. *Selçuk Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 26 (4): 1-10.
- Taş, E., (2019). Güneydoğu Anadolu Bölgesi Yerel ve İslah Edilmiş Bazı Buğday Çeşitlerinde Verim ve Kalite Özelliklerinin Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Diyarbakır.
- Toklu F. ve Yağbasanlar, T. (2005). Ekmeklik Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Bitki Boyu, Başaklanma Süresi, Bayrak Yaprak Alanı ve Tane Ağırlığının Kalıtımı Üzerinde Bir Araştırma. Türkiye VI. Tarla Bitki leri Kongresi, 5-9 Eylül 2005, Antalya (Araştırma Sunusu Cilt II, Sayfa 689-694).
- Tosun, M., Demir, D., Yüce S., Sever C., Gürel, A. (1995). Bazı Buğday Melezlerinde Çoklu Dizi (Line x Tester) Analizi. *Anadolu J. of AARI* 5(2):52-63.
- Tulukçu, E., (2004). Diallel melezleme yöntemiyle bor içeriği düşük topraklara uygun ekmeklik buğday anaç ve melezlerinin belirlenmesi ile verim ve verim öğelerinin kalıtımı. Doktora Tezi, Selçuk Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Konya. 156 s.
- TÜİK, (2019). Tahıllar ve diğer bitkisel ürünler raporu. http://tuik.gov.tr/PreTablo.do?alt_id=1001
- Uysal, A., (2019). Yurt Dışı ve Türkiye Kaynaklı Yerel Ekmeklik ve Makarnalık Buğday Genotiplerinin Fonksiyonel Markörler ile Karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi, Sütçü İmam Üniv. Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Kahramanmaraş.
- Weir, B.S., (1996). Genetik Veri Analizi II, 2. baskı. Sinauer Associates Inc, Sunderland, MA.

- Yağbasanlar, T. (1990). Çukurova koşullarında bazı ekmeklik ve makarnalık buğday melezlerinde F1 populasyonunun bitkisel özellikleri ve melez gücü üzerinde bir araştırma. Ç.Ü. Ziraat Fak. Derg., 11: 81-93.
- Yağdı, K., Ekingen, H.R. (1995). Beş ekmeklik buğday çeşidinin diallel melez döllerinde bazı agronomik özelliklerin kalıtımı. Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 11:87-93.
- Yağdı, K., Karan, Ş. (2000). Ekmeklik Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Melez Gücünün Saptanması, Turk J Agric For 24 : 231–236.
- Yazıcı, E., (2015). Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) 7X7 yarım diallel melez F2 döllerinde bazı tarımsal ve kalite özellikleri için heterosis ve kombinasyon yeteneklerinin tahmin edilmesi. Yüksek Lisans Tezi, Namık Kemal Üniv. Tarla Bit. Anabilim. Dalı, Tekirdağ.
- Yıldırım, M., (2005). Seçilmiş Altı Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.) Çeşidinin Diallel F1 Melez Döllerinde Bazı Tarımsal, Fizyolojik ve Kalite Karakterlerinin Kalıtımı Üzerinde Bir Araştırma. Doktora Tezi. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü. Adana. 264-272s.
- Yıldırım, M.B., Öztürk, A., İkiz, F. ve Püskülcü, H. (1979). Bitki Islahında İstatistik-Genetik Yöntemler. Ege Bölge Ziraat Araştırma Enstitüsü. Yayın No:20, Sayfa:174.
- Yıldırım, M. B., Şengonca, H. (1980). Diallel analizler. IV. Yarım Diallel Tablo Varyans Analizi. E.Ü.Elekt. Hesap Bil. Enst. Derg. 2: (29-37).
- Yıldırım, M., Akıncı, C., Koç, M., Barutçular, C. (2009). Bitki Örtüsü Serinliği ve Klorofil Miktarının Makarnalık Buğday Islahında Kullanım Olanakları. Anadolu Tarım Bilim. Dergisi, 24(3): 158-166.
- Yıldırım, M., Gezginç, H., Paksoy, A. H. (2014). Combining Ability in a 7x7 Half Diallel Cross for Plant Height, Yield and Yield Components in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Turk. J.of Agr. and Natural Science 1(3): 145-151.
- Yücel, C., Baloch, F. S., Özkan, H. (2009). Genetic Analysis of Some Physical Properties of Bread Wheat Grain (*Triticum aestivum* L. em Thell). Turk J. Agric. Tübitak. For 33. s:525-535.